

ASSOCIAÇÃO ENTRE CARACTERÍSTICAS AGRONÔMICAS E
SELEÇÃO INDIRETA VISANDO GANHOS EM CAPACIDADE DE
EXPANSÃO EM MILHO-PIPOCA

HÉRCULES DOS SANTOS PEREIRA

UNIVERSIDADE ESTADUAL DO NORTE FLUMINENSE
DARCY RIBEIRO – UENF

CAMPOS DOS GOYTACAZES - RJ
FEVEREIRO - 2023

**ASSOCIAÇÃO ENTRE CARACTERÍSTICAS AGRONÔMICAS E
SELEÇÃO INDIRETA VISANDO GANHOS EM CAPACIDADE DE
EXPANSÃO EM MILHO-PIPOCA**

HÉRCULES DOS SANTOS PEREIRA

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

Orientador: Prof. Marcelo Vivas

CAMPOS DOS GOYTACAZES - RJ
FEVEREIRO - 2023

FICHA CATALOGRÁFICA

UENF - Bibliotecas

Elaborada com os dados fornecidos pelo autor.

P436

Pereira, Hércules dos Santos.

Associação entre características agronômicas e seleção indireta visando ganhos em capacidade de expansão em milho-pipoca / Hércules dos Santos Pereira. - Campos dos Goytacazes, RJ, 2023.

74 f. : il.

Bibliografia: 47 - 56.

Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, Centro de Ciências e Tecnologias Agropecuárias, 2023.
Orientador: Marcelo Vivas.

1. Análise de trilha. 2. Capacidade de expansão. 3. Correlação fenotípica. 4. Correlação genética. 5. Melhoramento de plantas. I. Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro. II. Título.

CDD - 631.5233

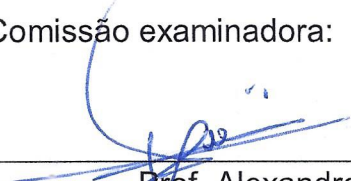
ASSOCIAÇÃO ENTRE CARACTERÍSTICAS AGRONÔMICAS E
SELEÇÃO INDIRETA VISANDO GANHOS EM CAPACIDADE DE
EXPANSÃO EM MILHO-PIPOCA

HÉRCULES DOS SANTOS PEREIRA

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

Aprovada em 27 de fevereiro de 2023

Comissão examinadora:



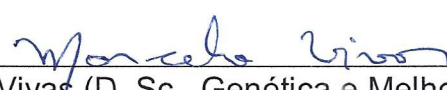
Prof. Alexandre Pio Viana (D. Sc., Produção Vegetal) - UENF



Dr. Gabriel Moreno Bernardo Gonçalves (D. Sc., Genética e Melhoramento de Plantas) - UENF



Prof. Ana Paula Candido Gabriel Berilli (D. Sc., Genética e Melhoramento de Plantas) - IFES/Alegre



Prof. Marcelo Vivas (D. Sc., Genética e Melhoramento de Plantas) - UENF
(Orientador)

DEDICATÓRIA

Aos meus pais Robson e Maria Isabel, às minhas irmãs Ester e Emília, a minha tia Maria do Carmo e aos meus avós maternos Antônio e Geralda e paternos Joaquim e Adalgisa (*in memoriam*)

AGRADECIMENTOS

Primeiramente gostaria de agradecer a Deus, por me capacitar, me dar discernimento, saúde e me guiar ao longo de toda a minha vida.

Quero agradecer aos meus pais Robson Guimarães Pereira e Maria Isabel dos Santos Pereira, por sempre me darem suporte necessário, me auxiliando nas decisões, me dando muito carinho e educação. As minhas irmãs Emília e Ester e a minha tia Maria do Carmo Corrêa que me criou como segunda mãe. Obrigado pelo apoio!

Agradecimentos especiais a Rafael Nunes de Almeida e Yure Pequeno de Souza, pela grande contribuição na realização das análises estatísticas deste trabalho e aos demais amigos do Laboratório de Engenharia Agrícola (LEAG), Ana Lúcia Rangel, Derivaldo Pureza, Fernanda Valadares, Gabriel Moreno, Geferson Rocha, Helenilson Francelino, Júlio Saluci, Luana Vasconcelos, Luciana Pereira, Marcelo Serafin, Ramon Moraes e Rysley Fernandes.

A minha namorada Jéssica Martins, pela parceria, apoio e incentivo para sempre buscar algo mais.

Ao meu orientador Marcelo Vivas, pela oportunidade, confiança, ensinamentos e apoio ao longo de todo mestrado.

Aos membros de banca examinadora, Professores Alexandre Pio Viana, Ana Paula Candido Gabriel Berilli, Geraldo de Amaral Gravina e Gabriel Moreno pelo aceite em participar da banca e pelas contribuições e orientações na elaboração deste trabalho.

Aos professores do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas (PGGMP), que me instruíram passando conhecimento e contribuíram para minha formação profissional.

Ao secretário do PGGMP, José Daniel, pelo profissionalismo, eficiência e disponibilidade em ajudar em diversas questões relacionadas ao programa.

À Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro (UENF) e ao PGGMP, pela estrutura cedida e todo apoio que a instituição forneceu.

À Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior - (CAPES) – Brasil, código de financiamento 001 e a Fundação Carlos Chagas de Amparo à Pesquisa do Estado do Rio de Janeiro – FAPERJ, pela concessão das bolsas de estudo.

SUMÁRIO

RESUMO	X
ABSTRAT	XII
1 INTRODUÇÃO	1
2 OBJETIVOS	4
2.1 OBJETIVO GERAL	4
2.2 OBJETIVOS ESPECÍFICOS	4
3 REVISÃO DE LITERATURA	5
3.1 MILHO-PIPOCA	5
3.2 ASSOCIAÇÃO DE CARACTERÍSTICAS	7
3.3 ANÁLISE DE TRILHA.....	8
3.3.1 Efeito da multicolinearidade em análise de trilha	10
3.4 SELEÇÃO INDIRETA.....	11
4 MATERIAL E MÉTODOS	13
4.1 ORIGEM E CONDUÇÃO DOS ENSAIOS	13
4.2 ANÁLISES ESTATÍSTICAS	16
4.2.1 Análise de variância	16
4.2.2 Correlações	17
4.2.3 Análise de trilha	18
4.2.4 Ferramentas utilizadas para elaboração do trabalho	19
5 RESULTADOS E DISCUSSÃO	21
5.1 ASSOCIAÇÃO ENTRE VARIÁVEIS.....	21

5.1.1	Correlação entre variáveis na safra de inverno	21
5.1.2	Correlação entre variáveis na safra de verão.....	26
5.2	ANÁLISE DE TRILHA.....	30
5.2.1	Análise de trilha dos ensaios conduzidos na safra de inverno	311
5.2.1.1	Correlação x análise de trilha na safra de inverno	38
5.2.2	Análise de trilha dos ensaios conduzidos na safra de verão	38
5.2.2.1	Correlação x análise de trilha na safra de verão	45
6	CONCLUSÕES.....	46
	REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....	47
	APÊNDICES.....	57

LISTA DE FIGURAS

- Figura 1.** Mapa do estado do Rio de Janeiro, com indicação das coordenadas geográficas referente ao local onde foram conduzidos os sete experimentos.....14
- Figura 2.** Diagrama causal de análise de trilha com uma cadeia, com desdobramentos dos efeitos diretos e indiretos das variáveis explicativas, onde: Y corresponde a variável principal; ε o erro associado ao modelo; X_1 , X_2 e X_3 representam as variáveis explicativas; r_{01} , r_{02} e r_{03} aos efeitos diretos; r_{12} , r_{23} e r_{13} correspondem aos efeitos indiretos.....19
- Figura 3.** Pirâmide contendo as estimativas das correlações fenotípicas ($\hat{r}_f$) a esquerda e genotípicas ($\hat{r}_g$) a direita, de 13 variáveis coletadas de 36 genótipos de milho-pipoca no experimento 1 (E1) conduzido na safra de inverno.....22
- Figura 4.** Pirâmide contendo as estimativas das correlações fenotípicas ($\hat{r}_f$) a esquerda e genotípicas ($\hat{r}_g$) a direita, de 13 variáveis coletadas de 31 genótipos de milho-pipoca no experimento 2 (E2) conduzido na safra de inverno.....23
- Figura 5.** Pirâmide contendo as estimativas das correlações fenotípicas ($\hat{r}_f$) a esquerda e genotípicas ($\hat{r}_g$) a direita, de 13 variáveis coletadas de 34 genótipos de milho-pipoca no experimento 3 (E3) conduzido na safra de inverno.....24

Figura 6. Pirâmide contendo as estimativas das correlações fenotípicas ($\hat{r}_f$) a esquerda e genotípicas ($\hat{r}_g$) a direita, de 13 variáveis coletadas de 35 genótipos de milho-pipoca no experimento 4 (E4) conduzido na safra de inverno.....	25
Figura 7. Pirâmide contendo as estimativas das correlações fenotípicas ($\hat{r}_f$) a esquerda e genotípicas ($\hat{r}_g$) a direita, de 13 variáveis, coletadas de 26 genótipos de milho-pipoca no experimento 5 (E5) conduzido na safra de inverno.....	27
Figura 8. Pirâmide contendo as estimativas das correlações fenotípicas ($\hat{r}_f$) a esquerda e genotípicas ($\hat{r}_g$) a direita, de 13 variáveis, coletadas de 21 genótipos de milho-pipoca no experimento 6 (E6) conduzido na safra de inverno.....	28
Figura 9. Pirâmide contendo as estimativas das correlações fenotípicas ($\hat{r}_f$) a esquerda e genotípicas ($\hat{r}_g$) a direita, de 13 variáveis, coletadas de 23 genótipos de milho-pipoca no experimento 7 (E7) conduzido na safra de inverno.....	29
Figura 10. Desdobramento dos efeitos diretos e indiretos na análise de única cadeia do experimento 1 (E1) da safra de inverno, compreendendo CE como variável dependente e 10 caracteres explicativos, extraídos da matriz de correlação genética de 36 genótipos de milho-pipoca.....	32
Figura 11. Desdobramento dos efeitos diretos e indiretos na análise de única cadeia do experimento 2 (E2) da safra de inverno, compreendendo CE como variável dependente e 9 caracteres explicativos, extraídos da matriz de correlação genética de 31 genótipos de milho-pipoca.....	33
Figura 12. Desdobramento dos efeitos diretos e indiretos na análise de única cadeia do experimento 3 (E3) da safra de inverno, compreendendo CE como variável dependente e 11 caracteres explicativos, extraídos da matriz de correlação genética de 34 genótipos de milho-pipoca.....	34
Figura 13. Desdobramento dos efeitos diretos e indiretos na análise de única cadeia do experimento 4 (E4) da safra de inverno, compreendendo CE como	

variável dependente e 10 caracteres explicativos, extraídos da matriz de correlação genética de 35 genótipos de milho-pipoca.....35

Figura 14. Efeitos diretos das análises de trilha dos 4 experimentos conduzidos na safra de inverno com a cultura do milho-pipoca.....37

Figura 15. Desdobramento dos efeitos diretos e indiretos na análise de única cadeia do experimento 5 (E5) da safra de verão, compreendendo CE como variável dependente e 8 caracteres explicativos, extraídos da matriz de correlação genética de 26 genótipos de milho-pipoca.....40

Figura 16. Desdobramento dos efeitos diretos e indiretos na análise de única cadeia do experimento 6 (E6) da safra de verão, compreendendo CE como variável dependente e 7 caracteres explicativos, extraídos da matriz de correlação genética de 21 genótipos de milho-pipoca.....41

Figura 17. Desdobramento dos efeitos diretos e indiretos na análise de única cadeia do experimento 7 (E7) da safra de verão, compreendendo CE como variável dependente e 10 caracteres explicativos, extraídos da matriz de correlação genética de 23 genótipos de milho-pipoca.....42

Figura 18. Efeitos diretos das análises de trilha dos 3 experimentos conduzidos na safra de verão com a cultura do milho-pipoca.....44

RESUMO

PEREIRA, Hércules dos Santos; MSc.; Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro; março de 2023. Associação entre características agronômicas e seleção indireta visando ganhos em capacidade expansão em milho-pipoca. Orientador: DSc. Marcelo Vivas. Conselheiros: DSc. Alexandre Pio Viana e DSc. Geraldo de Amaral Gravina.

O milho-pipoca é um tipo especial de milho muito apreciado pelo mercado consumidor, que tem se destacado em virtude do alto valor agregado ao qual os grãos vêm sendo comercializados. Embora o cultivo de pipoca seja muito atrativo para os produtores, a cultura encontra alguns entraves que dificultam o aumento da área de plantio, que é decorrente da baixa disponibilidade de sementes para comercialização e o pequeno número de cultivares registradas que conciliem alto rendimento e capacidade de expansão de grãos, que decorre principalmente em função da correlação negativa entre essas variáveis. Diante disso, o objetivo do trabalho consistiu em investigar a associação de um conjunto de variáveis, utilizando análise de correlação genotípica, fenotípica e de trilha, para obter informações que viabilizem realizar seleção indireta de genótipos de milho-pipoca com boa capacidade de expansão. Os dados utilizados para elaboração deste trabalho foram obtidos de 7 experimentos com 162 linhagens de milho-pipoca S₇, que foram conduzidos em duas épocas distintas, a saber: quatro na safra de inverno em 2019 e três na safra verão nos anos 2019/2020. Ocasão em que foram mensuradas 13 variáveis: número de folhas (N.F); número de folhas acima da

espiga (N.F.A); comprimento (Com.F) e largura de folha (Larg.F); índice de nervura (Ind.N); número de dias para o florescimento feminino (Flor.F); prolificidade (Proli); comprimento (Com.G) e largura de grãos (Larg.G); massa de 100 grãos (M.100G); rendimento de grãos (RG); severidade de *Fusarium* (S.Fus); e capacidade de expansão (CE). Para avaliação de cada ensaio, foram adotadas análise univariada em blocos completamente casualizados (DBC). Foram extraídas as estimativas das correlações genéticas e fenotípicas das características avaliadas e averiguadas as significâncias à 1 e 5% de probabilidade pelo teste t. Para desdobrar os efeitos diretos e indiretos das associações, foi utilizado a análise de trilha de única cadeia compreendendo como variável dependente a CE. Ao quantificar as associações entre as variáveis, foi possível identificar correlações que mantiveram padrão semelhante em magnitude e sinal, tanto entre experimentos, quanto entre estações, essas associações observadas entre Larg.F x Ind.N, N.F x N.F.A, Larg.G x M.100G e RG x Proli, apresentaram um potencial para serem utilizadas para seleção indireta de características. Na análise de trilha, após os desdobramentos das correlações em efeitos diretos e indiretos, as variáveis explicativas que apresentaram maior capacidade de influenciar a CE foram S.Fus e Larg.G, afetando negativamente na associação. A partir dos resultados, foi possível alcançar ganhos para CE e RG, por meio da seleção de genótipos prolíficos e que possuem menor largura de grãos.

Palavras-chave: Análise de trilha; capacidade de expansão; correlação fenotípica; correlação genética; Melhoramento de plantas.

ABSTRACT

PEREIRA, Hércules dos Santos; MSc.; Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro; march de 2023. Association between agronomic traits and indirect selection aiming gains in expansion capacity in popcorn. Advisor: DSc. Marcelo Vivas. Committee members: DSc. Alexandre Pio Viana e DSc. Geraldo de Amaral Gravina.

Popcorn is a special type of corn that is highly appreciated by the consumer market, which has stood out due to the high added value at which the grains have been sold. Although growing popcorn is very attractive to growers, the culture encounters some obstacles that make it difficult to increase the planting area, which is due to the low availability of seeds for commercialization and the small number of registered cultivars that combine high yield and grain expansion capacity, which is mainly due to the negative correlation between these variables. Therefore, the objective of the work was to investigate the association of a set of variables, that said, using genotypic correlation analysis, phenotypic and trail, to obtain information that makes it possible to carry out indirect selection of popcorn genotypes with good expansion capacity. The data used for the elaboration of this work were obtained from 7 experiments with 162 lines of popcorn S₇, which were conducted at two different times, namely: four in the winter season in 2019 and three in the summer season in 2019/2020. Occasion in which 13 variables were measured: number of leaves (N.F); number of leaves above the ear (N.F.A); length (Com.F) and sheet width (Larg.F); rib index (Ind.N); number of days to female flowering (Flor.F); prolificacy (Proli);

length (Com.G) and grain width (Larg.G); mass of 100 grains (M.100G); grain yield (RG); severity of *Fusarium* (S.Fus); and expansion capacity (CE). For the evaluation of each assay, univariate analysis in completely randomized blocks (DBC) were adopted. Were extracted Estimates of the genetic and phenotypic correlations of the evaluated traits and checked the significances at 1 and 5% probability were using the t-test. To unfold the direct and indirect effects of associations, single-chain path analysis was used, comprising CE as the dependent variable. By quantifying the associations between the variables, it was possible to identify correlations that maintained a similar pattern in magnitude and sign, both between experiments and between seasons, these associations observed between Larg.F x Ind.N, N.F x N.F.A, Larg.G x M.100G and RG x Proli, presenting a potential to be used for indirect selection of traits. In path analysis, after the breakdown of correlations into direct and indirect effects, the explanatory variables that showed greater ability to influence E CE were S.Fus and Larg.G, negatively affecting the association. Based on the results, it is possible to achieve gains for CE and RG, through the selection of prolific genotypes that have smaller grain width.

Keywords: Path analysis; expansion capacity; phenotypic correlation; genetic correlation; Plant breeding.

1 INTRODUÇÃO

O milho-pipoca (*Zea mays* L. var. *everta*) é um tipo especial de milho que tem se destacado no mercado, principalmente em função da grande demanda do produto em relação sua baixa oferta (Oliveira, 2016). Em consequência dessa crescente demanda, os grãos têm apresentado um alto valor agregado, fazendo com que, segundo Blecher (2019), o mesmo possa ser negociado com até o dobro do preço do milho comum.

O milho-pipoca traz consigo diversas vantagens que favorecem seu cultivo pelos produtores, pois possibilita a mecanização total da área de cultivo, pode ser armazenado por longos períodos com um menor custo e possui um bom valor comercial. Embora não se enquadre como uma cultura essencial para alimentação humana, esse alimento é muito apreciado pelo mercado consumidor, sendo considerado uma excelente fonte calórica e um alimento de fácil preparo (Brugnera et al., 2003).

Em 2019, o Brasil alcançou o posto de segundo maior produtor de milho-pipoca do mundo, ficando apenas atrás dos Estados Unidos (Blecher, 2019). Apesar do cenário promissor, os cultivos de milho-pipoca encontram alguns entraves que dificultam sua expansão, que se deve, principalmente, a baixa oferta de sementes disponibilizadas para comercialização, bem como, poucas cultivares registradas que apresentem alto rendimento e capacidade de expansão, dificultando assim, a adesão dessa cultura pelos produtores (Pereira Filho et al., 2021).

Em virtude deste cenário, programas de melhoramento têm voltado à atenção para essa cultura, com o objetivo de desenvolver cultivares de qualidade e cada vez mais produtivas. Por conseguinte, o uso de análise de correlação é uma importante ferramenta para auxiliar o melhorista de planta na tomada de decisão. Esse tipo de análise, fornece informações que podem contribuir na eficiência de seleção de genótipos superiores (Cabral et al., 2016).

De acordo com Hallauer e Miranda Filho (1988) e Pípolo et al. (2002) o emprego das análises de correlação em programas de melhoramento permitem quantificar o grau de associação genético e não-genético entre dois ou mais caracteres por meio dos coeficientes de correlação. Como também, possibilitam alcançar ganhos diretos e indiretos, principalmente quando uma variável de baixa herdabilidade ou de difícil mensuração está altamente correlacionada com outra variável de alta herdabilidade e fácil medição (Granate et al., 2002).

Na cultura do milho-pipoca, uma das características mais almejadas em programas de melhoramento refere-se à capacidade de expansão. No entanto, essa variável apresenta como particularidade de se correlacionar negativamente com rendimento de grãos, como descrito em diversos trabalhos (Dofing et al., 1991; Coimbra et al., 2001; Pípolo et al., 2002), o que dificulta a obtenção de genótipos que possuam ambas as características favoráveis.

Segundo Nogueira et al. (2012), embora o uso da correlação do tipo genotípica e fenotípica seja de grande valia para os programas de melhoramento por meio da quantificação da relação entre duas variáveis, tal análise não permite inferir sobre os efeitos diretos e indiretos, impossibilitando determinar o tipo de associação existente entre o par de caracteres. Deste modo, pode induzir o melhorista a cometer equívocos durante a seleção.

Nesse sentido, o emprego de análise de trilha se faz necessário para compreender as associações presentes entre duas variáveis, identificando se a relação existente entre duas características é de fato linear ou influenciada por outras variáveis (Rios et al., 2012). Outro aspecto importante inerente à análise de trilha, refere-se à capacidade de gerar informações que possibilitam realizar seleção indireta de caracteres, promovendo ganhos genéticos para a variável principal, em função da seleção de uma variável secundária associada, ocasionando assim, em uma diminuição de custos e tempo em programas de melhoramento.

Mediante ao exposto, o objetivo do trabalho foi investigar a associação de um conjunto de características em linhagens de milho-pipoca, por meio da correlação genotípica, fenotípica e análise de trilha, com intuito de fornecer informações que contribuam na seleção de genótipos promissores que possuam elevada capacidade de expansão.

2 OBJETIVOS

2.1 OBJETIVO GERAL

Verificar a associação existente de um conjunto de variáveis, visando fornecer informações que contribuam para realização de seleção indireta de genótipos de milho-pipoca com boa capacidade de expansão.

2.2 OBJETIVOS ESPECÍFICOS

- Investigar a relação existente entre variáveis estudadas com a capacidade de expansão;
- Detectar potenciais variáveis que possam ser utilizadas para seleção indireta de milho-pipoca, que maximizem os ganhos em capacidade de expansão.

3 REVISÃO DE LITERATURA

3.1 MILHO-PIPOCA

O milho-pipoca (*Zea mays* L. var. *everta*), é um tipo especial de milho pertencente à família Poaceae, subfamília Panicoideae, tribo Maydeae (Guadagnin, 2002). Essa espécie é classificada como diploide ($2n = 20$), possui crescimento herbáceo, monoica, que se reproduz preferencialmente por fecundação cruzada, sendo considerada uma planta anual (Vilarinho, 2001).

A origem do milho-pipoca ainda é considerada uma incógnita, carecendo de mais pesquisas relacionadas ao tema. Todavia, existem algumas hipóteses sobre o surgimento dessa cultura. De acordo com Gama et al. (1990), uma das teorias mais aceitas é que o milho-pipoca se originou do teosinte [*Zea mexicana* (Schrad.) Kuntze] por meio de seleção massal realizada pelo homem. Já Erwin (1949), supõe que a origem do milho-pipoca se deu a partir de uma mutação ocorrida no milho de endosperma *Flint* (*Zea mays* L.).

Apesar das semelhanças, o milho-pipoca apresenta algumas particularidades que o diferem do milho comum. Dentre elas é possível destacar: porte reduzido da planta; colmos mais cilíndricos, compactos e finos; menor número de folhas; maior susceptibilidade a pragas e doenças; espigas pequenas que se desenvolvem em posições mais altas na planta, e que, conseqüentemente, acaba favorecendo o acamamento e quebramento do colmo (Ziegler, 2001).

Embora o milho-pipoca apresente muitas especificidades que o distingue dos demais tipos de milho, a principal característica da cultura é a capacidade de expansão (CE), que é definida pela razão entre o volume de pipoca e o volume de grãos de milho (Guadagnin, 2002). As características que conferem a capacidade de expansão aos grãos de milho-pipoca, se devem ao fato de os grãos serem mais duros que o milho comum. Como também, apresentarem pericarpo rígido e um distanciamento entre os grânulos de amido no interior do grão (Machado e Bermudez, 2020).

De acordo com Hosney et al. (1983), o pericarpo é uma película que permite que o grão retenha o vapor de água em seu interior, fazendo com que a pressão aumente até o ponto que o pericarpo se rompe e o milho estoura. Segundo o mesmo autor, para que esse efeito ocorra é necessário que o grão seja aquecido a uma temperatura em torno de 177°C, que equivale a uma pressão de vapor de 135 psi. Quanto maior a CE, maior é o valor comercial que a cultivar possui, visto que essa característica está correlacionada com o volume de pipoca (Guadagnin, 2002).

O mercado de pipoca no Brasil tem se mostrado muito favorável, visto que atualmente o país é o segundo maior consumidor de pipoca do mundo (Oliveira et al., 2022). Por se tratar de um milho especial, o milho-pipoca não é comercializado como *commodities*, o que proporciona um alto valor agregado quando comparado ao milho comum, tornando a cultura muito atrativa para os produtores (Paterniani et al., 2020).

Em relação ao cultivo de pipoca no país, existem poucas informações disponíveis referentes a área de plantio, produção e comercialização (Rojas, 2017). Isso se deve ao fato da informalidade que o mercado de milho-pipoca possui, o que dificulta acesso aos estabelecimentos, compradores de grãos e produtores de sementes (Pereira Filho et al., 2021). No Brasil, o estado do Mato Grosso é considerado o maior produtor de milho-pipoca, com uma área de cultivo de aproximadamente 62 mil hectares, uma produção de 277,415 mil toneladas e uma produtividade média estimada em 4 mil t.ha⁻¹ no ano de 2020 (Editora Gazeta, 2020).

O estado do Mato Grosso e Goiás são onde se concentram as maiores produções de pipoca, que é realizada majoritariamente por pequenos agricultores e empresas nacionais de cunho privado (Pereira Filho et al., 2021).

De acordo com os dados de registro de cultivares do Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento - MAPA, até janeiro de 2023, o Brasil apresentava 166 registros de milho-pipoca, dos quais 141 se tratava de cultivares. Embora o número de cultivares venha aumentado consideravelmente ao longo dos anos, o país apresenta grande dependência do mercado estrangeiro de sementes, que ocorre principalmente em função da qualidade e rendimento de grãos que os materiais importados dos Estados Unidos e Argentina possuem quando comparados às sementes nacionais, bem como, pela falta de sementes disponíveis para comercialização das cultivares registradas (Paterniani et al., 2020).

Mediante a esse cenário, o melhoramento de plantas desempenha um papel de suma importância para diminuir a dependência do país ao mercado exterior, através do desenvolvimento de novas cultivares de milho-pipoca que apresentem superioridade nas principais características de interesse agrônomo da cultura, como rendimento de grãos e capacidade de expansão (Oliveira, 2016).

3.2 ASSOCIAÇÃO DE CARACTERÍSTICAS

O coeficiente de correlação (r) é um valor adimensional, que varia de -1 (correlação negativa) à 1 (correlação positiva), podendo exceder a unidade em casos excepcionais de efeitos de multicolinearidade. Esse coeficiente indica uma associação entre duas variáveis, onde quanto mais próximo da unidade, sendo ela, positiva ou negativa, mais forte é a associação entre os caracteres estudados (Martins, 2014). A investigação das correlações entre as variáveis, traz consigo implicações importantes que auxiliam os melhoristas no processo de seleção de plantas superiores (Coimbra, 2001).

De acordo com Cruz et al. (2012), a correlação fenotípica é obtida de forma direta, através da associação de duas variáveis mensuradas, no qual, posteriormente, pode ser desdobrada em correlação genética e ambiental. A correlação genética é porção da correlação fenotípica herdável, que possibilita inferir importantes conclusões, sendo a principal a pleiotropia. Através desse tipo de correlação, é possível identificar a ocorrência dessa propriedade, que está relacionada a um gene que afeta dois caracteres ou mais simultaneamente (Falconer, 1960). Em contrapartida, as correlações ambientais são decorrentes de variáveis que sofrem influência ocasionadas pela diferença de condições do

ambiente. Quando a correlação é positiva, significa que o ambiente causa o mesmo efeito entre as variáveis, podendo ele ser benéfico ou prejudicial, em caso de correlação negativa, sugere que o ambiente favorece uma variável em detrimento da outra (Cruz et al., 2012).

Na cultura do milho-pipoca, a capacidade de expansão e rendimento de grãos correspondem às principais variáveis de interesse econômico. Todavia, as mesmas apresentam uma particularidade de serem correlacionadas negativamente, o que dificulta seleção de genótipos que apresentem um bom desempenho para ambas as características (Amaral Júnior et al., 2016). Apesar dessa propriedade, através do conhecimento das correlações é possível adotar estratégias que minimizem essa divergência, possibilitado alcançar maiores ganhos para essas variáveis (Daros et al., 2004). Em um trabalho realizado por Rangel et al. (2011), ao analisar a associação entre capacidade de expansão e rendimento de grãos, os autores constataram uma correlação genética e fenotípica de -0,0666 e -0,0225, respectivamente, sendo essa, considerada não significativa. Já Saito et al. (2021), avaliando as mesmas características encontraram uma correlação genética de -0,54 e fenotípica de -0,50, apresentando um grau moderado de associação, demonstrando assim, que a correlação entre variáveis sofre grande variação e pode ser modificada.

Embora a aplicação de análise de correlação seja de grande utilidade para programas de melhoramento de plantas, tal análise, apenas permite inferir sobre a relação linear entre duas variáveis, impossibilitando assim, identificar outros efeitos que podem estar associados à característica, podendo resultar em conclusões equivocadas, logo, é necessário análises mais precisas para compreender os fatores que estão atuando sobre uma característica (Carneiro, 2020).

3.3 ANÁLISE DE TRILHA

Em programas de melhoramento de plantas, estudos vem buscando cada vez mais compreender as associações existentes entre variáveis, a fim de evitar equívocos que possam comprometer negativamente os resultados no momento da seleção de genótipos promissores, em vista disso, Wright em 1921, propôs uma análise que passou a ser conhecida como análise de trilha, que possui a capacidade de expor a ligação entre as variáveis, demonstrando a influência de

uma variável sobre a outra (Crispim Filho, 2018). Segundo Wright (1921), a maioria das variáveis estão conectadas entre si, e a análise de correlação acaba negligenciando esse fator que é de suma importância. Tendo isso em vista, o emprego de análise de trilha possibilita que os coeficientes de correlação dos caracteres sejam desdobrados em efeitos diretos e indiretos sobre uma variável principal.

De acordo com Carvalho (1995), a análise de trilha pode ser definida como um coeficiente de regressão múltipla padronizado, no qual, se averigua os inter-relacionamentos complexos entre as variáveis. Por meio do desdobramento das correlações resultantes de vários caracteres, é possível adquirir informações que possibilitem traçar estratégias que viabilizem realizar seleção indireta de genótipos promissores, maximizando assim, o ganho previsto através da seleção (Falconer e Mackay, 1996; Entringer, et al., 2014).

Em virtude da eficiência na compreensão das relações entre variáveis, muitos trabalhos vêm utilizando a análise de trilha para desdobrar os efeitos diretos e indiretos entre variáveis na cultura do milho, como Agrama (1996), que estudou o efeito causal de um conjunto de variáveis no rendimento de grãos em milho por meio de análise de trilha, onde os resultados apontaram que, alta prolificidade e espigas pesadas podem ser utilizadas para selecionar genótipos com maior rendimento de grãos. Bekavac et al. (1998), realizaram um estudo para identificar variáveis que possuem uma relação de causa e efeito no *stay-green* das plantas de milho, onde associaram o teor de água na folha e no colmo como características indispensáveis para permanência verde em populações de milho. Entringer et al. (2014), investigaram os componentes primários de produção de milho superdoce que mais contribuem para a produtividade de espiga, concluindo que a seleção simultânea das variáveis volume de espiga e volume de grãos proporcionam maior produtividade de espiga. Já Almeida et al. (2018), utilizaram a análise de trilha para identificar características que contribuem para eficiência do uso de nitrogênio (EUN) em linhagens de milho-pipoca tropical sob níveis de alto e baixo nitrogênio, onde concluíram que o conteúdo de clorofila foliar e a absorção de N pós-espigamento são características-alvo para identificar linhagens superiores para EUN sob baixo e alto N.

3.3.1 Efeito da multicolinearidade em análise de trilha

Por se tratar de uma análise complexa, para que os resultados obtidos sejam fidedignos, é necessário atender alguns pressupostos, como a redução da multicolinearidade, ao ponto que não interfira negativamente nos resultados. Segundo Carvalho (1995), a presença de multicolinearidade, afeta as variâncias das estimativas dos coeficientes de trilha, ou seja, o aparecimento de variáveis altamente correlacionadas pode resultar em valores superestimados e pouco confiáveis.

Em um estudo realizado por Toebe e Cargnelutti Filho (2013), os mesmos averiguaram o efeito da não normalidade e multicolinearidade na análise de trilha na cultura do milho. Os autores concluíram que tanto a não normalidade, quanto a multicolinearidade impactam de forma negativa na variância das estimativas dos efeitos diretos. Tendo isso em vista, faz-se necessário a eliminação de variáveis explicativas que apresentem multicolinearidade e a transformação de dados quando não houver normalidade dos resíduos.

Em virtude da influência negativa ocasionada pela multicolinearidade, existem duas metodologias usuais que têm sido adotadas para identificar esse problema, sendo uma através do número de condição e o outro método pelo fator de inflação da variância (VIF). Montgomery e Peck (1981), propuseram uma metodologia para identificação da multicolinearidade através do número de condições, obtido por meio da seguinte fórmula:

$$k = \frac{\lambda_{máx}}{\lambda_{min}}$$

k= número de condição

λ = autovalores da matriz

Quanto maior o número de condição, mais mal condicionada será a matriz, ou seja, número de condição < 100 representa uma multicolinearidade fraca, de 100 a 1.000 é classificada como moderada a forte, e > 1.000, a multicolinearidade é apontada como severa.

Outra metodologia proposta para detectar a existência de multicolinearidade é através do (VIF) (Montgomery et al., 2012), que é calculado através da seguinte fórmula:

$$VIF_j = \frac{1}{1 - R_j^2}$$

Onde:

R_j^2 = é o coeficiente de determinação múltipla obtido a partir da regressão de X_j em as demais variáveis regressoras.

Quando o valor de R_j^2 fica próximo da unidade, indica uma forte correlação, caso o mesmo atinja valores maiores que 10, implicam em sérios problemas com multicolinearidade.

3.4 SELEÇÃO INDIRETA

Em programas de melhoramento de plantas, o uso da seleção indireta de características é um importante recurso que pode ser utilizado para seleção de genótipos superiores, sobretudo, quando a característica de interesse apresenta dificuldades para ser avaliada por meio da seleção direta (Falconer, 1960).

Para obter sucesso na utilização desse tipo de seleção, as variáveis selecionadas devem apresentar alta herdabilidade. Tendo em vista esta premissa, a seleção indireta é realizada com base nas correlações genéticas, entre as duas características, visto que esse tipo de correlação se refere a porção herdável da correlação fenotípica (Hallauer et al., 2010).

A seleção indireta é indicada quando dois caracteres apresentam correlação genética favorável, pois possibilita que a seleção de uma característica promova, simultaneamente, ganho na outra variável associada, promovendo resultados mais rápidos que a seleção direta em determinadas situações. Todavia, deve-se ter atenção no momento de selecionar determinados caracteres, pois a ocorrência de características que se correlacionam negativamente com algumas e positivamente com outras, pode ocasionar resultados indesejáveis, em virtude do beneficiamento de uma variável em detrimento de outra (Cruz et al., 2012)

Diferentes estudos têm indicado a seleção indireta como uma estratégia para alcançar ganhos genéticos. Como o trabalho Crevelari et al. (2018), com milho silagem, que identificou que quanto maior o peso de espigas com palha na maturidade, maior é a produção de matéria fresca, possibilitando a realização de

seleção indireta, consequentemente tornando viável uma seleção precoce. Em outro trabalho realizado por Saito et al. (2021), com o milho-pipoca, os resultados apontaram que genótipos que produzem grãos de menor comprimento, possuem maior capacidade de expansão de seus grãos, indicando a possibilidade de obter ganhos por meio da seleção da variável correlacionada de mais fácil mensuração.

Em suma, a seleção indireta tem como objetivo contribuir com o aumento do ganho genético de uma determinada característica almejada, por meio da seleção de caracteres secundários, possibilitando aumentar a eficiência de programas de melhoramento de plantas devido a sua simplicidade de execução e diminuição de tempo e custos, principalmente quando a variável desejada só aparece no final do ciclo da cultura (Samecima Júnior, 2018).

4 MATERIAL E MÉTODOS

4.1 ORIGEM E CONDUÇÃO DOS ENSAIOS

No presente estudo, os dados utilizados para elaboração deste trabalho foram obtidos de 7 experimentos com linhagens S₇ de milho-pipoca, oriundos de pesquisas realizadas pelo Setor de Estatística e Experimentação Agrícola do Laboratório de Engenharia Agrícola (LEAG) do Centro de Ciência e Tecnologia Agropecuária (CCTA) da Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro (UENF).

Os ensaios foram implantados na Escola Técnica Estadual Agrícola Antônio Sarlo - ETEAAS/FAETEC, no estado do Rio de Janeiro, nas coordenadas geográficas 21°42'48" de latitude Sul; 41°20'38" de longitude Oeste, em Campos dos Goytacazes (Figura 1).

A condução dos experimentos ocorreu em duas épocas distintas, quatro na safra de inverno e três na safra verão, nos anos agrícolas 2019, nos meses de maio a agosto e 2019/2020 nos meses de outubro a janeiro, respectivamente.

As condições climáticas da área experimental foram monitoradas pela estação meteorológica A607 do Instituto Nacional de Meteorologia (INMET), instalada em Campos dos Goytacazes. Nos experimentos conduzidos na safra de inverno, a temperatura mínima foi de 10°C e a máxima de 36°C, com uma temperatura média de 23°C. Nesse período, houve uma precipitação acumulada de 221,6 mm e umidade relativa de 76,7% (INMET, 2021; Almeida, 2022).

Quanto aos experimentos de verão, as temperaturas variaram de 17°C a 40°C, onde a temperatura média foi de 26°C. Em relação aos dados de precipitação, houve um acúmulo de 655,6 mm, aproximadamente três vezes maior que o observado na safra de inverno, já a umidade sem manteve semelhante, alcançando 76,6% (INMET, 2021; Almeida, 2022).

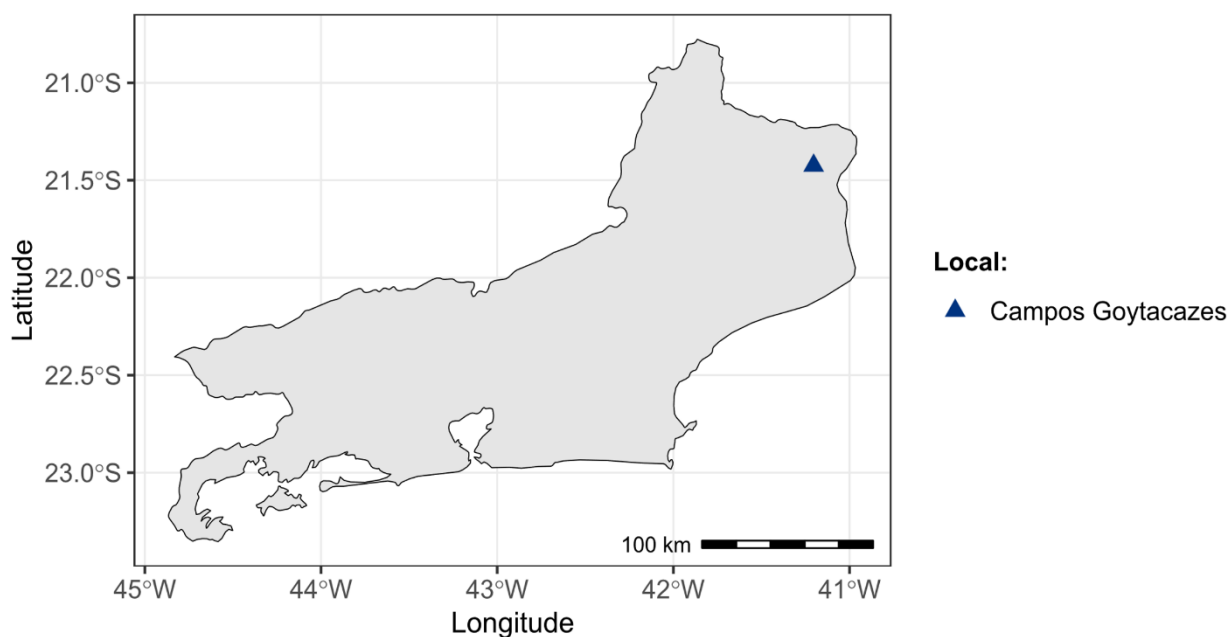


Figura 1. Mapa do estado do Rio de Janeiro, com indicação das coordenadas geográficas referente ao local onde foram conduzidos os sete experimentos.

O delineamento experimental adotado nos ensaios foi em blocos completamente casualizados, com três repetições. Ao todo foram avaliadas 162 linhagens S_7 de milho-pipoca, oriundas de diferentes localidades, sendo elas Maringá, Porto Alegre, Campos dos Goytacazes, Viçosa, Sete Lagoas, Campinas, América do Sul/EUA, e materiais depositados no CIMMYT e oriundos da Bolívia, Paraguai, Uruguai, Colômbia e Argentina, que compõem a coleção de germoplasma da UENF. Cada experimento contou com linhagens e número de genótipos diferentes, não repetindo a mesma conformação nos diferentes ensaios, o que pode ser verificado nas tabelas suplementares ao final do trabalho.

Para instalação dos experimentos, as áreas foram gradeadas e posteriormente sulcadas com 5 a 8 cm de profundidade, em seguida, foi realizado a adubação de plantio, utilizando o formulado N-P-K (04-14-08) aplicando de 80 g

metro linear⁻¹. A semeadura, foi realizada utilizando duas sementes, que foram espaçadas a 0,2 metros, em linhas de 3 metros de comprimento, com espaçamento entrelinhas de 0,9 metros. A irrigação utilizada foi por meio de aspersão, onde os aspersores foram dispostos de modo que o raio de alcance da água se sobreposse. Após 20 dias da semeadura, foi realizado o desbaste, fazendo com que cada parcela (unidade experimental) fosse constituída por 16 plantas. Em seguida foram realizadas as adubações de cobertura, sendo uma no dia do desbaste e outra 40 dias após a semeadura, ambas com 20 g de ureia por metro linear⁻¹.

Ao decorrer do trabalho foram mensuradas 13 variáveis de início e final de ciclo em cada um dos experimentos, a saber:

Durante o estágio R1 (sete a quinze dias após a emissão do pendão), foram avaliadas em quatro plantas centrais da parcela, os caracteres:

- Número de folhas (N.F), contabilizando todas as folhas da planta; foram consideradas na contagem, todas as folhas abertas, ainda que secas;

- Número de folhas acima da espiga (N.F.A), contabilizando todas as folhas acima da espiga superior (primeira espiga);

- Comprimento de folha (Com.F) e largura da folha (Larg.F) em mm, mensurado por meio de uma fita métrica, obtida na folha anexa à primeira espiga;

- Índice de nervura (Ind.N), obtido através da razão entre largura total da folha e o número de nervuras secundárias contadas da borda até a metade da folha;

- Número de dias para o florescimento feminino (Flor.F), contados desde o plantio até a emissão do estilo estigma nas espigas em pelo menos 50% das plantas da parcela.

Após a colheita, ao final do ciclo de cada experimento, foram obtidos os seguintes caracteres:

- Prolificidade (Prol), representada pelo número médio de espigas produzidas por planta, obtida pela relação entre o total de espigas produzidas na parcela e o estande final de plantas colhidas, as quais foram contabilizadas no dia anterior à colheita;

- Comprimento de grãos (Com.G) e largura de grãos (Larg.G) em mm, obtido pela média das medições realizadas em 30 grãos por parcela, utilizando um paquímetro digital de precisão com duas casas decimais;

-Massa de 100 grãos (M.100G) em g, onde foram pesados 100 grãos sadios de cada parcela, utilizando uma balança semi-analítica com precisão de quatro casas decimais;

-Rendimento de grãos (RG) em kg.ha⁻¹, estimado a partir da massa de grãos produzidos na parcela corrigido para 13% de umidade e estimadas para o estande ideal (Zuber, 1942) e em seguida, extrapolado para 1 ha de cultivo;

-Severidade de *Fusarium* (S.Fus), que foi avaliada em todas as espigas da parcela, de forma visual por um único avaliador, utilizando como referência, a escala diagramática proposta pelo Cimmyt (1994) e adaptada por Almeida (2022). Durante a condução dos ensaios não foi realizado a aplicação de fungicidas o que, juntamente com o histórico de ocorrência do patógeno na área (Kurosawa et al., 2017; Schwantes et al., 2018; Almeida et al., 2021), permitiu que o *Fusarium* spp infectasse plantas suscetíveis na área do experimento;

-Capacidade de expansão (CE) em mL.g⁻¹, seguindo a metodologia proposta por Matta e Viana (2001), utilizando um micro-ondas com potência de 2000 W para aquecimento de duas amostras de 30 g de grãos por parcelas durante 2 minutos e 15 segundos. O volume de pipoca foi estimado com auxílio de uma proveta graduada de 1000 mL. O valor final de CE foi obtido através da média do volume de pipoca, em relação à massa de grãos aquecidos nas duas amostras de cada parcela.

4.2 ANÁLISES ESTATÍSTICAS

Após a avaliação dos sete experimentos, os dados foram tabulados e tratados de forma individual para, em seguida, se suceder as análises estatísticas.

4.2.1 Análise de variância

Para avaliação de cada ensaio, foi adotado a análise univariada em blocos completamente casualizados (DBC), seguindo o seguinte modelo:

$$Y_{ij} = \mu + G_i + B_j + e_{ij} \quad (1)$$

Em que:

Y_{ij} = Valor observado do i-ésimo genótipo no j-ésimo bloco;

μ = constante geral;

G_i = efeito fixo do i-ésimo genótipo;

B_j = efeito aleatório do j-ésimo bloco com NID (0, σ^2); e

e_{ij} = erro aleatório experimental associado à observação Y_{ij} com NID (0, σ^2).

Em todas as variáveis avaliadas, foi averiguado a normalidade dos resíduos por meio do teste de Shapiro-Wilk ($p > 0,05$), bem como a homogeneidade das variâncias pelo teste de oneillmathews ($p > 0,05$), sendo esses pressupostos atendidos.

4.2.2 Correlações

Em seguida, foram estimadas as correlações fenotípicas e genéticas aos pares, por meio de correlação de Pearson, onde foram averiguadas as significâncias a 1 e 5% de probabilidade pelo teste t, obtidas pelas seguintes equações:

Correlação fenotípica

$$\hat{r}_f = \frac{\widehat{Cov}_f(x, y)}{\sqrt{\hat{\sigma}_{fx}^2 \cdot \hat{\sigma}_{fy}^2}} \quad (2)$$

$\widehat{Cov}_f(x, y)$ = Covariância fenotípica entre os caracteres X e Y;

$\hat{\sigma}_{fx}^2$ = Estimador da variância fenotípica de X;

$\hat{\sigma}_{fy}^2$ = Estimador da variância fenotípica de Y.

Correlação genética

$$\hat{r}_g = \frac{\widehat{Cov}_g(x, y)}{\sqrt{\hat{\sigma}_{gx}^2 \cdot \hat{\sigma}_{gy}^2}} \quad (3)$$

$\widehat{Cov}_g(x, y)$ = Covariância genotípica entre os caracteres X e Y;

$\hat{\sigma}_{gx}^2$ = Estimador da variância genotípica de X;

$\hat{\sigma}_{gy}^2$ = Estimador da variância genotípica de Y.

4.2.3 Análise de trilha

Em razão da influência negativa ocasionada pela multicolinearidade, em cada um dos ensaios foi aplicado a metodologia proposta por Montgomery e Peck (1981) para identificação desse efeito, onde apenas as variáveis que não inflacionaram a matriz, apresentando número de condição < 100, ou seja, multicolinearidade fraca, seguiram para as análises subsequentes.

Posteriormente, após a eliminação das variáveis que apresentaram multicolinearidade, foi realizado a padronização dos dados, com intuito de ajustar as variáveis em estudo, possibilitando que os dados ficassem em uma mesma escala, no qual, a média passou a ser zero e o desvio-padrão igual a 1, utilizando a seguinte formula:

Padronização dos dados

$$u_i = \frac{X_i - \bar{X}}{\hat{\sigma}_x} \quad (4)$$

u_i = i-ésima variável padronizada;

X_i = Valor observado da i-ésima variável;

$\bar{X}$ = Média da variável;

$\hat{\sigma}_x$ = Desvio-padrão da variável.

Dando continuidade às análises, foi adotada a análise de trilha de única cadeia, contendo uma variável principal CE e 12 variáveis explicativas, composta por N.F, N.F.A, Larg.F, Com.F, Ind.N, Flor.F, Proli, M.100G, Com.G, Larg.G, RG e S.Fus, adotando o seguinte modelo:

$$Y = \hat{\beta}_1 X_1 + \hat{\beta}_2 X_2 + \dots + \hat{\beta}_{12} X_{12} + \varepsilon \quad (5)$$

no qual:

Y = Variável dependente;

$\hat{\beta}_1, \hat{\beta}_2, \dots, \hat{\beta}_{12}$ = estimadores dos efeitos diretos das variáveis;

$X_1, X_2, \dots, X_{12}$ = variáveis explicativas; e

ε = efeito residual na análise de trilha.

Em cada ensaio, foi obtido uma análise de trilha, no qual foram desdobrados em efeitos diretos e indiretos por meio das estimativas das equações de regressão parcial padronizada como mostra o diagrama (Figura 2).

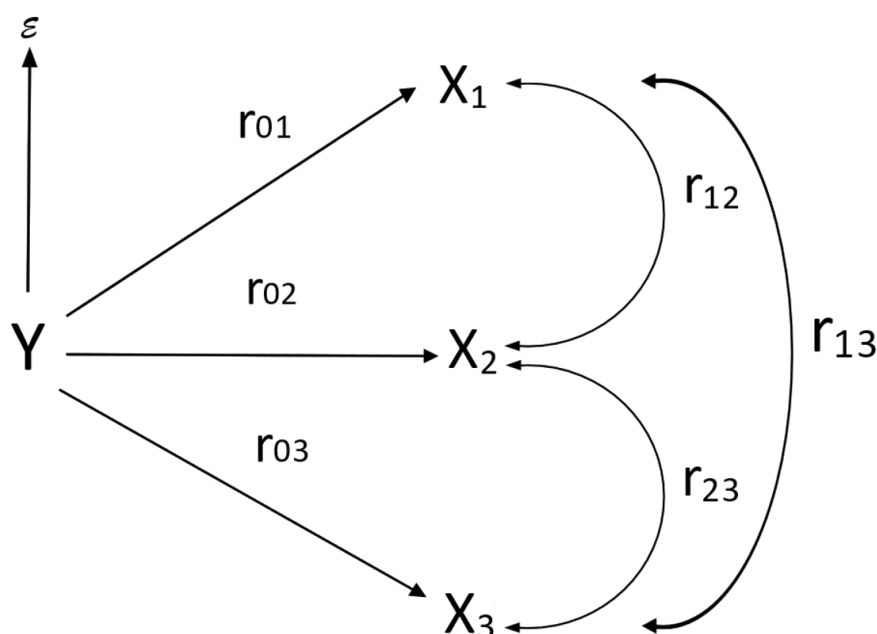


Figura 2. Diagrama causal de análise de trilha com uma cadeia, com desdobramentos dos efeitos diretos e indiretos das variáveis explicativas, onde: Y corresponde a variável principal; ε o erro associado ao modelo; X_1 , X_2 e X_3 representam as variáveis explicativas; r_{01} , r_{02} e r_{03} aos efeitos diretos; r_{12} , r_{23} e r_{13} correspondem aos efeitos indiretos.

4.2.4 Ferramentas utilizadas para elaboração do trabalho

Todas as análises estatísticas que compõem o trabalho, bem como, a elaboração de gráficos e mapa, foram realizadas no *software* R, v.4.2.3, utilizando

os seguintes pacotes: *tidyverse*, para manipulação e organização dos dados de cada ensaio; *ExpDes.pt*, para a análise de variância univariada; *metan*, para desdobramentos das correlações fenotípicas, genéticas e as análises de trilha; *ggcorrplot*, para elaboração dos gráficos de correlação.

Quanto a edição das figuras, foi utilizado o editor de imagens *Inkscape*, v.2.2, para aprimorar a qualidade das imagens.

5 RESULTADOS E DISCUSSÃO

5.1 ASSOCIAÇÃO ENTRE VARIÁVEIS

Ao quantificar a associação fenotípica e genética existente entre o conjunto de variáveis tanto nos experimentos de inverno quanto nos de verão, observou-se que, houve uma grande variação na magnitude dos coeficientes, como também, uma mudança de direção no sentido da correlação quando a mesma foi considerada fraca, demonstrando que o grau de relação entre as características pode sofrer modificações.

Analizando a relação das 13 variáveis nos sete experimentos, das 78 associações quantificadas aos pares em cada ensaio, constatou-se que, os números de correlações genéticas significativas foram maiores do que as fenotípicas, de acordo com o teste t ao nível de 1 e 5% de probabilidade, elucidando que, as variáveis em estudo foram mais influenciadas por fatores genéticos do que ambientais.

5.1.1 Correlação entre variáveis na safra de inverno

Das correlações obtidas na safra de inverno, é possível ressaltar que houve fortes associações positivas e negativas nos experimentos, onde determinadas variáveis mantiveram o padrão de correlação semelhante nos diferentes ensaios.

No primeiro ensaio (Figura 3), quatro correlações fenotípicas e genotípicas significativas se destacaram das demais, com coeficientes de correlações iguais ou superiores a 0,70 ou -0,70, sendo as positivas entre Larg.G x M.100G ($\hat{r}_f = 0,87$ e $\hat{r}_g = 0,90$), indicando que, quanto maior a largura, maior será a massa do grão, e RG x Proli ($\hat{r}_f = 0,70$ e $\hat{r}_g = 0,92$), demonstrando que a presença de genótipos prolíficos na área de cultivo resultará em um maior rendimento de grãos por unidade de área.

Entre as correlações negativas, houve uma forte associação entre Larg.F x Ind.N ($\hat{r}_f = -0,72$ e $\hat{r}_g = -0,74$), expondo que quanto maior a largura, menor será o índice de nervura. Esse resultado já era esperado, visto que esse índice é obtido através da divisão do número de nervuras pela largura da folha.

Para Ind.N x Proli ($\hat{r}_g = -0,83$), ocorreu uma correlação genética negativa, evidenciando que o desbalanço ocasionado pelo excesso de nervuras em relação a largura da folha, pode ser um indicativo de baixa prolificidade.

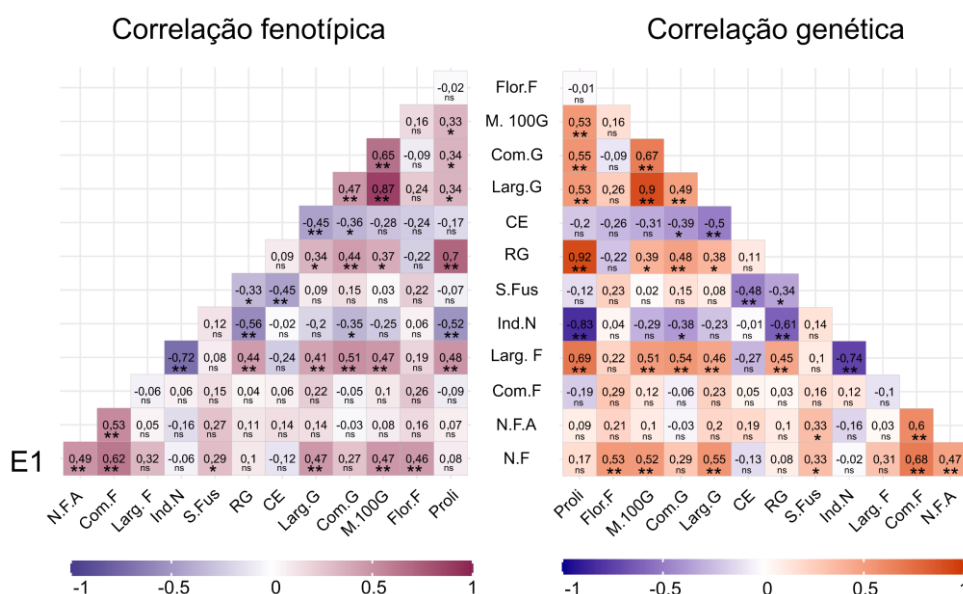


Figura 3. Pirâmide contendo as estimativas das correlações fenotípicas ($\hat{r}_f$) a esquerda e genotípicas ($\hat{r}_g$) a direita, de 13 variáveis coletadas de 36 genótipos de milho-pipoca no experimento 1 (E1) conduzido na safra de inverno.

ns, * e ** são respectivamente, não significativo, significativo a 5 e 1% pelo teste t.

Quanto a variável CE, houve três associações significativas, que foram negativas, com os caracteres S.Fus, Larg.G e Com.G. A associação da variável CE

com S.Fus ($\hat{r}_f = -0,44$ e $\hat{r}_g = -0,45$) indicou que o *Fusarium* diminui a capacidade de expansão dos grãos. Tal resultado pode ser explicado pelo fato de o patógeno degradar o amido presente no interior dos grãos, que é responsável por promover a expansão da pipoca (Almeida, 2022).

Em relação às associações entre as variáveis CE x Larg.G ($\hat{r}_f = -0,45$ e $\hat{r}_g = -0,5$) e CE x Com.G ($\hat{r}_f = -0,36$ e $\hat{r}_g = -0,39$), a correlação demonstrou que grãos mais largos, assim como, mais compridos possuem uma menor CE. Esses resultados estão de acordo com Lysterly (1942), que inferiu que grãos mais arredondados tendem a ter uma maior capacidade de expansão.

Oliveira et al. (2020), avaliando a relação de causa e efeito em híbridos de milho-pipoca por meio de análise de trilha e rede bayesiana, obtiveram resultados semelhantes, com associações negativas para Larg.G ($\hat{r}_f = -0,41$ e $\hat{r}_g = -0,43$) e Com.G ($\hat{r}_f = -0,19$ e $\hat{r}_g = -0,20$).

Dentre os ensaios avaliados na safra de inverno e verão, o experimento 2 (Figura 4) foi o que apresentou o maior número correlações significativas, perfazendo 35 fenotípicas e 36 genéticas, das 78 associações quantificadas.

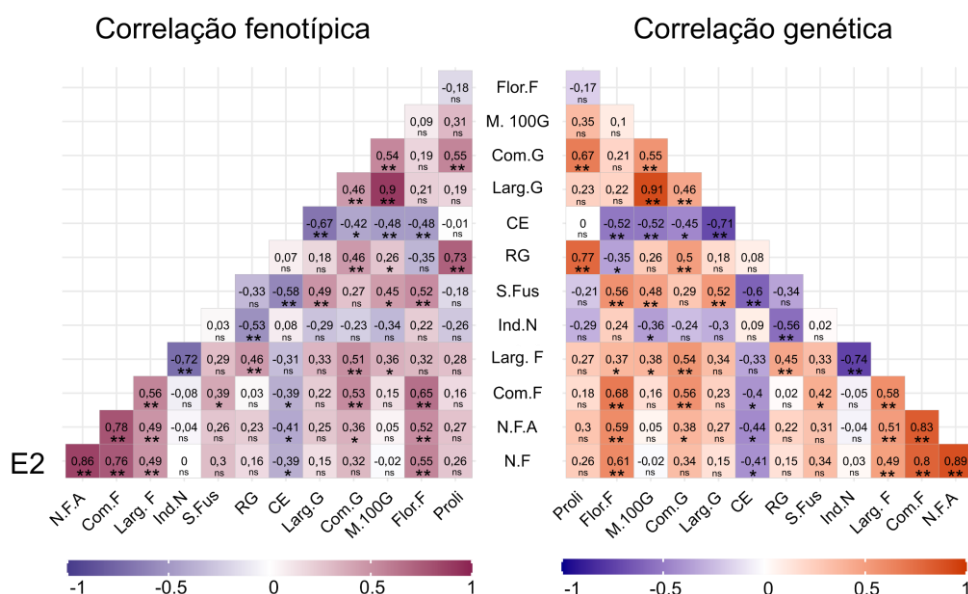


Figura 4. Pirâmide contendo as estimativas das correlações fenotípicas ($\hat{r}_f$) a esquerda e genotípicas ($\hat{r}_g$) a direita, de 13 variáveis coletadas de 31 genótipos de milho-pipoca no experimento 2 (E2) conduzido na safra de inverno.

ns, * e ** são respectivamente, não significativo, significativo a 5 e 1% pelo teste t.

Verificando as análises de correlação, cinco associações lineares positivas se sobressaíram, sendo elas entre Larg.G x M.100G ($\hat{r}_f = 0,90$ e $\hat{r}_g = 0,91$) e RG x Proli ($\hat{r}_f = 0,73$ e $\hat{r}_g = 0,77$), que foram observadas no experimento 1, como também, houve uma forte correlação entre as variáveis N.F.A x Com.F ($\hat{r}_f = 0,78$ e $\hat{r}_g = 0,83$), N.F x Com.F ($\hat{r}_f = 0,76$ e $\hat{r}_g = 0,80$) e N.F x N.F.A ($\hat{r}_f = 0,86$ e $\hat{r}_g = 0,89$), apontando que genótipos com maior número de folhas totais, possuem mais folhas acima da espiga e com maior comprimento. Associações negativas, também foram encontradas no experimento 2, entre Larg.F x Ind.N ($\hat{r}_f = -0,72$ e $\hat{r}_g = -0,74$) e CE x Larg.G ($\hat{r}_f = -0,67$ e $\hat{r}_g = -0,71$), mantendo um padrão semelhante ao observado no experimento anterior.

Com relação às demais variáveis que apresentaram associação significativa com CE, foi possível destacar as correlações com S.Fus ($\hat{r}_f = -0,58$ e $\hat{r}_g = -0,60$) e Com.G ($\hat{r}_f = -0,42$ e $\hat{r}_g = -0,45$), ratificando os resultados anteriores. Além disso, houve novas associações significativas, sendo todas negativas, com M.100G ($\hat{r}_f = -0,48$ e $\hat{r}_g = -0,52$), Flor.F ($\hat{r}_f = -0,48$ e $\hat{r}_g = -0,52$), N.F ($\hat{r}_f = -0,39$ e $\hat{r}_g = -0,41$), N.F.A ($\hat{r}_f = -0,41$ e $\hat{r}_g = -0,44$) e Com.F ($\hat{r}_f = -0,39$ e $\hat{r}_g = -0,40$).

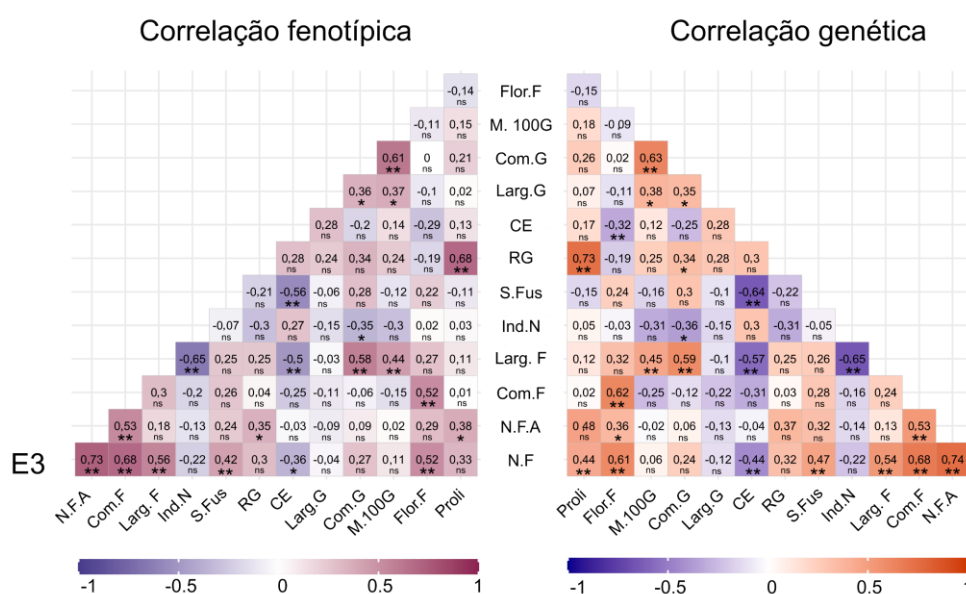


Figura 5. Pirâmide contendo as estimativas das correlações fenotípicas ($\hat{r}_f$) a esquerda e genotípicas ($\hat{r}_g$) a direita, de 13 variáveis coletadas de 34 genótipos de milho-pipoca no experimento 3 (E3) conduzido na safra de inverno.

ns, * e ** são respectivamente, não significativo, significativo a 5 e 1% pelo teste t.

Na safra de inverno, o experimento 3 (Figura 5), foi o que apresentou o menor número de correlações significativas, destacando duas associações positivas entre N.F x N.F.A ($\hat{r}_f = 0,73$ e $\hat{r}_g = 0,74$) e RG x Proli ($\hat{r}_g = 0,73$) com valor superior a 0,70.

Quanto a variável CE, houve quatro associações significativas, com os caracteres N.F ($\hat{r}_f = -0,36$ e $\hat{r}_g = -0,44$), S.Fus ($\hat{r}_f = -0,56$ e $\hat{r}_g = -0,64$) e Flor.F ($\hat{r}_f = -0,32$), em concordância com os ensaios anteriores, bem como, a associação com Larg.F ($\hat{r}_f = -0,50$ e $\hat{r}_g = -0,57$), que ocorreu apenas neste experimento.

No experimento 4 (Figura 6), as associações entre Larg.G x M.100G ($\hat{r}_f = 0,85$ e $\hat{r}_g = 0,89$), Larg.F x Ind.N ($\hat{r}_f = -0,75$ e $\hat{r}_g = 0,78$) e N.F x N.F.A ($\hat{r}_f = 0,70$ e $\hat{r}_g = 0,73$), se destacaram tanto para correlação fenotípica, quanto genotípica, com acréscimo da relação entre Com.G x M.100G ($\hat{r}_f = 0,70$ e $\hat{r}_g = 0,73$) que não havia sido observada em experimentos anteriores, evidenciando que grãos de maior comprimento, tendem a ter uma massa mais elevada.

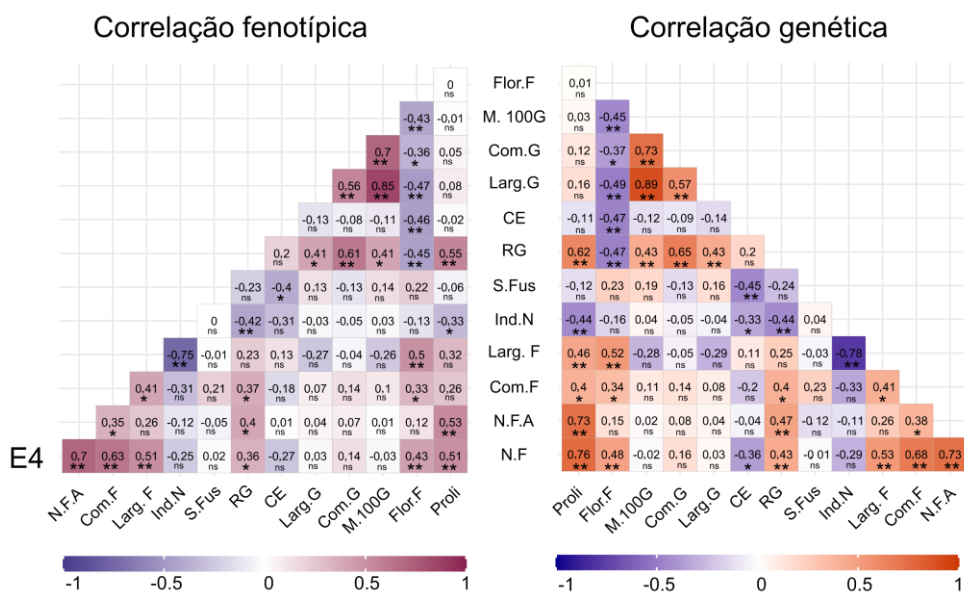


Figura 6. Pirâmide contendo as estimativas das correlações fenotípicas ($\hat{r}_f$) a esquerda e genotípicas ($\hat{r}_g$) a direita, de 13 variáveis coletadas de 35 genótipos de milho-pipoca no experimento 4 (E4) conduzido na safra de inverno.

ns, * e ** são respectivamente, não significativo, significativo a 5 e 1% pelo teste t.

No mesmo ensaio, também houve correlações com alto grau de associação genética, que ocorreram entre N.F.A x Proli ($\hat{r}_g = 0,73$) e N.F x Proli ($\hat{r}_f = 0,76$),

indicando que plantas que possuam maior número de folhas totais ou acima da espiga, supostamente são mais prolíficas.

Quanto as variáveis que se correlacionaram significativamente com CE, quatro foram negativas, sendo elas com Flor.F ($\hat{r}_f = -0,46$ e $\hat{r}_g = -0,47$), S.Fus ($\hat{r}_f = -0,40$ e $\hat{r}_g = -0,45$) e N.F ($\hat{r}_g = -0,36$), acrescentando a associação com Ind.N ($\hat{r}_g = -0,33$), que foi observada apenas neste experimento.

Em suma, ao comparar os quatro ensaios de inverno, foi possível detectar associações com alto grau de correlação que mantiveram um padrão de resposta semelhante nos diferentes experimentos. Entre correlações fenotípicas e genéticas, as associações de Larg.G x M.100G, Larg.F x Ind.N e N.F x N.F.A se repetiram em três ensaios, como também, a relação linear de RG x Proli, que se repetiu em dois experimentos para correlações fenotípicas e três genotípicas, demonstrando que essas características estão fortemente associadas e possui potencial para serem utilizadas como seleção indireta.

Para a variável CE, também ocorreram correlações significativas que tenderam a manter o coeficiente semelhante entre experimentos, como S.Fus que foi observado em quatro ensaios, Flor.F e N.F que se repetiu em três e Larg.G, que apesar de ter mantido em apenas dois experimentos, apresentou uma elevada associação.

5.1.2 Correlação entre variáveis na safra de verão

Analisando as associações entre variáveis de experimentos conduzidos na safra de verão, notou-se que eles se diferiram dos ensaios conduzidos na safra de inverno em alguns aspectos, como menor número de correlações significativas e uma grande variação das associações dos caracteres entre os experimentos.

Verificando os resultados do experimento 5 (Figura 7), dentre os ensaios conduzidos no inverno e verão, esse foi o que apresentou o menor número de correlações significativas, sendo 10 fenotípicas e 14 genéticas. O baixo número de correlações significativas pode ter sido causado pelo pequeno número amostral que foi de 26 genótipos. Segundo Cargnelutti Filho et al. (2010), para que as correlações sejam significativas quando a amostra é pequena, a magnitude desse coeficiente tem que ser elevada, ou seja, deve haver uma forte associação entre os caracteres.

Nesse experimento, ocorreram duas associações que foram superiores a 0,70 ou -0,70, sendo elas RG x Proli ($\hat{r}_f = 0,73$ e $\hat{r}_g = 0,78$) e Larg.F x Ind.N ($\hat{r}_f = -0,83$ e $\hat{r}_g = -0,87$) estando de acordo com o observado nos ensaios conduzidos no inverno.

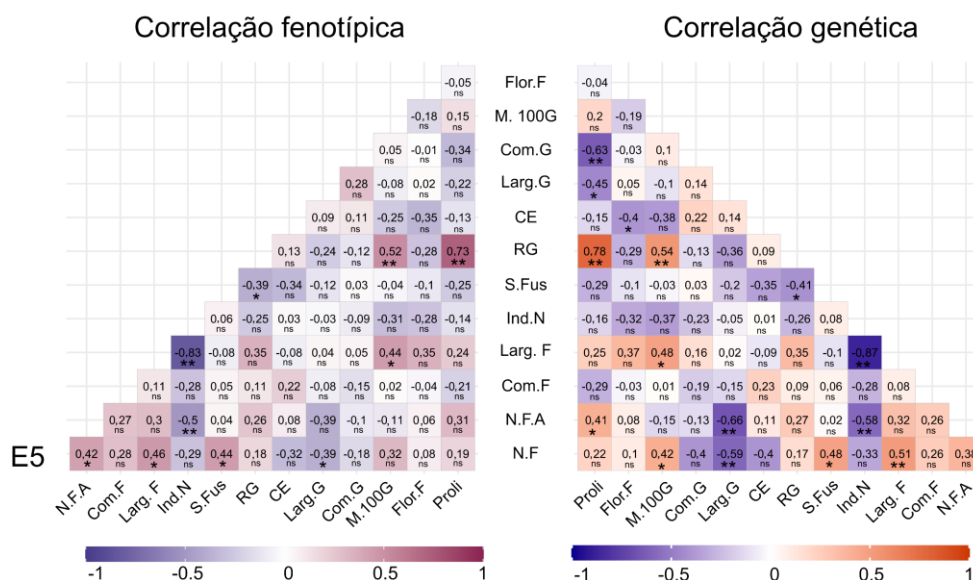


Figura 7. Pirâmide contendo as estimativas das correlações fenotípicas ($\hat{r}_f$) a esquerda e genotípicas ($\hat{r}_g$) a direita, de 13 variáveis, coletadas de 26 genótipos de milho-pipoca no experimento 5 (E5) conduzido na safra de inverno.

ns, * e ** são respectivamente, não significativo, significativo a 5 e 1% pelo teste t.

Com relação à variável CE, houve somente uma correlação genética significativa, que foi oriunda da associação com Flor.F ($\hat{r}_g = -0,40$), corroborando com os resultados dos demais ensaios.

No experimento 6 (Figura 8), houve uma grande discrepância entre o número de correlações significativas fenotípicas e genéticas, que foram 19 e 26, respectivamente. De acordo com Cheverud (1988), o desbalanço entre as correlações genética e fenotípica podem surgir devido a uma desproporção entre efeitos ambientais e genéticos que compõem o fenótipo e/ou devido ao erro na amostragem. Visto que nos demais experimentos as mesmas variáveis estavam sendo estudadas, o efeito diferenciado observado neste ensaio pode estar atrelado ao baixo número de genótipos avaliados, que foi o menor dentre todos os experimentos.

Analisando as associações, duas foram expressivas para os dois tipos de correlação, que ocorreram entre Larg.F x Ind.N ($\hat{r}_f = -0,70$ e $\hat{r}_g = -0,79$) e N.F x N.F.A ($\hat{r}_f = 0,80$ e $\hat{r}_g = 0,84$), enquanto as demais, foram relevantes do ponto de vista genético, como N.F x Proli ($\hat{r}_g = 0,74$), que já havia sido observado no experimento 4, além das associações de Ind.N x M.100G ($\hat{r}_g = -0,77$), Larg.F x Com.G ($\hat{r}_g = 0,78$) e Com.F x Com.G ($\hat{r}_g = 0,76$).

Embora as associações genéticas neste ensaio entre as variáveis Larg.F e Com.F com Com.G e Ind.N com M.100G fossem elevadas, essa relação não foi observada em nenhum outro experimento, o que pode ter ocorrido em função de um erro amostral.

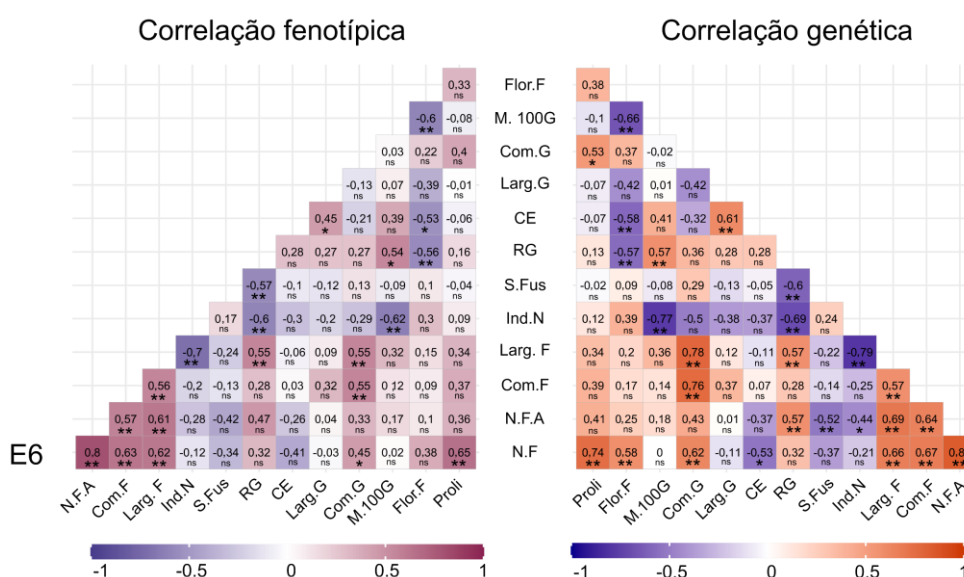


Figura 8. Pirâmide contendo as estimativas das correlações fenotípicas ($\hat{r}_f$) a esquerda e genotípicas ($\hat{r}_g$) a direita, de 13 variáveis, coletadas de 21 genótipos de milho-pipoca no experimento 6 (E6) conduzido na safra de inverno.

ns, * e ** são respectivamente, não significativo, significativo a 5 e 1% pelo teste t.

Para variável CE, duas associações significativas moderadas foram observadas, sendo elas com Flor.F ($\hat{r}_f = -0,53$ e $\hat{r}_g = -0,58$), que se repetiu na maioria dos ensaios e Larg.G ($\hat{r}_f = 0,45$ e $\hat{r}_g = 0,61$), que apresentou uma mudança de direção da associação, passando de negativa para positiva quando comparado com os ensaios conduzidos na safra de inverno.

Em trabalhos conduzidos na safra de verão por Oliveira et al. (2020) e Saito et al. (2021), averiguando caracteres correlacionados com a capacidade de expansão, os autores obtiveram correlações negativas entre CE e Larg.G. Tendo em vista o exposto, esta mudança na direção da associação no experimento 6, pode estar relacionada devido a amostra não ser representativa da população.

Avaliando as relações entre as variáveis no experimento 7 (Figura 9), o mesmo foi o que apresentou o maior número de correlações significativas na safra de verão, bem como, o que obteve maior assimetria entre o número de correlações fenotípicas (22 significativas) e genéticas (31 significativas), comportamento muito semelhante ao experimento anterior (Figura 8).

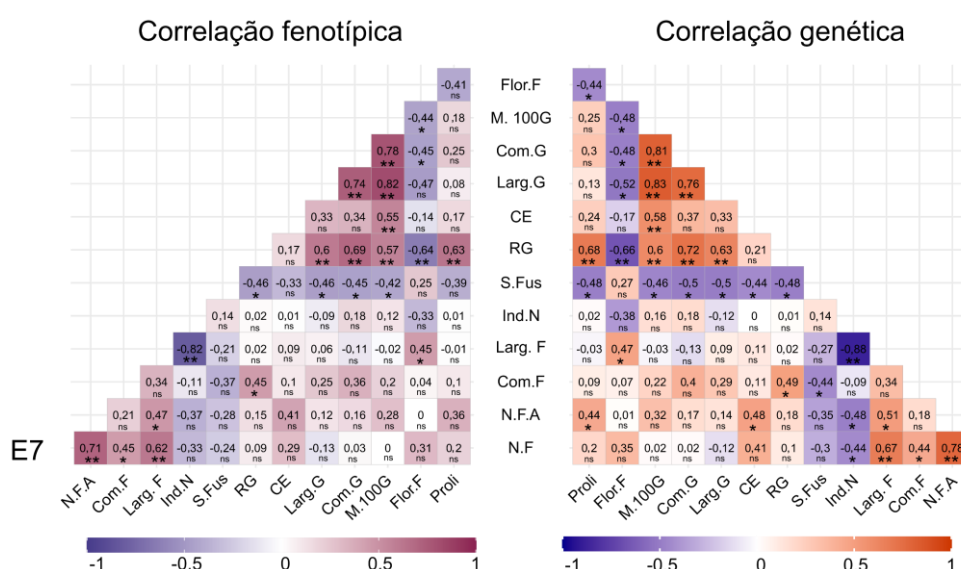


Figura 9. Pirâmide contendo as estimativas das correlações fenotípicas ($\hat{r}_f$) a esquerda e genótípicas ($\hat{r}_g$) a direita, de 13 variáveis, coletadas de 23 genótipos de milho-pipoca no experimento 7 (E7) conduzido na safra de inverno.

ns, * e ** são respectivamente, não significativo, significativo a 5 e 1% pelo teste t.

Dentre as associações superiores a $|0,70|$, as correlações entre as variáveis Com.G x M.100G ($\hat{r}_f = 0,78$ e $\hat{r}_g = 0,81$), Larg.G x M.100G ($\hat{r}_f = 0,82$ e $\hat{r}_g = 0,83$), Larg.F x Ind.N ($\hat{r}_f = -0,82$ e $\hat{r}_g = -0,88$) e N.F x N.F.A ($\hat{r}_f = 0,71$ e $\hat{r}_g = 0,78$) foram semelhantes aos resultados encontrados nos experimentos anteriores, com adição das correlações entre características Larg.G x Com.G ($\hat{r}_f = 0,74$ e $\hat{r}_g = 0,76$) e RG x Com.G ($\hat{r}_g = 0,72$).

Em relação às variáveis que correlacionaram com a CE, houve três associações significativas, que ocorreram com os caracteres S.Fus ($\hat{r}_g = -0,44$), N.F.A ($\hat{r}_g = 0,45$) e M.100G ($\hat{r}_f = 0,55$ e $\hat{r}_g = 0,58$).

Após a avaliação dos experimentos de verão, foi possível destacar algumas associações que se repetiram entre ensaios, como Larg.F x Ind.N e N.F x N.F.A, que foram elevadas em três e dois experimentos, respectivamente. Para a variável CE, somente Flor.F obteve uma correlação se repetiu, sendo observadas em dois ensaios.

Ainda que o conhecimento das correlações seja de grande valia para os programas de melhoramento, deve-se haver cautela na interpretação dos resultados, uma vez que esse tipo de análise não permite inferir se a associação entre duas variáveis é de causa e efeito ou influenciada por outros fatores.

Em consequência desta particularidade, para investigar os efeitos que estão influenciando as associações, a análise de trilha desenvolvida por Wright (1921) é de suma importância para os programas de melhoramento, pois através do desdobramento das correlações em efeitos diretos e indiretos, é possível identificar quais caracteres de fato estão associados à variável principal e consequentemente promove ganhos de forma eficiente.

5.2 ANÁLISE DE TRILHA

Para melhor compreender a relação existente entre as variáveis em estudo, foi utilizado a análise de trilha de única cadeia, composta pela variável dependente CE e os caracteres explicativos por N.F, N.F.A, Larg.F, Com.F, Ind.N, Flor.F, Proli, M.100G, Com.G, Larg.G, RG e S.Fus, onde as correlações genéticas foram desdobradas em efeitos diretos e indiretos.

Visando obter maior acurácia dos resultados e uma boa precisão, foi aplicado o diagnóstico de multicolinearidade proposto por Montgomery e Peck (1981), para identificação e eliminação das variáveis que mais contribuíram para superestimar os coeficientes de trilha, fazendo com que o número de condição ficasse inferior a 100 em cada um dos ensaios. A partir do exposto, após o diagnóstico de multicolinearidade, cada experimento contou com um coeficiente de determinação, efeito residual e número de variáveis diferentes.

Posteriormente aos desdobramentos das correlações nos sete experimentos avaliados, os efeitos diretos foram mais expressivos que os efeitos indiretos, indicando que as variáveis em estudo exercem mais influência direta sobre a variável dependente.

5.2.1 Análise de trilha dos ensaios conduzidos na safra de inverno

Averiguando os resultados das análises de trilha de experimentos conduzidos na safra de inverno, observou-se um coeficiente de determinação médio de 0,77, apresentando um bom ajuste do modelo, indicando que 77% da variável dependente pode ser explicada pelos caracteres independentes.

Em relação à multicolinearidade, a variável M.100G foi a que mais contribuiu para inflacionar os componentes da trilha, sendo eliminada em três dos quatro ensaios. Esse efeito se faz presente quando determinada variável apresenta uma inter-relação elevada com demais caracteres explicativos, sendo necessário sua eliminação para evitar uma superestimação dos efeitos (Coimbra et al., 2005).

Na figura 10, correspondente à trilha do primeiro ensaio, as variáveis Proli e M.100G foram eliminadas em virtude da multicolinearidade, fazendo com que a trilha passasse a contar com dez variáveis explicativas e alcançasse maior coeficiente de determinação ($R^2=0,811$) dos experimentos de inverno.

Verificando os desdobramentos, quatro efeitos diretos e um indireto se destacaram sendo superiores ao valor residual. Segundo Cruz et al. (2004), o efeito residual pode ser utilizado como um referencial, no qual se o coeficiente de trilha (efeito direto) for maior em módulo, significa que a variável explicativa pode exercer influência de causa e efeito sobre a variável principal.

Entre os efeitos diretos positivos, as variáveis N.F (0,718) e N.F.A (0,444) se sobressaíram ao valor residual, entretanto, quando averiguada a correlação genética, a mesma foi baixa e não significativa, indicando que, os efeitos indiretos exercem maior influência na associação, dificultando a seleção dessas variáveis para promover ganhos em CE. Em relação ao efeito indireto, somente a variável N.F (0,483) se sobressaiu, demonstrando-se estar atrelada a baixa associação observada na correlação de Com.F x CE, todavia, tal variável não apresentou capacidade de promover ganhos na variável dependente.

Quanto aos efeitos diretos negativos, Larg.G (-0,695) e S.Fus (-0,639) se destacaram, corroborando com os resultados encontrados na análise de correlação genética, que foram similares. De acordo com Vencovsky e Barriga (1992), a ocorrência de coeficiente de correlação e efeito direto semelhantes em magnitude e sinal, demonstra que a correlação, expressa a real associação entre os caracteres. Tendo em vista o exposto, é possível atribuir uma causa direta dessas variáveis na capacidade de expansão de grãos.

Com respeito à largura dos grãos, estudos têm apontado que grãos de menor tamanho apresentam uma maior capacidade de expansão (Lyerly, 1942;

Sawazaki et al., 1986; Ceylan e Karababa, 2001). Oliveira et al. (2020) e Saito et al. (2021), estudando caracteres agrônômicos associados à capacidade de expansão por meio de análise de trilha, ao desdobrar a correlação com largura de grão, obtiveram efeitos diretos de -0,34 e -0,21, respectivamente, não ultrapassando o valor residual, bem como, não encontraram nenhuma característica indireta associada significativamente.

Dos ensaios implementados no inverno, o segundo experimento (Figura 11) foi o que apresentou o maior número de variáveis que contribuíram com a multicolinearidade, passando a contar com apenas nove variáveis explicativas, visto que os caracteres Larg.F, Com.F e M.100G foram eliminados da análise.

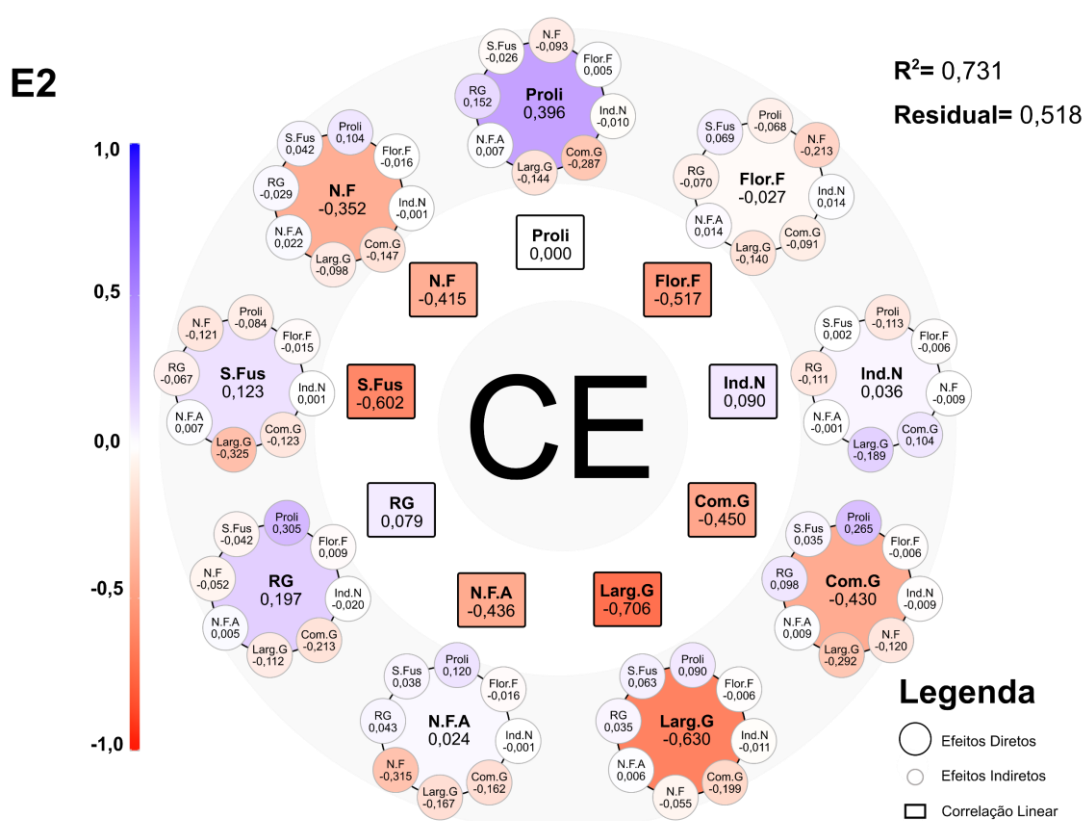


Figura 11. Desdobramento dos efeitos diretos e indiretos na análise de única cadeia do experimento 2 (E2) da safra de inverno, compreendendo CE como variável dependente e 9 caracteres explicativos, extraídos da matriz de correlação genética de 31 genótipos de milho-pipoca.

Ainda que o experimento 2 tenha apresentado o maior número de correlações significativas entre os ensaios avaliados, na análise de trilha, apenas um coeficiente se sobressaiu com valor superior ao efeito residual, que foi

observado na variável Larg.G, que apresentou um coeficiente de -0,630, resultado esse, semelhante ao observado no primeiro experimento. As demais correlações significativas quando desdobradas em efeitos diretos e indiretos, foram menores que o valor residual, ou seja, não pode se atribuir uma relação de causa e efeito.

No experimento 3 (Figura 12), após o diagnóstico de multicolinearidade, apenas a variável N.F foi eliminada, possibilitando que a trilha contasse com maior número de caracteres explicativos entre todos os ensaios avaliados.

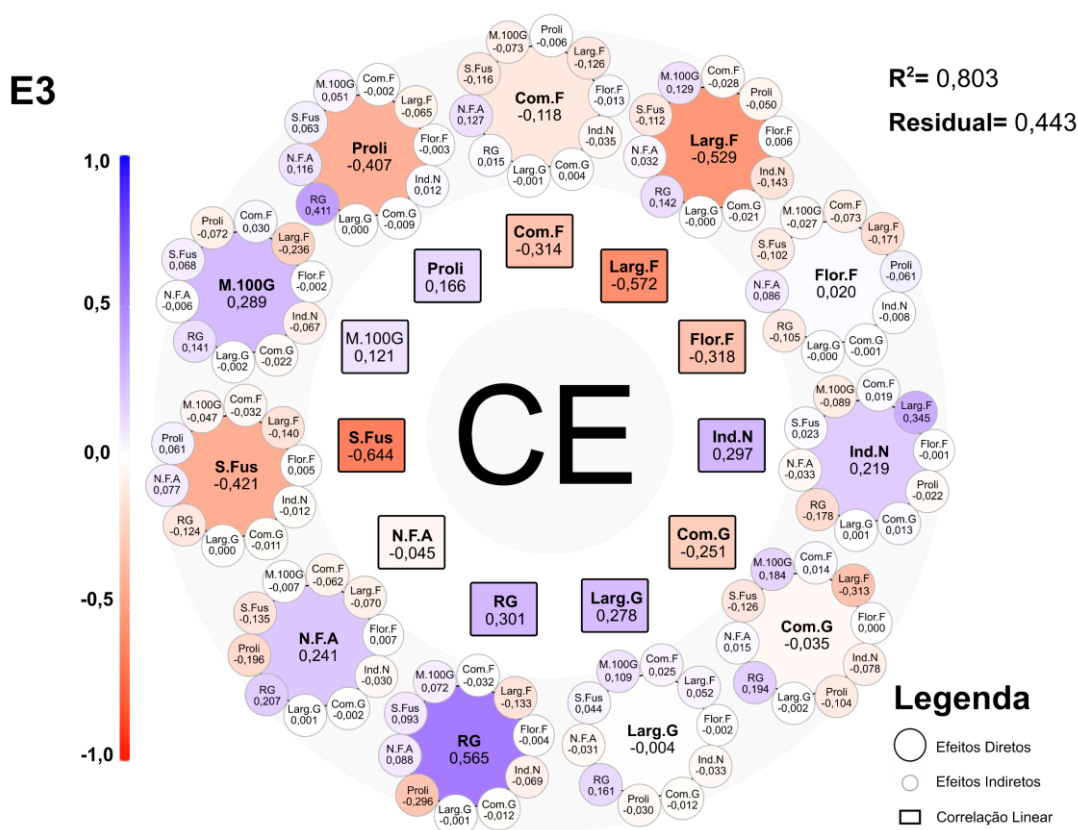


Figura 12. Desdobramento dos efeitos diretos e indiretos na análise de única cadeia do experimento 3 (E3) da safra de inverno, compreendendo CE como variável dependente e 11 caracteres explicativos, extraídos da matriz de correlação genética de 34 genótipos de milho-pipoca.

Analisando os resultados da trilha, os efeitos diretos RG.13% (0,565) e Larg.F (-0,529) excederam o resíduo. Diversos trabalhos realizados com a cultura da milho-pipoca, estudando a associação linear entre RG.13% e CE, apontaram que essas características possuem a particularidade de se correlacionarem negativamente (Dofing et al., 1991; Granate et al., 2002; Cabral et al., 2016; Saito et al., 2021), todavia, ao desdobrar a correlação na análise de trilha, o efeito direto

RG.13% foi positivo e superior ao efeito residual, indicando que a existência da associação negativa e/ou baixa pode ser ocasionada por características indiretas, que nesse experimento não pode ser atribuído a nenhuma variável, visto que não superaram o valor residual.

Quanto a variável Larg.F, após o desdobramento da correlação na análise de trilha, o efeito direto se manteve semelhante em direção e magnitude, indicando a existência de uma relação direta com a variável dependente. Embora o coeficiente de trilha tenha superado o valor residual, essa variável apresentou uma grande oscilação dos efeitos diretos entre experimentos, portanto, não é uma variável confiável para realizar seleção indireta.

Na figura 13, referente a trilha do ensaio 4, os caracteres Flor.F e M.100G foram eliminados devido à multicolinearidade. Após os desdobramentos das correlações houve dois efeitos diretos e três efeitos indiretos superiores ao resíduo.

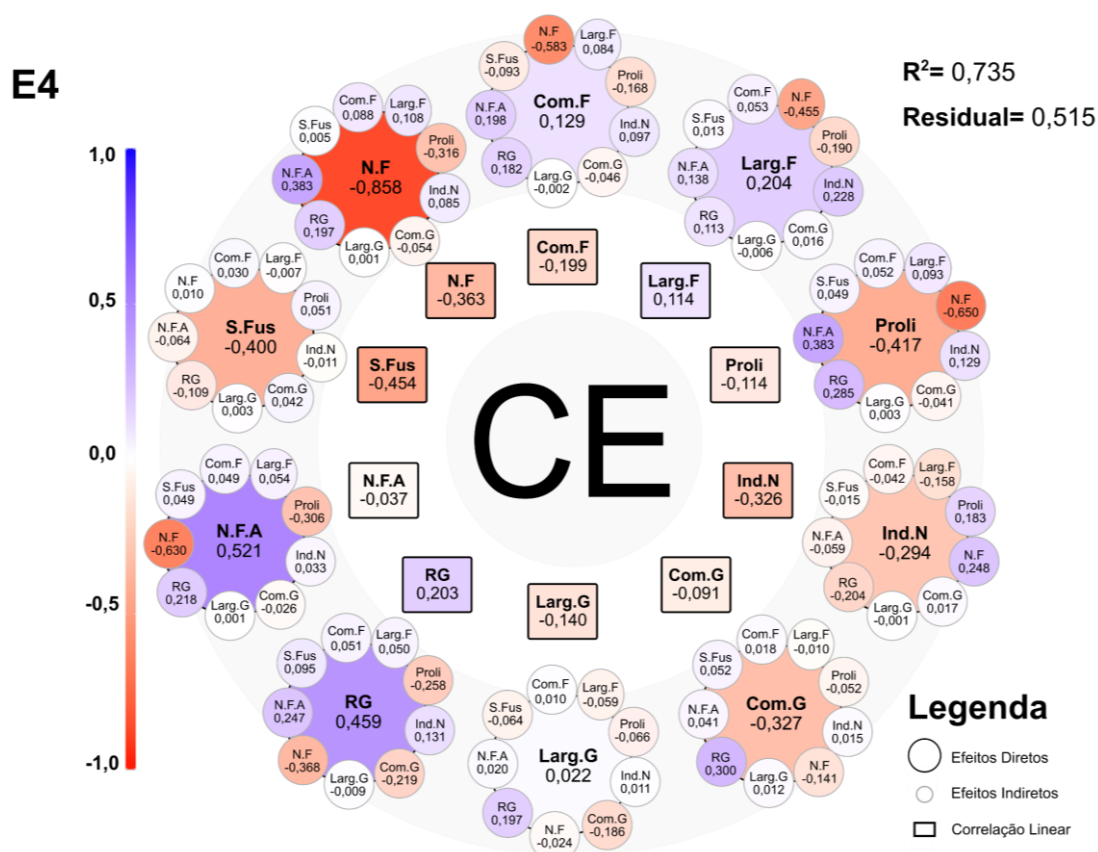


Figura 13. Desdobramento dos efeitos diretos e indiretos na análise de única cadeia do experimento 4 (E4) da safra de inverno, compreendendo CE como variável dependente e 10 caracteres explicativos, extraídos da matriz de correlação genética de 35 genótipos de milho-pipoca.

Para a variável N.F, o efeito direto foi negativo e elevado (-0,858), próximo de -1, contudo, quando averiguado a correlação, por mais que o fosse significativa, a magnitude do coeficiente foi baixa, não sendo uma variável eficiente para realizar seleção indireta. Com relação à variável N.F.A (0,521), o efeito foi positivo, apresentado comportamento similar ao observado no primeiro ensaio, onde por mais que o efeito direto fosse elevado, a correlação não foi significativa.

Em relação aos efeitos indiretos, a variável N.F apresentou uma influência indireta na associação dos caracteres Com.F, Proli e N.F.A com CE, apresentando os respectivos valores -0,583, -0,650 e -0,630. Esse resultado pode ter sido ocasionado pelo elevado valor do coeficiente de trilha de N.F (-0,858), que foi próximo à unidade, provocando uma superestimação dos valores, visto que esses resultados não se repetiram em outros ensaios.

Para compreender melhor a associação dos caracteres explicativos com a CE, a figura 14 reuniu os efeitos diretos de todas as variáveis obtidas em cada um dos ensaios, com exceção da variável M.100G, que foi observada apenas no experimento 3.

Analizando os resultados da figura 14, foi possível extrair as seguintes informações. Determinadas variáveis apresentaram uma grande dispersão dos coeficientes de trilha, não apresentando um padrão de resposta que possibilite a indicação dessas variáveis para promover ganhos em CE, como ocorreu com a variável Com.F, bem como, os caracteres Larg.F e N.F, que, por mais que alcançassem um efeito direto superior ao valor residual em alguns ensaios, apresentaram grande oscilação dos coeficientes de trilha entre experimentos.

Dentre os coeficientes de trilha, também houve aqueles que não foram significativos, observados nos caracteres Ind.N, Flor.F, Com.G e Proli, no qual, os efeitos diretos foram menores que o resíduo em todos os experimentos, não tendo influência de causa e efeito na variável principal.

Determinados caracteres, apresentaram um comportamento similar entre experimentos e coeficientes de trilha superiores ao valor residual, todavia, em virtude de efeitos indiretos, exibiram correlações fracas com CE, como N.F.A e RG, não sendo eficientes para serem utilizados como seleção indireta.

Por fim, houve variáveis que apresentaram a capacidade de exercer influência sobre a variável dependente CE, compreendidos pelos caracteres Larg.G e S.Fus, que além de exibirem valores superiores ao resíduo em pelo ao menos um experimento, também exibiu coeficientes de trilha semelhantes.

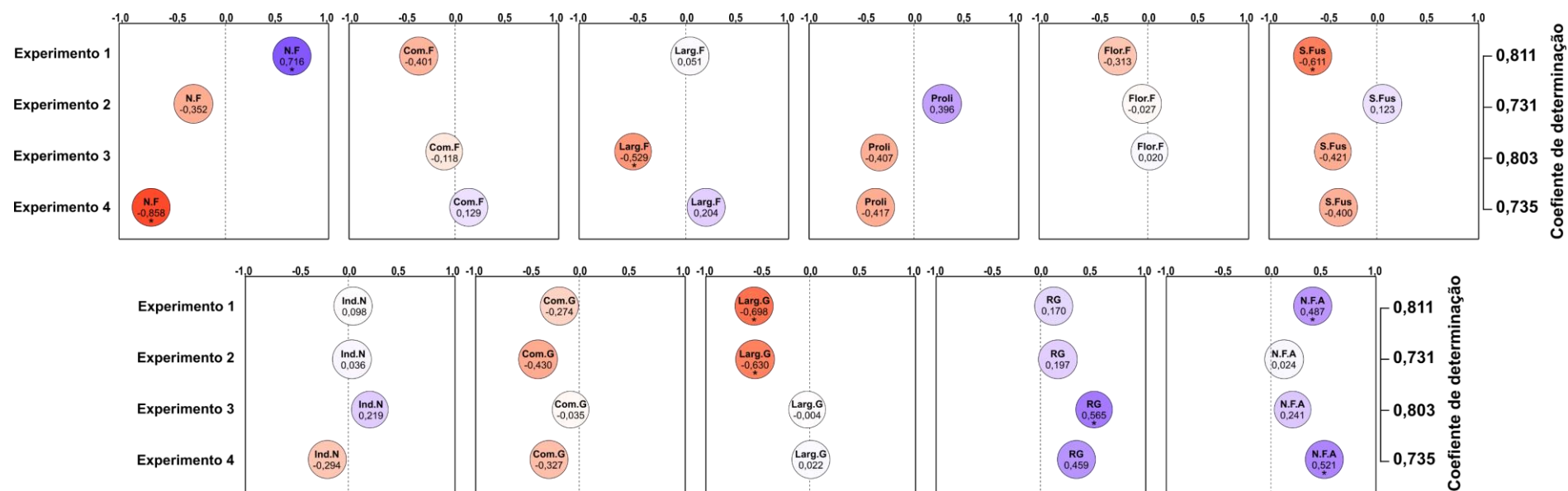


Figura 14. Efeitos diretos das análises de trilha dos 4 experimentos conduzidos na safra de inverno com a cultura do milho-pipoca, onde valores seguidos de * superam o valor residual.

5.2.1.1 Correlação x análise de trilha na safra de inverno

Em síntese, ao verificar os resultados das correlações e análises de trilha dos ensaios da safra de inverno, observou-se que embora muitos caracteres estejam correlacionados com a CE, apenas as variáveis Larg.G e S.Fus apresentaram uma relação significativa com a variável dependente de forma acurada.

A partir dos resultados, foi possível averiguar que grãos de menor largura possuem uma maior capacidade de expansão, o que dificulta obter genótipos que apresentem um alto rendimento e uma elevada capacidade de expansão, visto que, a largura dos grãos está associada positivamente com a massa dos grãos, o que pode ser observado nas análises de correlação dos ensaios de inverno. Contudo, a seleção de genótipos com maior prolificidade é uma estratégia que pode ser adotada para promover ganhos para RG e CE. Ao desdobrar as correlações na análise de trilha, a variável Proli, não apresentou uma relação de causa e efeito com a variável dependente em nenhum dos experimentos testados, além disso, pode-se observar uma forte correlação entre RG x Proli, que se repetiram em três dos quatro ensaios avaliados, indicando que a seleção de genótipos prolíficos com grãos de menor largura possibilita promover ganhos para RG e CE.

Quanto a variável S.Fus na análise de trilha, foi possível verificar o potencial que essa doença possui em afetar a capacidade de expansão dos grãos de pipoca. Tal resultado, demonstra a importância de se selecionar genótipos com resistência ao *Fusarium*, uma vez que, mesmos genótipos de alto rendimento e com boa qualidade de grãos, podem ser afetados negativamente em função da podridão na espiga ocasionada pelo *Fusarium*. De acordo com Mishra et al. (2014) e Schwantes et al. (2018), fungos causadores de podridão na espiga exercem uma grande influência negativa na qualidade dos grãos de pipoca, por afetar o endosperma e o pericarpo o que acaba comprometendo a estrutura dos grãos.

5.2.2 Análise de trilha dos ensaios conduzidos na safra de verão

Nos experimentos conduzidos na safra de verão, houve uma grande variação dos valores de desdobramento dos efeitos diretos e indiretos entre os ensaios, bem como, observou-se um maior número de variáveis que contribuíram

para a multicolinearidade, desencadeando em um menor número de caracteres explicativos nas análises de trilha quando comparado com os ensaios conduzidos no inverno, onde as variáveis N.F e Ind.N foram as que mais contribuíram para inflacionar os componentes da trilha, sendo eliminado em dois e três experimentos respectivamente.

Verificando a precisão das análises de trilha, os experimentos alcançaram um coeficiente de determinação médio de 0,73, indicando que 73% da variável dependente pode ser explicada pelos caracteres independentes, entretanto, houve uma grande oscilação dos coeficientes, que foram 0,845, 0,708 e 0,650, correspondente aos ensaios 5, 6 e 7.

No primeiro ensaio de verão, referente ao experimento 5 (Figura 15), as variáveis N.F, Ind.N, Proli e Larg.G, foram eliminadas da análise em razão da multicolinearidade. Com relação à precisão, houve um bom ajuste do modelo, alcançando o maior coeficiente de determinação (0,845) entre todos os experimentos avaliados, além ser constituído pelo maior número de genótipos na safra de verão. Posteriormente aos desdobramentos das correlações genéticas, quatro efeitos diretos se sobressaíram ao valor residual, sendo três negativos (Flor.F, M.100G e S.Fus) e um positivo (Larg.F) e dois efeitos indiretos influenciados por M.100G.

Embora a variável Larg.F tenha apresentado um coeficiente de trilha positivo elevado (0,583), a correlação com a CE foi baixa e não significativa, o que inviabiliza o uso dessa característica para seleção indireta.

Na análise de correlação, a única variável que alcançou uma associação significativa com CE foi Flor.F, que quando desdobrada, apresentou um efeito direto negativo e elevado que foi de -0,796, resultado que não foi observado em experimentos anteriores, visto que nenhum coeficiente de trilha de inverno havia sido superior ao resíduo.

O mesmo comportamento observado com a variável Flor.F, ocorreu com M.100G, em relação à magnitude e direção do coeficiente de trilha, que alcançou -0,890. Por ser a variável que mais contribuiu com a multicolinearidade nos experimentos conduzidos no inverno, o estudo do inter-relacionamento foi restrito, sendo que na única vez em que compôs uma análise de trilha, o efeito direto foi inferior ao valor residual.

O último efeito direto que se destacou no experimento 5, foi observado na variável S.Fus (-0,410), que assim como nos experimentos conduzidos na safra de inverno, também apresentou uma relação de causa e efeito com a variável dependente. Essa variável demonstrou ser pouco influenciada por efeitos indiretos, visto que, na maioria dos ensaios o coeficiente de trilha foi similar em magnitude sinal a correlação, mesmo quando o valor residual foi inferior ao efeito direto.

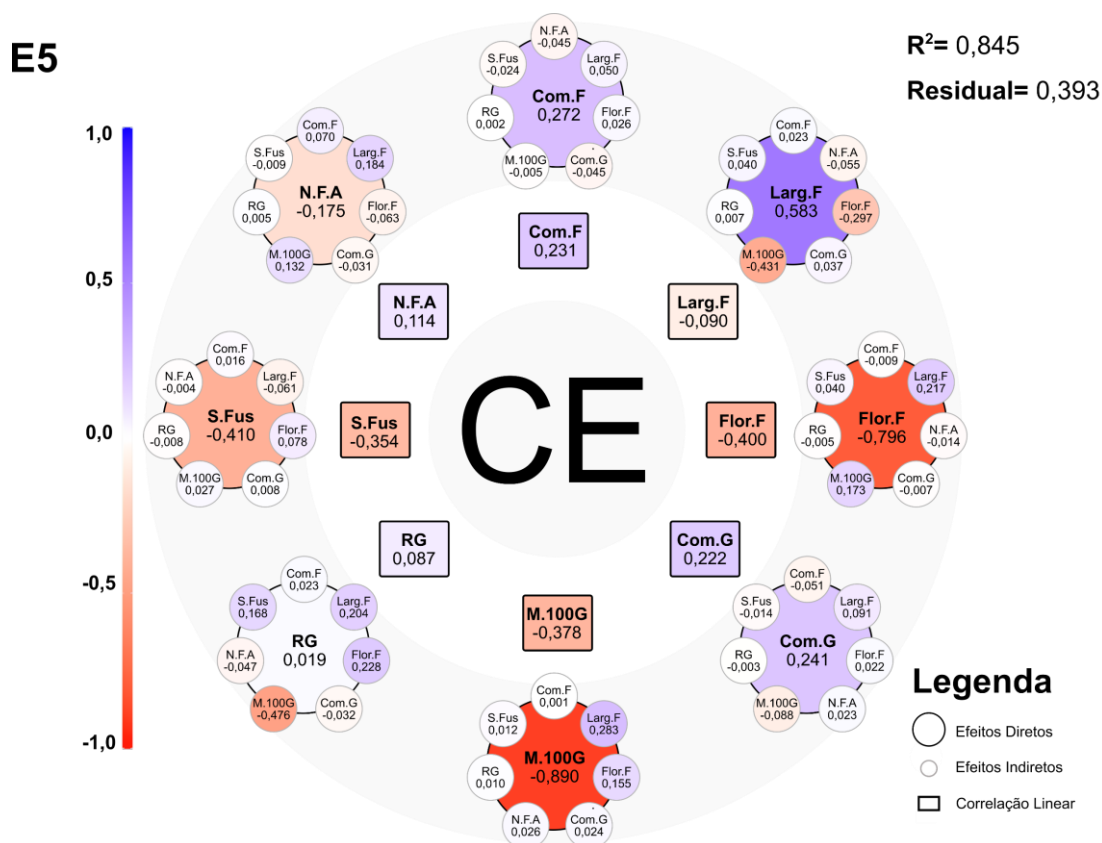


Figura 15. Desdobramento dos efeitos diretos e indiretos na análise de única cadeia do experimento 5 (E5) da safra de verão, compreendendo CE como variável dependente e 8 caracteres explicativos, extraídos da matriz de correlação genética de 26 genótipos de milho-pipoca.

Quanto ao efeito indireto, a variável M.100G, contribuiu negativamente na associação de Larg.F e CE, com efeito de -0,431. Da mesma forma, esta variável apresentou um efeito negativo na associação RG com CE, que foi -0,476, indicando que essa característica pode estar atrelada à baixa correlação observada entre os caracteres.

O segundo ensaio de verão (Figura 16), foi o que exibiu o maior número de variáveis que contribuíram com a multicolinearidade, o que ocasionou na eliminação de cinco caracteres explicativos, que foram N.F, N.F.A, Ind.N, Flor.F e Com.G, consequentemente, resultando na análise de trilha com menor número de variáveis dentre os experimentos avaliados. Apesar do baixo número de variáveis na análise, a trilha obteve um coeficiente de determinação de 0,708, bem como, apresentou dois efeitos diretos positivos, que foram observados para Larg.G e M.100G.

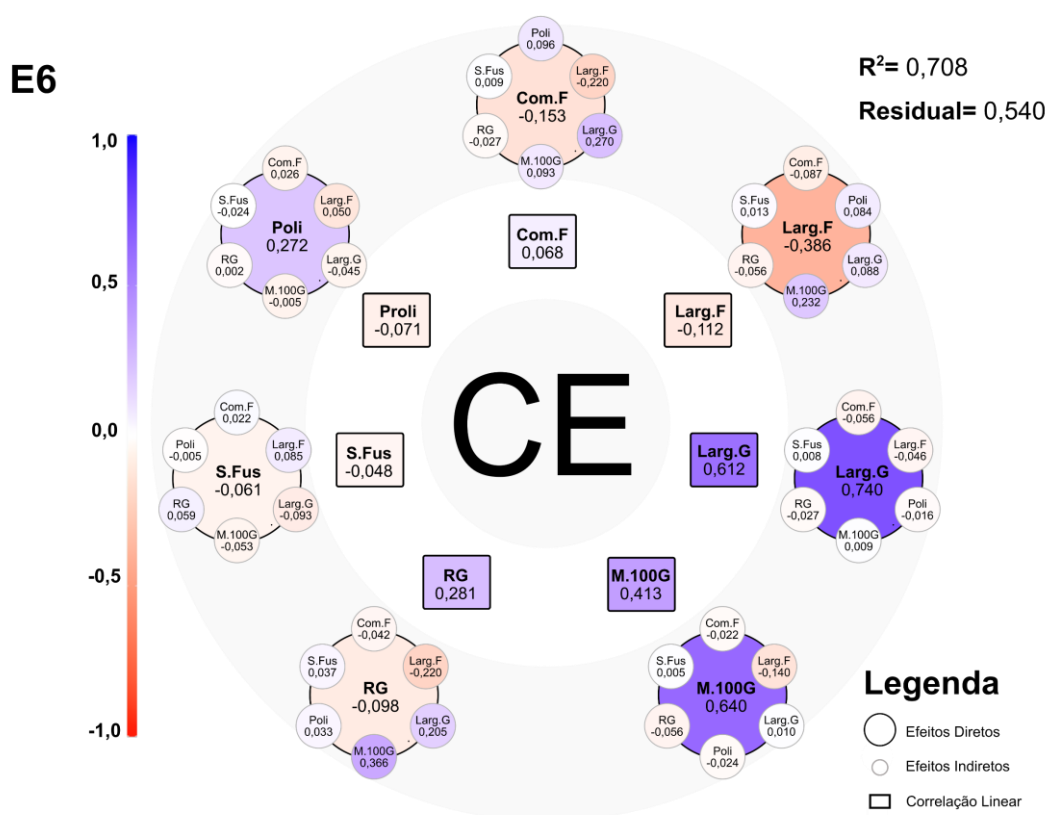


Figura 16. Desdobramento dos efeitos diretos e indiretos na análise de única cadeia do experimento 6 (E6) da safra de verão, compreendendo CE como variável dependente e 7 caracteres explicativos, extraídos da matriz de correlação genética de 21 genótipos de milho-pipoca.

Embora neste experimento o efeito direto para Larg.G tenha sido superior ao valor residual, alcançando o valor de 0,740, este resultado contradiz os ensaios conduzidos na safra de inverno, visto que, o efeito direto foi negativo (experimentos 1 e 2 na safra de inverno) quando superior ao valor residual. O mesmo

comportamento observado para Larg.G ocorreu com M.100G (0,640), no qual no experimento 5 da safra de verão apresentou um forte efeito direto que foi negativo.

A mudança de direção nos coeficientes de trilha pode ter sido ocasionada pelo baixo número de genótipos avaliados, como já havia sido relatado na análise de correlação, indicando que a amostra pode não ser representativa da população.

Analisando o experimento 7 (Figura 17), correspondente ao último ensaio da safra de verão, os caracteres Ind.N e RG foram eliminados após o diagnóstico de multicolinearidade.

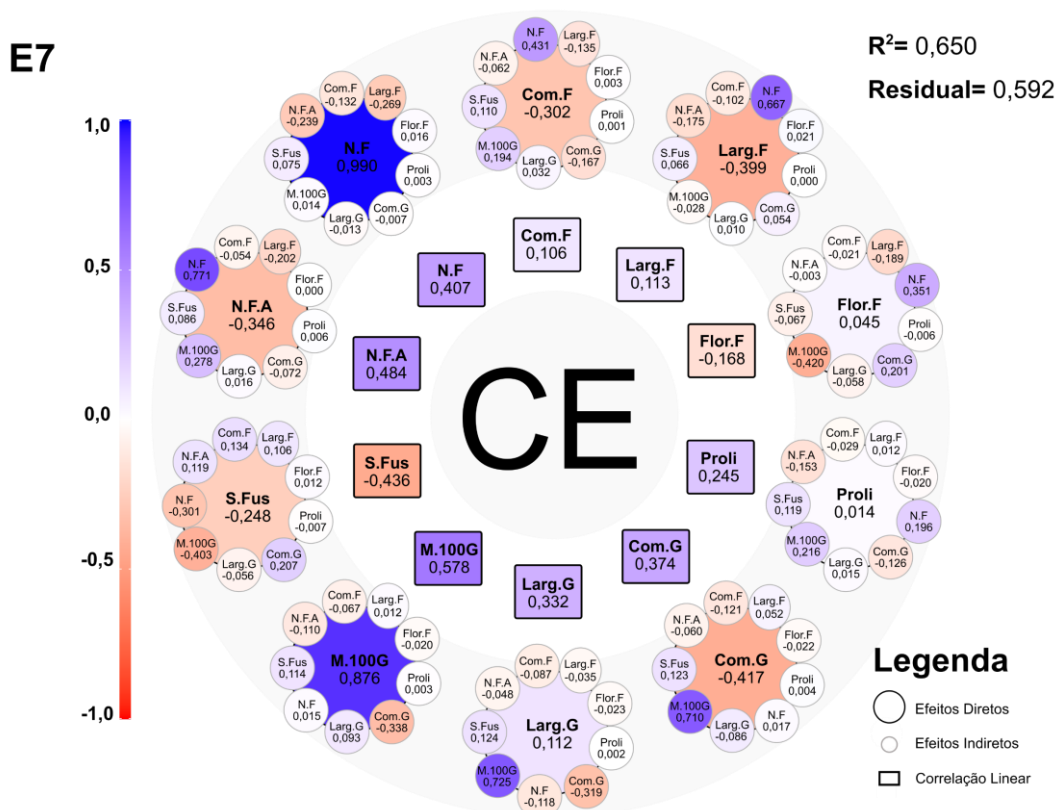


Figura 17. Desdobramento dos efeitos diretos e indiretos na análise de única cadeia do experimento 7 (E7) da safra de verão, compreendendo CE como variável dependente e 10 caracteres explicativos, extraídos da matriz de correlação genética de 23 genótipos de milho-pipoca.

Dentre todos os ensaios avaliados, o experimento 7 foi o que gerou a análise de trilha com menor precisão, com valor de coeficiente de determinação de 0,650 e um valor residual elevado de 0,592.

A causa de coeficiente de determinação baixo em uma análise de regressão múltipla padronizada, eventualmente é ocasionada pela ausência de

caracteres importantes no modelo, na predição da variável dependente, todavia, em todos os ensaios avaliados as mesmas variáveis foram utilizadas e alcançaram coeficientes de determinação elevados, logo, essa baixa precisão pode estar relacionada ao pequeno valor amostral, que possivelmente não foi representativo de uma população, como foi observado na análise de correlação.

Neste experimento, dois efeitos diretos foram superiores ao valor do resíduo, observados nos caracteres N.F (0,990) e M.100G (0,876). Quanto aos efeitos indiretos, a variável N.F influenciou as associações de Larg.F (0,667) e N.F.A (0,771), tal como, a variável M.100G demonstrou exercer influência na correlação dos caracteres Com.G (0,710) e Larg.G (0,725) com a CE.

Visando sintetizar os resultados obtidos na safra de verão, a figura 18 reuniu os coeficientes de trilhas dos três ensaios. Ao verificar os efeitos diretos, foi possível encontrar padrões de comportamento semelhantes dos caracteres entre experimentos.

Para as variáveis Larg.F, Flor.F, M.100G e Larg.G, os coeficientes de trilha tiveram uma grande dispersão, principalmente quando o experimento 5, que obteve uma boa precisão, foi comparado com os experimentos 6 e 7 com menor precisão. Embora os valores dos efeitos tenham superado o valor residual e pelo menos um ensaio, não houve um padrão de comportamento que viabilize a indicação dessas variáveis de forma precisa.

Em relação aos caracteres N.F.A, Com.F, Com.G, RG e Proli, os efeitos diretos não foram significativos, visto que não se sobressaíram ao valor residual em nenhum dos ensaios avaliados.

Entre todas as variáveis avaliadas, S.Fus foi a única que demonstrou exercer influência de causa e efeito na variável dependente, visto que, além de apresentar um padrão de comportamento semelhante em todos os ensaios de verão, foi superior ao efeito residual no experimento de maior precisão (Figura 15) e se manteve semelhante em magnitude e sinal a correlação, demonstrando ser uma variável pouco influenciada por efeitos indiretos.

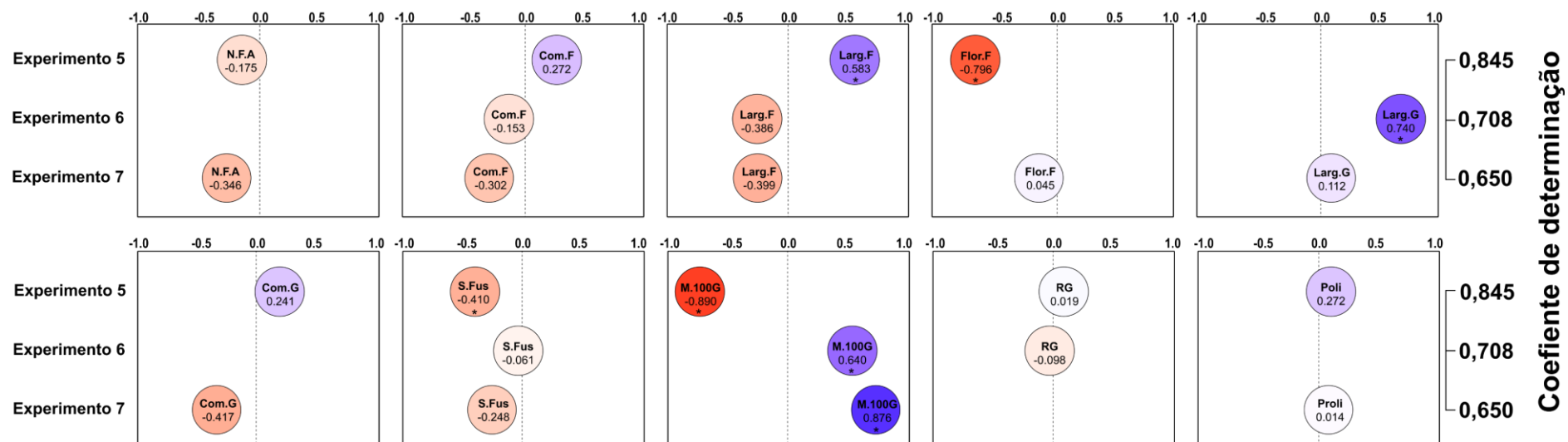


Figura 18. Efeitos diretos das análises de trilha dos 3 experimentos conduzidos na safra de verão com a cultura do milho-pipoca, onde valores seguidos de * superam o valor residual.

5.2.2.1 Correlação x análise de trilha na safra de verão

Nos experimentos de verão, a variável S.Fus continuou apresentando uma relação de causa e efeito com a variável dependente, consolidando que o *Fusarium* apresenta uma grande influência negativa na CE.

Quanto a variável Larg.G, o mesmo efeito não foi observado quando comparado aos ensaios de inverno, uma vez que, foi observado um efeito positivo da largura de grãos na capacidade de expansão na análise de correlação e de trilha. Esse resultado pode ser atribuído a alguns fatores, como: baixo número de genótipos utilizados nesses experimentos de verão, que acabou não representando um resultado acurado de uma população, restringindo o efeito observado a uma determinada genealogia; efeitos climáticos na safra de verão, que ocasionou na perda de plantas na parcela experimental; baixa precisão nos coeficientes de determinação e elevados valores residuais nas análises de trilha. Esses resultados demonstram a importância de se avaliar e comparar múltiplos experimentos, posto que, o embasamento em apenas um resultado possa estar restrito apenas a um conjunto de dados.

6 CONCLUSÕES

Determinadas correlações mantiveram associações elevadas e semelhantes entre os ensaios, como: Larg.F x Ind.N, N.F x N.F.A, Larg.G x M.100G e RG x Proli, apresentando grande potencial para ser realizada a seleção indireta.

De maneira geral, os experimentos conduzidos na safra de inverno apresentaram coeficientes de determinação mais elevados do que os experimentos conduzidos na safra de verão, que se deve principalmente em virtude do tamanho amostral, que na safra de verão foi menor. Após avaliação de todas as análises de trilha, as variáveis S.Fus e Larg.G foram as que apresentaram maior capacidade de exercer influência sobre a CE.

Mediante aos resultados alcançados, uma estratégia potencial pode ser adotada para promover ganhos em CE e RG é por meio da seleção de genótipos que produzam grãos de menor largura e que sejam prolíficos.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Agrama, H. A. S. (1996) Sequential path analysis of grain yield and its components in maize. *Plant Breeding* 115: 343-346. <https://doi.org/10.1111/j.1439-0523.1996.tb00931.x>.
- Almeida, R. N. (2022) *Pré-seleção de linhagens de milho-pipoca para resistência à podridão de espigas ocasionada por Fusarium sp.* Tese (Doutor em Genética e Melhoramento de Plantas) – Campos dos Goytacazes, RJ, Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, 102p.
- Almeida, R.N., Vivas, M., Santos Junior, D.R., Saluci, J.C.G., Carlos, M.C., Santos, J.S., Amaral Junior, A.T., Scapim, C.A. (2021) Combining abilities analysis for ear rot resistance in popcorn hybrids development. *Ceres*, 68 (1): 61-70. <https://doi.org/10.1590/0034-737X202168010008>.
- Almeida, V. C., Viana, J. M. S., Oliveira, H. M., Risso, L. A., Ribeiro, A. F. S., Lima, R. O. (2018) Genetic diversity and path analysis for nitrogen use efficiency of tropical popcorn (*Zea mays* ssp. *everta*) inbred lines in adult stage. *Plant Breeding*, 137 (6): 839-847. <http://doi.org/10.1111/pbr.12650>.
- Amaral Júnior, A.T., Santos, A., Gerhardt, I.F.S., Kurosawa, R.N.F., Moreira, N.F., Pereira, M.G., Gravina, G. A., Silva, F.H. L. (2016) Proposal of a super trait for

the optimum selection of popcorn progenies based on path analysis. *Genetics and Molecular Research*, 15 (4): 1-9. <https://doi.org/10.4238/gmr15049309>.

Bekavac, G., Stojaković, M., Jocković, D., Boćanski, J., Purar, B. (1998) Path Analysis of Stay-Green Trait in Maize. *Cereal research communications*. 26: 161-167. <https://doi.org/10.1007/BF03543483>.

Blecher, B. (2019) *Brasil já é segundo maior produtor de milho-pipoca do mundo*. Editora globo. Disponível em: <https://globorural.globo.com/Colunas/bruno-blecher/noticia/2019/05/brasil-ja-e-segundo-maior-produtor-de-milho-pipoca-do-mundo.html#:~:text=Hoje%2C%20Brasil%20%C3%A9%20o%20segundo,Par ecis%2C%20oeste%20de%20Mato%20Grosso>. Acesso em: 14 de jan. 2022.

Brugnera, A., Pinho, R. G. V., Pacheco, C. A. P., Alvarez, C. G. D. (2003) Resposta de cultivares de milho-pipoca a doses de adubação de semeadura. *Ceres*, 50 (290): 417-429.

Cabral, P. D. S., Amaral Júnior, A. T., Freitas, I. L. J., Ribeiro, R. M., Silva, T. R. C. (2016) Relação causa e efeito de caracteres quantitativos sobre a capacidade de expansão do grão em milho-pipoca. *Ciência Agronômica*. 47 (1): 108-117. <https://doi.org/10.5935/1806-6690.20160013>.

Cargnelutti Filho, A., Toebe, M., Burin, C., Silveira, T. R., Casarotto, G. (2010) Tamanho de amostra para estimação do coeficiente de correlação linear de Pearson entre caracteres de milho. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*. 45 (12):1363-1371. <https://doi.org/10.1590/S0100-204X2010001200005>.

Carneiro, A. R. T. (2020) *Parâmetros genéticos, análise de trilha e estratégias de Seleção em populações segregantes de soja*. Tese (Doutorado em área de concentração em Fitotecnia – Uberlândia, MG, Universidade Federal de Uberlândia, 143p.

- Carvalho, S. P. (1995) *Métodos alternativos de estimação de coeficientes de trilha e índices de seleção, sob multicolinearidade*. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Viçosa – MG, Universidade Federal de Viçosa, 163p.
- Centro Internacional de Mejoramiento de Maiz y Trigo – CIMMYT. (1994) *Managing trials and reporting data for CIMMYT's international maize testing program*. Mexico, Cimmyt, 23p. <https://repository.cimmyt.org/handle/10883/697?show=full>.
- Ceylan, M. e Karababa, E. (2001) Comparison of sensory properties of popcorn from various types and sizes of kernel. *Journal of the Science of Food and Agriculture*. 82:127-133. <https://doi.org/10.1002/jsfa.1000>.
- Cheverud, J. M. (1988) Comparison of genetic and phenotypic correlations. *Evolution*. 42 (5): 958-968. <https://doi.org/10.1111/j.1558-5646.1988.tb02514.x>.
- Coimbra, J. L. M., Benin, G., Vieira, E. A., Oliveira, A. C., Carvalho, F. I. F., Guidolin, A. F., Soares, A. P. (2005) Consequências da multicolinearidade sobre a análise de trilha em canola. *Ciência Rural*. 35 (2): 347-352. <https://doi.org/10.1590/S0103-84782005000200015>.
- Coimbra, R. R., Miranda, G. V., Viana, J. M. S., Cruz, C. D. (2001) Correlação entre caracteres na população de milho-pipoca DFT 1 – Ribeirão. *Ceres* 48 (278): 427-435.
- Crevelari, J. A., Durães, N. N. L., Bendia, L. C. R., Vettorazzi, J. C. F., Entringer, G. C., Ferreira Júnior, J. A., Pereira, M. G. (2018) Correlations between agronomic traits and path analysis for silage production in maize hybrids. *Bragança*. 77 (2): 243-252. <https://doi.org/10.1590/1678-4499.2016512>.
- Crispim Filho, A. J. (2018) *Estimação de parâmetros genéticos e análise de trilha em uma população de milho com potencial para seleção recorrente*.

Dissertação (Mestre em Genética e Melhoramento de Plantas) – Goiânia, GO, Universidade Federal de Goiás, 95p.

Cruz, C. D., Regazzi, A. J., Carneiro, P. C. S. (2012) *Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético*. 4.ed. Viçosa: Imprensa Universitária, 2004, 514p.

Cruz, C.D., Regazzi, A.J., Carneiro, P.C.S. *Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético*. 3.ed. Viçosa, MG, Universidade Federal de Viçosa, 2004. 480p.

Daros, M., Amaral Júnior, A.T., Pereira, M.G., Santos, F.S., Scapim, C.A., Freitas Júnior, S.P., Daher R.F., Ávila, M.R. (2004) Correlações entre caracteres agronômicos em dois ciclos de seleção recorrente em milho-pipoca. *Ciência Rural*, 34 (5): 1389-1394. <https://doi.org/10.1590/S0103-84782004000500010>.

Dofing, S. M., Mason, N. D., Compton, M. A. T. (1991) Inheritance of expansion volume and yield in two popcorn x dent corn crosses. *Crop Science*, 31 (3): 715-718. <https://doi.org/10.2135/cropsci1991.0011183X003100030035x>.

Editora Gazeta. (2020) *Mato Grosso lidera também no milho-pipoca*. Santa Cruz do Sul - RS. Disponível em: <https://www.editoragazeta.com.br/mato-grosso-lidera-tambem-no-milho-pipoca/>. Acesso em: 14 de jan. 2022.

Entringer, G. C, Santos, P. H. A. D., Vettorazzi, J. C. F., Cunha, K. S., Pereira, M. G. (2014) Correlação e análise de trilha para componentes de produção de milho superdoce. *Ceres*, 61 (3): 356-361. <https://doi.org/10.1590/S0034-737X2014000300009>.

Erwin, A. T. (1949) The Origin and History of Pop Corn, *Zea Mays* L. var. *indurata* (Sturt.) Bailey mut. *everta* (Sturt.) Erwin. *Agronomy journal*, 41 (2): 53-56. <https://doi.org/10.2134/AGRONJ1949.00021962004100020001X>.

Falconer, D. S. (1960) *Introduction to Quantitative Genetics*. 1. ed. Ronald Press, New York, 384p.

- Falconer, D. S., Mackay, T. F. C. (1996) Introduction to quantitative genetics. 4. ed. London, Longman Malaysia, 463p.
- Ferreira, E.B., Cavalcanti, P.P., Nogueira, D.A. (2021) *ExpDes.pt: Pacote Experimental Designs (Portugues)*. R package version 1.2.2. <https://CRAN.R-project.org/package=ExpDes.pt>.
- Gama, E. G., Magnavaca, R., Silva, J. B., Sans, L. M. A., Viana, P. A.; Panrentoni, S. N.; Pacheco, C. A. P.; Correa, L. A.; Fernandes, F. T. (1990) Milho-pipoca. *Informe Agropecuário*, 14 (165): 339-348.
- Granate, M. J., Cruz, C. D., Pacheco, C. A. P. (2002) Predição de ganhos em famílias de meios irmãos do milho-pipoca CMS 43. *Ciência e Agrotecnologia*, 26 (6): 1228-1235.
- Guadagnin, J. P. (2002) Milho pipoca. 2. ed. Porto Alegre: FEPAGRO, Circular técnica 09, 11p.
- Hallauer, A. R. Carena, M. J., Miranda Filho, J.B. (2010) *Quantitative Genetics in Maize Breeding*. 3. ed. Springer, New York, NY, 663p. <http://doi.org/10.1007/978-1-4419-0766-0>.
- Hallauer, A.R., Miranda Filho, J.B. (1988) *Quantitative genetics in maize breeding*. 2. ed. Iowa State University Press, 468 p.
- Hoseney, R. C., Zeleznak, K., Abdelrahman, A. (1983) Mechanism of popcorn popping. *Journal of Cereal Science*, 1 (1): 43 – 52. [https://doi.org/10.1016/S0733-5210\(83\)80007-1](https://doi.org/10.1016/S0733-5210(83)80007-1).
- Kassambara, A. (2022) ggcorrplot: Visualization of a Correlation Matrix using 'ggplot2'. R package version 0.1.4. <https://CRAN.R-project.org/package=ggcorrplot>

- Kurosawa, R.N.F., Amaral Junior, A.T., Vivas, J.M.S., Guimarães, A.G., Miranda, S.B., Dias, V.M., Scapim, C.A. (2017) Potential of popcorn germplasm as a source of resistance to ear rot. *Bragantia*, 76 (3):378-385.
- Lyerly, P.J. (1942) Some genetic and morphological characters affecting the popping expansion of popcorn. *Journal American Society of Agronomy*, 34: 986-995.
- Machado, J. R. A.; Bermudez, F. (2020) Cultivares. In: Eicholz, E. D., Bredemeier; E. D. E. C.; Bermudez, F.; Machado, J. R. A.; Garrafa, M.; Bispo, N. B.; Aires, R. F., *Informações técnicas para o cultivo do milho e sorgo na região subtropical do Brasil: safras 2019/20 e 2020/21*. Sete Lagoas: Associação Brasileira de Milho e Sorgo, p.112 – 123.
- Martins, M. E. G. (2014) Coeficiente de correlação amostral, *Ciência Elementar*, 2 (02): 0- 42. <http://doi.org/10.24927/rce2014.042>.
- Matta, F. P., Viana, J. M. S. (2001) Testes de capacidade de expansão em programas de melhoramento de milho-pipoca. *Scientia Agricola*, 58 (4): 845-851. <https://doi.org/10.1590/S0103-90162001000400029>.
- Ministério da Agricultura e Pecuária - MAPA. *Registro nacional de cultivares–RNC*. Disponível em: https://sistemas.agricultura.gov.br/snpc/cultivarweb/cultivares_registradas.php?txt_ordem=&cod_especie=5440&postado=1&acao=pesquisar. Acesso em: 27 de jan. 2023.
- Montgomery, D. C., Peck, E. A., Vining, G. G. (2012) *Introduction to Linear Regression Analysis*. 5. ed. New York: John Wiley e Sons, 679p.
- Montgomery, D.C., Peck, E.A. (1981) *Introduction to linear regression analysis*. New York: J. Wiley. 504p.

- Nogueira, A. P. O., Sedyama, T., 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. *Bioscience Journal*, 28 (6): 877-888.
- Oliveira, A. L. B., Rodrigues, C. S., Silva, G. A. P., Sawazaki, E., Barros, V. L. N. P., Paterniani, M. E. A. G. Z. (2022). Combining ability and potential of s1 popcorn progênies for early selection. *Acta Scientiarum. Agronomy*, 44 (1): 1-9. <https://doi.org/10.4025/actasciagron.v44i1.55194>.
- Oliveira, G. H. F. (2016) *Capacidade combinatória e correlação em populações de milho-pipoca*. Tese (Doutor em Genética e Melhoramento de Plantas) – Jaboticabal, SP, Universidade Estadual Paulista, 50p.
- Oliveira, G. H. F., Pelegrini, G., Oliveira, T. R. A., Carvalho, M. N., Môro, G. V. (2020) Path correlation and Bayesian analysis on popping expansion components in popcorn hybrids. *Agronomía Colombiana*. 38 (1): 3-8. <https://doi.org/10.15446/agron.colomb.v38n1.80462>.
- Olivoto, T., and Lúcio, A.D. (2020). Metan: an R package for multi-environment trial analysis. *Methods Ecol Evol*. 11: 783-789. <https://doi.org/10.1111/2041-210X.13384>.
- Paterniani, M. E. A. G. Z., Fachini, C., Rodrigues, C. S. (2020) Innovation and specialty maize breeding for market niches in the state of São Paulo. *Brazilian Journal of Maize and Sorghum*, 19: 1-19 <https://doi.org/10.18512/rbms2020v19e1202>.
- Pereira Filho, I. A., Cruz, J. C., Pacheco, C. A. P., Costa, R. V. (2021) Árvores do Conhecimento: Milho-Pipoca. Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária - Embrapa. Brasília, DF.
- Pípolo, V. C., Takahashi, H. W., Endo, R. M., Petek, M. R., Seifert, A. L. (2002) Correlações entre caracteres quantitativos em milho-pipoca. *Horticultura*

Brasileira, 20 (4): 551-554. <https://doi.org/10.1590/S0102-05362002000400008>.

Rangel, R. M., Amaral Júnior, A. T., Freitas Júnior, S. Paiva. (2011) Associação entre características agronômicas e capacidade de expansão em população de milho-pipoca sob seleção recorrente. *Ciência e Agrotecnologia*, 35 (2): 225-233. <https://doi.org/10.1590/S1413-70542011000200001>.

Ribeiro, R. M. (2011) *Ganhos genéticos em geração avançada de seleção recorrente na variedade de milho-pipoca UENF explosiva*. Dissertação (Mestre em Genética e Melhoramento de Plantas) - Campos dos Goytacazes, RJ, Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, 88p.

Rios, S. A., Borém, A., Guimarães, P. E. O., Paes, M. C. D. (2012) Análise de trilha para carotenoides em milho. *Ceres*, 59 (3): 368-373. <https://doi.org/10.1590/S0034-737X2012000300011>.

Rojas, B. B. (2017) Diversidade e estrutura genética de variedades crioulas de milho-pipoca conservadas por agricultores familiares dos municípios de Anchieta e Guaraciaba no extremo oeste de Santa Catarina. Dissertação (Mestre em Recursos Genéticos Vegetais) – Florianópolis, SC, Universidade Federal de Santa Catarina, 96p.

Saito, M. A., Alves, A. V., Kuritza, D. P., Souza, Y. P., Maioli, M. F. S. D., Amaral Júnior, A. T., Bento, A. C., Scapim, C. A., Pinto, R. J. B. (2021). Influence of agronomic and kernel-related properties on popping expansion in popcorn. *Agronomy Journal*, 113 (3): 2260–2272. <https://doi.org/10.1002/agj2.20645>.

Samecima Junior, E. H. (2018) Índice de vegetação por diferença normalizada e caracteres agronômicos em genótipos de milho. Dissertação (Mestre em Genética e Melhoramento de Plantas) - Jaboticabal, SP, Universidade Estadual Paulista, 29p.

- Sawazaki, E. M., Jener, F. L., Lago, A. A. (1986) Influência do tamanho e umidade do grão na expansão da pipoca South American Mushroom. *Bragantia*. 45 (2): 363-370. <https://doi.org/10.1590/S0006-87051986000200014>.
- Schwantes, I.A., Amaral Júnior, A.T., Vivas, M., Almeida Filho, J.E.D., Kamphorst, S.H., Guimarães, A.G., Khan, S. (2018) Inheritance of resistance to *Fusarium* ear rot in popcorn. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, 18 (1):81-88. <https://doi.org/10.1590/1984-70332018v18n1a11>.
- Toebe, M., Cargnelutti Filho, A. (2013) Não normalidade multivariada e multicolinearidade na análise de trilha em milho. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, 48 (5): 466-477. <https://doi.org/10.1590/S0100-204X2013000500002>.
- Vencovsky, R., Barriga, P. *Genética biométrica no fitomelhoramento*. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 1992. 496p.
- Vilarinho, A. A. (2001) Seleção de progênes endogâmicas S1 e S2 em programas de melhoramento intrapopulacional e de produção de híbridos de milho-pipoca (*Zea mays* L.). Tese (Doutor em genética e melhoramento) – Viçosa, MG, Universidade Federal de Viçosa, 79p.
- Wickham, H., Averick, M., Bryan, J., Chang, W., McGowan, L.D., François, R., Grolemond, G., Hayes, A., Henry, L., Hester, J., Kuhn, M., Pedersen, T.L., Miller, E., Bache, S.M., Müller, K., Ooms, J., Robinson, D., Seidel, D.P., Spinu, V., Takahashi, K., Vaughan, D., Wilke, C., Woo, K., Yutani, H. (2019) “Welcome to the tidyverse.” *Journal of Open Source, Software* 4 (43), 1686. <https://doi.org/10.21105/joss.01686>.
- Wright, S. (1921) Correlation and causation. Senior Animal Husbandman in Animal Genetics, Bureau of Animal industry. *Journal of Agricultural Research*, 20 (7): 557-585.

Ziegler, K. E. (2001) Popcorn. In: Hallauer, A. R. *Specialty corns*. 2.ed. Boca Raton, Florida, p.205-233.

Zuber, M. S. (1942) Relative efficiency of incomplete block designs using corn uniform trial data. *Journal of the American Society of Agronomy*, 34 (1): 30-47.
<https://doi.org/10.2134/agronj1942.00021962003400010004x>.

APÊNDECES

Tabela suplementar 1. Descrição dos genótipos avaliados na safra de inverno.

Genealogia/ Descendência	Experimento 1	Experimento 2	Experimento 3	Experimento 4
Beija-Flor ¹	L52/L54/L59	L59	L59	L55/L59
Angela ²	L61/L65/L69/ L70	L63	L66/ L70/ L71	L70
Viçosa-Viçosa ¹	L74/L75/L80	L70/L80	L80	L80/L88
IAC 125 ³	L202/L203/L205/ L209/L214/ L215/L216/L217 /L220	L212	L213/L219/L221 L222	L201/207
BOZM.260 ⁴	L231/L241	L232/L237	-	L236 /L238
PARA 172 ⁵	L274	L261/266/L268/ L270	L263/L271	L265/L272
URUG298 ⁶	L292/L300	L291/ L294/ L295	-	L297/L298
Barão de Viçosa ¹	L324	L328	L322/L325/ 326/ L330/ L332	-
PR 023 ⁷	L353	L363/L366/L367	L351/L352/L354/ L357/ 358/L364	-
SAM ⁸	L383/L394	L385/L386/L391	L381/L388/L396	L390/L393/L395
BOYA 462 ⁹	L441	L444	-	-
SE 013 ⁷	-	L471/L474	L477	L478
PA 170 ROXO ⁶	-	-	L510	L511/L512
ARZM 07 049 ¹⁰	-	L534	L652	-
ARZM 05 083 ¹⁰	L562	-	-	L563
RS 20 ¹¹	L594	-	-	L591
PA 091 ⁷	-	L623/L625/L626/ L630	-	L624/L629
ARZM 13 050 ¹⁰	L654/L656	-	L655	-
UENF 14 ¹²	L688/L689/L691	L692	L681/L684/L693/ L694	L682/L683/L685/ L686/L690 /L695/L699
Híbrido Zélia ¹³	-	-	-	P1
CMS-42 ¹³	-	-	-	P2/P3
Híbrido Zaeli ¹⁴	-	-	P5	P6
Híbrido IAC112 ¹⁵	-	P10	-	P8
Total	36	31	34	35

Instituição de Desenvolvimento/Origem: ¹UFV, Viçosa; ² Sete Lagoas, Embrapa; ³Campinas, São Paulo; ⁴Bolívia (CIMMYT); ⁵Paraguai (CIMMYT); ⁶Uruguai (CIMMYT); ⁷UEM, Maringá, Paraná; ⁸América do Sul/EUA; ⁹Colômbia (CIMMYT); ¹⁰Argentina (CIMMYT); ¹¹IPAGRO, Porto Alegre; ¹²UENF, Rio de Janeiro; ¹³Repositório UFV; ¹⁴Repositório UEM; ¹⁵IAC Repositório UFV.

Tabela suplementar 2. Descrição dos genótipos avaliados na safra de verão.

Genealogia/ Descendência	Experimento 5	Experimento 6	Experimento 7
Beija-Flor ¹	L51/L54/L59	L59	-
Angela ²	L61/L65/L69/L70	L63/L70	L70
Viçosa-Viçosa ¹	L80	-	L76/L80
IAC 125 ³	L202/L205/L209/L214/ L215/L216/L217/L220	-	L204/L206/L208
PARA 172 ⁵	-	L261/L266/ L268/L270	L273
URUG298 ⁶	L292	L291	-
Barão de Viçosa ¹	L324	L328	-
PR 023 ⁷	L353	L359/L363/L366/ L367	-
SAM ⁸	L383/L394	L386/L391	L382/L389
SE 013 ⁷	-	L471/L474	L472/L476/L480/ L481/L483
PA 170 ROXO ⁶	-	-	L501/L502/L507/ L508/L509/L513
ARZM 07 049 ¹⁰	-	-	L535
ARZM 05 083 ¹⁰	L562	-	-
RS 20 ¹¹	L594	-	-
PA 091 ⁷	-	L623/L625	-
UENF 14 ¹²	L688/L689/L691	L692	-
SAM ¹⁴	-	-	P4
Híbrido IAC112 ¹⁵	-	P10	P9
Total	26	21	23

Instituição de Desenvolvimento/Origem: ¹UFV, Viçosa; ²Sete Lagoas, Embrapa; ³Campinas, São Paulo; ⁵Paraguai (CIMMYT); ⁶Uruguai (CIMMYT); ⁷UEM, Maringá, Paraná; ⁸América do Sul/EUA; ¹⁰Argentina (CIMMYT); ¹¹IPAGRO, Porto Alegre; ¹²UENF, Rio de Janeiro; ¹⁴Repositório UEM; ¹⁵IAC Repositório UFV.