

HÉDER HENRIQUE RIBEIRO FARIA

**SELEÇÃO DE LINHAGENS ELITES DE MILHO-PIPOCA COM BASE NO
DESEMPENHO E NA GENEALOGIA DE PROGÊNIES E PLANTAS S₅**

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

VIÇOSA
MINAS GERAIS – BRASIL
2004

HÉDER HENRIQUE RIBEIRO FARIA

**SELEÇÃO DE LINHAGENS ELITES DE MILHO-PIPOCA COM BASE NO
DESEMPENHO E NA GENEALOGIA DE PROGÊNIES E PLANTAS S₅**

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

APROVADA: 25 de novembro de 2004.

Prof. Paulo Roberto Cecon
(Conselheiro)

Prof. Cosme Damião Cruz
(Conselheiro)

Prof. Glauco Vieira Miranda

Dra. Maria José B.S.G.S Marques

Prof. José Marcelo Soriano Viana
(Orientador)

A Deus.

À minha família.

Aos meus pais Jandir e Célia.

AGRADECIMENTOS

À Universidade Federal de Viçosa, pela oportunidade de realizar este Curso.

Ao CNPq, pelo auxílio financeiro.

Ao meu orientador, professor José Marcelo Soriano Viana, pela segura orientação, pelo apoio, pela confiança, pela compreensão e pela amizade.

Ao professor Cosme Damião Cruz, pelas valiosas sugestões, pelas críticas, pelo apoio e pela amizade.

Aos professores Paulo Roberto Cecon e Glauco Vieira Miranda e à Dra. Maria José B.S.G.S Marques, pelas apreciações e pelas valiosas sugestões.

Aos amigos Aloisio, Aurinelza, Emmanuel, Frederico, João, Mauro, Tassiano e Silvestre, pela colaboração e pela agradável convivência.

À todos os amigos, com os quais convivi desde os tempos de graduação, e aos tantos companheiros de república.

Aos funcionários Vicente, Márcio e Antônio, pelos esforços despendidos nos trabalhos de campo.

Aos funcionários da secretaria, Paulo, Conceição e Rita, pela atenção e pela amizade.

Aos novos colegas de profissão, Adilson, Florisvaldo, Gérson, Jess, Marco Túlio, Washington, e demais amigos que conheci nesta nova etapa da minha vida.

Ao meu Irmão, Vinícius, que foi meu ponto de apoio em Viçosa, e que sem o qual, seria muito mais difícil concluir este trabalho.

A todos que colaboraram para realização deste trabalho, minha sincera gratidão.

BIOGRAFIA

HÉDER HENRIQUE RIBEIRO FARIA, filho de Jandir de Faria e Célia Ribeiro de Faria, nasceu na cidade de Dores do Indaiá - MG, em 3 de fevereiro de 1980.

Realizou os estudos primários nas Escolas Estaduais Benjamim Guimarães e Dr. Zacarias, finalizando o primeiro grau na Escola Estadual Francisco Campos, no ano de 1994. Em 1997 concluiu o ensino médio na mesma escola.

Em setembro de 2002, obteve o diploma de Engenheiro Agrônomo, pela Universidade Federal de Viçosa.

Em 2002 iniciou o Programa de Mestrado em Genética e Melhoramento, pela mesma instituição, com ênfase em Genética Quantitativa e Melhoramento de Milho-Pipoca, submetendo-se à defesa de tese em novembro de 2004.

CONTEÚDO

RESUMO	ix
ABSTRACT	xi
1. INTRODUÇÃO	1
2. REVISÃO DE LITERATURA	3
2.1. Milho-pipoca	3
2.2. Melhoramento populacional utilizando famílias endogâmicas	6
2.3. Obtenção de linhagens	9
2.4. Híbridos de milho	12
3. MATERIAL E MÉTODOS	16
3.1. Material	16
3.2. Métodos	16
3.2.1. Análises de variância	23
3.2.2. Estimação de parâmetros genéticos	24
3.2.2.1. Variâncias genotípicas entre e dentro de famílias	24

3.2.2.2. Herdabilidades	24
3.2.2.3. Correlações genótípicas	24
3.2.3. Estratégias de seleção	25
3.2.3.1. Seleção massal	25
3.2.3.2. Seleção entre com base no melhor indivíduo da família	25
3.2.3.3. Seleção entre e dentro de famílias	25
3.2.3.4. Seleção entre famílias	26
3.2.3.5. Seleção utilizando o índice de Mulamba e Mock	26
3.2.3.5.1. Seleção com base em CE de parcela e CE de planta autofecundada	26
3.2.3.5.2. Seleção com base em CE e produção de planta autofecundada	26
3.2.3.5.3. Seleção com base em CE, produção e genealogia de planta autofecundada	27
3.2.4. Ganhos genéticos	27
3.2.5. Avaliação dos cinco ciclos de seleção	28
4. RESULTADOS E DISCUSSÃO	29
4.1. Análises de variância	29
4.2. Estimativas de parâmetros genéticos	32
4.2.1. Variâncias genótípicas entre famílias e herdabilidades ao nível de família	32
4.2.2. Correlações genótípicas entre caracteres	33
4.2.3. Variâncias genótípicas, herdabilidades e correlação, usando os dados de plantas autofecundadas	33
4.3. Seleção e ganhos genéticos preditos	34
4.3.1. Seleção visando o melhoramento populacional	34
4.3.2. Seleção visando obtenção de linhagens elites	36
4.3.2.1. Seleção massal	36
4.3.2.2. Seleção entre com base no melhor indivíduo da família	36

4.3.2.3. Seleção entre e dentro de famílias	38
4.3.2.4. Seleção entre famílias	38
4.3.2.5. Seleção utilizando o índice de Mulamba e Mock	39
4.3.2.5.1. Seleção com base em CE de parcela e CE de planta autofecundada	39
4.3.2.5.2. Seleção com base em CE e produção de planta autofecundada	40
4.3.2.5.3. Seleção com base em CE, produção e genealogia de planta autofecundada	42
4.4. Obtenção das linhagens elites	42
4.5. Linhagens superiores para formação de sintético	47
4.6. Avaliação dos cinco ciclos de seleção	48
5. RESUMO E CONCLUSÕES	50
6. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	52

RESUMO

FARIA, Héder Henrique Ribeiro, M.S., Universidade Federal de Viçosa, novembro de 2004. **Seleção de linhagens elites de milho-pipoca com base no desempenho e na genealogia de progênies e plantas S₅**. Orientador: José Marcelo Soriano Viana. Conselheiros: Cosme Damião Cruz e Paulo Roberto Cecon.

Com o objetivo de selecionar linhagens elites para obtenção de híbridos e sintéticos, foram avaliadas 144 famílias S₅ da população de milho-pipoca Beija-Flor. O experimento foi realizado no campo experimental do Setor de Genética do Departamento de Biologia Geral. Foi utilizado o delineamento em blocos incompletos, repetindo-se as testemunhas a cada 10 progênies. Foi verificada variabilidade genética para altura de planta, proporção de espigas atacadas por doenças, proporção de espigas atacadas por pragas e capacidade de expansão (CE). Não foi observada variabilidade genética significativa para produção. As famílias apresentaram média de produtividade de 1.791 kg/ha, satisfatória, visto que estas possuem alto grau de endogamia. Para a capacidade de expansão, foram observados valores médios de 30,29 mL/g, sendo encontrados valores de até 44,67 mL/g, acima daqueles obtidos por cultivares comerciais. As herdabilidades encontradas para CE, para famílias, e para plantas autofecundadas, foram, respectivamente, 60% e 66%. Visando o melhoramento populacional, foi

realizada seleção com base no índice de Mulamba e Mock, com pesos 3 e 1 para CE e produtividade, respectivamente. Como o ganho predito para CE, utilizando-se o índice, foi equivalente a 95% do ganho com seleção direta para a característica, sendo este de 1,74 mL/g, e apesar de não ser possível estimar os ganhos preditos para produção, foi observado aumento significativo na média da produção das plantas selecionadas, de 482 kg/ha. Deste modo, optou-se pela seleção com base no índice de Mulamba e Mock. Para selecionar as linhagens elites, visando obtenção de híbridos, foram utilizadas diversas estratégias, sendo elas: seleção massal; seleção entre com base no melhor indivíduo da família; seleção entre famílias endogâmicas; seleção entre e dentro de famílias endogâmicas; e três estratégias utilizando o índice de Mulamba e Mock – seleção com base em CE de parcela e CE de planta autofecundada, com pesos 1 e 3, respectivamente; seleção para produção e CE de planta autofecundada, com pesos 1 e 3, respectivamente; e seleção com base em CE, produção e genealogia de planta autofecundada, com pesos iguais para as três características. Depois de consideradas todas as estratégias, foi observado que 17 famílias ou plantas (dependendo da estratégia) eram comuns a pelo menos duas das estratégias. Desta forma, optou-se por selecionar entre estas, as 14 famílias de maior destaque, para a obtenção das linhagens, visto que as mesmas são consistentemente superiores, pois aparecem em mais de uma das estratégias. Para a formação de sintético, foram selecionadas 30 famílias, sendo estas as 14 selecionadas para obtenção de híbridos e outras 16 que mais se destacaram nas várias estratégias. Foi realizado um estudo sobre a eficiência do processo seletivo e pôde-se concluir que, de uma maneira geral, o que parece ser mais adequado seria selecionar um maior número de famílias e dentro das famílias superiores, selecionar todas as plantas superiores. Já para aquelas famílias de menor desempenho, comparativo às melhores, selecionar pelo menos uma planta superior dentro das mesmas.

ABSTRACT

FARIA, Héder Henrique Ribeiro, M.S., Universidade Federal de Viçosa, November 2004. **Selection of elites lines of popcorn with base in the performance and pedigree of families and plants S₅**. Adviser: José Marcelo Soriano Viana. Committee members: Cosme Damiano Cruz and Paulo Roberto Cecon.

With the objective to select ancestries elites for attainment of synthetic and hybrids, 144 S₅ families of population had been evaluated Beija-flor maize-popcorn. The experiment was carried out in the experimental field of the Sector of Genetics of the Department of General Biology. It was used the delineation of incomplete block-type, happening again the witnesses to each 10 lineages. It was verified genetic variability only for height of plant, ratio of spikes attacked for illnesses, ratio of spikes attacked for plagues and capacity of expansion. Variability for production was not observed, however, this does not mean that the same one does not exist. In average, the production presented for the families was satisfactory, for as much these possess high degree of endogamy. For the question quality, raised values had been observed, being found values above of those gotten by commercial cultivating. The inheritance found for CE, as much for families, as for self-fertilized plants, had been similar, being a little superior for the self-fertilized plants. Aiming the population improvement, the index of

Mulamba and Mock was carried out by election on the basis of, weights 3 and 1 for CE and production, respectively. As the profit predicted for CE, using itself the index, was equivalent 95% of the profit with direct election for characteristic, being this 1,74 mL/g, and although not to be possible esteem the profits predicted for production, a significant increase in the average of the production of the selected plants was observed, being this of 482 kg/ha. In this way, the index of Mulamba and Mock was opted on the basis of to the election. To select the elites ancestries for attainment of hybrids, diverse strategies had been used, being they: massal election, election on the basis of the best individual of the family, election between the endogamy's families, election inside the endogamy's families, and three strategies using the index of Mulamba and Mock, being they: election for CE of parcel and CE of self-fertilized plant, with weights 1 and 3, respectively; election for production and CE of self-fertilized plant with weights 1 and 3, respectively; and CE election, production and genealogy of plant on the basis of self-fertilized, with equal weights for the three characteristics. After considered all the strategies, it was observed that 17 families or plants (depending on the strategy) were common at least the two of the strategies. Of this form, it was opted to selecting between these, the 14 families with bigger prominence, for the attainment of the ancestries, in as much as the same ones must exactly be superior; therefore appear more than in one of the strategies. For the formation of the synthetic one, 30 families had been selected, being these, the 14 selected for attainment of hybrids and others 16 of bigger prominence inside the vary strategies. Was carried out a study about the efficiency of the selective process, and it could conclude that, in a general way, what more seems to be suitable would be to select a bigger number of families and inside the superior families, select all the superior plants. Then for those families of lesser performance, comparative degree to the best ones, select at least one superior plant inside the same ones.

1. INTRODUÇÃO

O milho-pipoca, um dos tipos especiais pertencentes à espécie *Zea mays* L., tem como principal característica a capacidade de expandir seus grãos, quando aquecidos. A importância deste tipo vem do fato de ser uma excelente fonte de energia, pois apresenta um alto nível de carboidratos, principalmente amido, e fibras, bem como outros componentes, tais como proteínas, óleos e vitaminas. Sua origem é bastante discutida, mas pode-se afirmar que já era conhecido e cultivado pelos indígenas muito antes do descobrimento das Américas. MEZZACAPPA (1959) cita que o milho-pipoca passou a ter interesse comercial nos Estados Unidos a partir de 1890. Com o invento de máquinas elétricas para o pipocamento, em meados do século passado, aumentou-se muito a produção e o consumo.

De acordo com ZIEGLER e ASHMAN (1994) os Estados Unidos da América são o maior produtor mundial de milho-pipoca, sendo que em 1990 foram colhidas mais de 380.000 toneladas de grãos, movimentando uma indústria que faturou cerca de 1,155 bilhão de dólares. No Brasil o consumo de milho-pipoca ainda é muito pequeno, quando comparado ao dos Estados Unidos e da Inglaterra, o qual está em torno de 65.000 a 70.000 t/ano. Empresas como Yoki e Hikari, que utilizam sementes de híbridos norte-

americanos, são responsáveis por mais da metade da produção nacional. Na opinião de SAWASAKI (1996) o milho-pipoca não recebeu no Brasil a mesma atenção dada ao milho comum e a pequena quantidade de pesquisadores e instituições envolvidos com essa cultura não foi suficiente para dar contribuição substancial ao progresso de seu melhoramento.

A obtenção de milho híbrido, processo utilizado desde a década de 1930 no melhoramento do milho-pipoca, foi responsável pelo grande progresso obtido nessa cultura, nos Estados Unidos, para produtividade e qualidade da pipoca (ZIEGLER e ASHMAN, 1994). Sua utilização no melhoramento do milho-pipoca é recente no Brasil, embora o primeiro programa de milho híbrido seja de 1932, do Instituto Agrônomo (KRUG et al., 1943). A utilização de híbridos está associada ao tamanho da propriedade, à renda 'per capita' do produtor, à infra-estrutura e ao investimento em pesquisa. O uso reduzido de híbridos está associado basicamente ao elevado preço da semente (MORRIS, 2001) e, em parte, à pequena diferença entre o desempenho dos híbridos e das variedades de polinização livre, diante das difíceis condições dos trópicos. Contudo, tem sido amplamente provado que os híbridos são superiores às variedades de polinização livre sob condições tropicais mais favoráveis (VASAL et al., 1995). A necessidade de obtenção de híbridos de milho-pipoca no Brasil, que possam competir com os híbridos norte-americanos, tem despertado o interesse de melhoristas nesta área, mas para que bons resultados sejam obtidos é indispensável a obtenção de linhagens que se combinem bem.

Os programas públicos de melhoramento, como os do Instituto Agrônomo de Campinas, da Embrapa Milho e Sorgo, da Universidade Federal de Viçosa, entre outros, podem contribuir com pesquisas que venham reduzir as importações de sementes e grãos, fortalecendo a cadeia agroindustrial do milho-pipoca no país.

Os objetivos deste trabalho foram selecionar com base no desempenho e na genealogia de progênies e plantas S_5 , linhagens elites da população de milho-pipoca Beija-Flor, visando obtenção de híbridos e sintéticos, e avaliar a eficiência de cinco ciclos de seleção entre e dentro de famílias endogâmicas.

2. REVISÃO DE LITERATURA

2.1. Milho-pipoca

A origem do milho-pipoca confunde-se com a dos outros tipos de milho. É certo, entretanto, que era utilizado pelos índios americanos bem antes da chegada de Colombo à América. Sabe-se, também, que as práticas de aquecer e estourar o milho eram mais comuns entre as tribos das Américas Central e do Sul, que entre as tribos da América do Norte. Apesar das várias hipóteses sugeridas, as constantes associações ao milho-pipoca, dos materiais pré-históricos já localizados, deixam a certeza de que este tipo de milho participou de forma marcante na formação da espécie *Zea mays* L. (GAMA et al., 1990).

A cultura do milho-pipoca é típica do continente americano. Como os grãos são utilizados exclusivamente para o consumo humano, tem-se observado maior preocupação com qualidade. Constitui-se numa boa opção econômica para os produtores, e sua venda gera divisas em todo o mundo. No Brasil, em razão da importação de grãos de excelente qualidade, dos Estados Unidos e da Argentina, e também devido ao lançamento recente de variedades nacionais, este mercado encontra-se em expansão. Como é o mercado que determina os rumos da agricultura, seu cultivo tende a

expandir-se. Para isso, conta com alguns fatores favoráveis: a cultura pode ser totalmente mecanizada e seus preços não são controlados pelo governo. Além disso, seu preço tem sido no mínimo três vezes superior ao do milho comum. Em consequência, a qualidade do milho-pipoca tem melhorado gradualmente nos últimos anos, embora não existam padrões oficiais de qualidade para este e para a maioria dos produtos vegetais produzidos no país.

O milho-pipoca pode ser uma alternativa para a diversificação na agricultura familiar, pela facilidade de agregação de valores ao produto. Os cultivares de milho-pipoca, em relação aos de milho comum, caracterizam-se por apresentar plantas de colmo mais fino, com menor número de folhas e prolíficas. Os principais problemas nas populações de milho-pipoca são a alta susceptibilidade às doenças, principalmente manchas foliares, e as baixas produtividade e qualidade de colmo. Isto se deve ao fato de caracteres agronômicos no milho-pipoca sofrerem menor pressão de seleção do que os caracteres de qualidade da pipoca (ZIEGLER e ASHMAN, 1994).

Em relação aos fatores climáticos, o milho-pipoca, como o comum, não deve ser semeado em locais e/ou épocas onde a temperatura mínima seja inferior a 10 °C e a temperatura máxima ultrapasse 40 °C, sendo a temperatura ideal em torno de 30 °C. Em regiões e/ou épocas onde a precipitação total seja inferior ou superior a 600 mm, porém distribuída em períodos em que o teor de água disponível no solo para a planta seja inferior a 40%, haverá queda na produção da cultura. As adubações de plantio e de cobertura e o controle de pragas e doenças podem ser os mesmos recomendados para o milho comum (GAMA et al., 1990).

A principal característica que separa o milho-pipoca dos outros milhos é o tipo de grão, duro e pequeno, que, aquecido a cerca de 180 °C, estoura, transformando-se em pipoca (ZINSLY e MACHADO, 1987). A capacidade de expansão (CE), a relação entre o volume de pipoca estourada, em mL, e o peso de grãos utilizados, em g, é uma característica poligênica, com estimativas de herdabilidade variando de 70% a 90% (COIMBRA et al., 2001; PEREIRA e AMARAL JÚNIOR, 2001). Esta é afetada pelo equipamento de avaliação, por danos no pericarpo e

endosperma, pelo teor de umidade do grão, pelo processo de secagem, entre outros fatores (DOFING et al., 1991; MACHADO, 1997).

O teor ideal de umidade para o pipocamento varia em função do tamanho da semente, sendo, de maneira geral, o melhor teor em torno de 12% (ZINSLY e MACHADO, 1987). De acordo com SONG e ECKHOFF (1994), para grãos com diâmetro superior a 5,16 mm, a umidade ótima deve ser de 13%. Em relação àqueles com diâmetro inferior a 5,16 mm, a umidade ótima é de 13,5%. Segundo SAWAZAKI (1996), as variedades brasileiras têm seus valores ótimos, para máxima expansão, numa faixa de 11 a 13%.

O teor de umidade na ocasião da colheita tem uma influência bastante significativa na qualidade do milho-pipoca colhido mecanicamente. Para assegurar condições ideais de armazenamento, o teor de umidade deve ser reduzido por meio de secagem artificial. A secagem, dentre outras operações pós-colheita, tem sido considerada um importante fator que influencia a qualidade dos grãos. RUFFATO et al. (2000) observaram que a qualidade do grão foi afetada significativamente pela colheita mecânica e pelo aumento da temperatura do ar de secagem, mas não foi reduzida durante o armazenamento. Os melhores valores de capacidade de expansão, com relação à maioria dos tratamentos, foram obtidos depois de 270 dias de armazenamento.

Normalmente a produtividade de grãos está negativamente correlacionada com a CE (SAWAZAKI, 1995). A CE está condicionada tanto a fatores genéticos, quanto a não genéticos, como as condições de desenvolvimento em campo, de colheita e do pré-processamento.

VILARINHO (2001), avaliando progênies S_1 e S_2 da população de milho-pipoca Beija-Flor, observou correlações negativas entre produção e capacidade de expansão, sendo estas de -0,3904 e -0,3147, respectivamente.

Com o objetivo de determinar as correlações genotípicas, fenotípicas e ambientais entre caracteres quantitativos em milho-pipoca, CARPENTIERI-PIPOLO et al. (2002) avaliaram nove materiais. Os genótipos UEL ZP, UEL SI e UEL PAP apresentaram os maiores valores de capacidade de expansão (27,50; 27,15 e 24,40 mL/mL, respectivamente) e

número de grãos por volume (244,75; 248,50 e 248,75, respectivamente). A capacidade de expansão revelou correlação fenotípica positiva com o tamanho da pipoca e com o número de grãos por volume, e correlação negativa com peso de grãos por planta. Os caracteres peso de grãos por planta e peso total da espiga revelaram correlações fenotípicas e genotípicas positivas entre si, o que possibilita a utilização de um ou outro na seleção, optando-se pelo que melhor convier aos propósitos do programa de melhoramento.

Avaliando famílias S_4 da população de milho-pipoca Beija-Flor, ARNHOLD (2004) verificou correlação positiva e de magnitude considerável entre produção e CE, sendo esta de 0,42. Isto pode ser explicado pelo fato de sempre se estar realizando seleção para aumento das duas características simultaneamente, ciclo após ciclo. Desta forma, a correlação tende a ficar positiva.

2.2. Melhoramento populacional utilizando famílias endogâmicas

Os principais objetivos do melhoramento do milho-pipoca são aumentar a qualidade da pipoca e a produção de grãos. Em seguida, vêm as melhorias na resistência a doenças e pragas e no tamanho da espiga e do grão (ZIEGLER e ASHMAN, 1994).

Todo método de melhoramento usado para milho normal pode ser empregado em programa de melhoramento do milho-pipoca (ZINSLY e MACHADO, 1987). De acordo com ZIEGLER e ASHMAN (1994), progênies endogâmicas têm sido utilizadas para o melhoramento de populações, principalmente para caracteres de baixa herdabilidade, porque a endogamia faz aumentar a variância genética entre progênies e conduz a um aumento do progresso esperado por seleção. O método requer polinização controlada e o tamanho efetivo é o menor de todos, quando comparado com o mesmo número de progênies selecionadas por outros métodos.

A seleção recorrente foi sugerida como uma maneira de possibilitar o contínuo e progressivo melhoramento de populações, por meio da condução de ciclos sucessivos de seleção. Nesse sistema, procura-se acumular, gradualmente, genes favoráveis na população, mantendo sua

variabilidade genética. Os métodos de seleção recorrente intra e interpopulacionais envolvem o uso de progênies de meios-irmãos, irmãos completos e famílias S_1 e S_2 , constituindo as populações melhoradas fontes importantes para a extração de linhagens em programas de desenvolvimento de híbridos, a médio e longo prazos (HALLAUER e MIRANDA FILHO, 1988).

A seleção com base em famílias endogâmicas é eficiente em melhorar a população 'per se' e em reduzir a depressão por endogamia, principalmente por facilitar a eliminação de genes recessivos deletérios (KRUG, 1943).

A seleção intrapopulacional utilizando famílias endogâmicas consiste em autofecundar as plantas da população, obtendo-se progênies S_1 . Estas são avaliadas em ensaios de produção e quanto a outros caracteres agronômicos. Com base nas avaliações as melhores famílias são identificadas e recombinadas para produzir o ciclo seguinte. Podem-se empregar também progênies S_2 , resultantes da autofecundação de famílias S_1 , esperando-se, assim, aumento na variância entre progênies. Isto requer uma geração adicional. Este método não tem muita aceitação, provavelmente por requerer maior tempo para completar um ciclo e pelas dificuldades inerentes para uma adequada avaliação de progênies endogâmicas. Na Tailândia, JINAHYON e MOORE (1973), após dois ciclos de seleção de famílias S_1 no composto de milho Thay, obtiveram aumento de produção de grãos de 8,3% por ciclo.

VASAL et al. (1995), avaliando quatro populações de milho, chegaram às seguintes conclusões: (i) em geral, a seleção com base em progênies S_3 foi eficiente em aumentar a média de produção das populações, nos dois ciclos de seleção; (ii) as reduções nas estimativas de depressão devida à endogamia, após dois ciclos, evidenciaram que o emprego de um processo de melhoramento intrapopulacional com base em progênies endogâmicas é eficiente em tornar a população superior para obtenção de linhagens; e (iii) os ganhos computados com base em S_1 foram superiores aos calculados considerando a geração Sync-2 (obtida da população melhorada por meio de um ciclo de acasalamentos ao acaso, usando famílias de irmãos completos).

WEYHRICH et al. (1998) compararam a resposta à seleção de sete métodos, sendo seis intra e um interpopulacional, na população de milho BS11. No mínimo quatro ciclos de seleção foram conduzidos para cada um dos seguintes métodos: seleção massal, seleção espiga por fileira modificado, seleção entre famílias de meios-irmãos, seleção entre famílias de irmãos completos, seleção de progênies S_1 e S_2 , e seleção recorrente recíproca. Concluíram que, entre os sete métodos empregados com vistas a melhoramento intrapopulacional, a seleção de progênies S_2 teve a maior resposta para produção de grãos (4,5% por ciclo) e a seleção massal teve a menor (0,6% por ciclo).

Com o objetivo de determinar o número desejável de progênies S_1 para avaliação em programas de seleção recorrente em milho, PINTO et al. (2000) avaliaram 200 progênies provenientes das populações BR105 e BR106. Observaram que as estimativas dos parâmetros genéticos e os intervalos de confiança do caráter peso de espigas se estabilizaram ao redor de 175-200 famílias, em ambas as populações, sendo que 200 progênies seria o tamanho adequado. Quanto à altura da planta, altura da espiga e prolificidade, os tamanhos mínimos são de 125, 125 e 175 famílias S_1 , respectivamente. A estrutura genética das populações não influenciou no tamanho da amostra.

Com uso do índice de Mulamba e Mock, com pesos 10 para CE e 1 para produção, VILARINHO (2001) previu ganhos da ordem de 0,87 mL/g para CE e 61,85 kg/ha para produção, com recombinação de 30 famílias S_1 . Visto que a população já possuía boa produtividade, optou-se por seleção direta para CE, com ganho predito de 1,45 mL/g para CE e diminuição de 26 kg/ha na produção de grãos. Com seleção de progênies S_2 , com pesos 3 para CE e 1 para produção, previu ganhos de 0,78 mL/g e 33,82 kg/ha, para CE e produção, respectivamente.

Selecionando progênies S_2 da população de milho-pipoca Beija-Flor, com o objetivo de obter uma população melhorada, utilizando o índice de Mulamba e Mock com pesos 3 para CE e 1 para produção, SANTOS (2002) previu ganhos em CE e produção de 2,95 mL/g e 102,72 kg/ha.

Com o objetivo de promover o melhoramento da mesma população, com recombinação de famílias S_3 , CÂMARA (2002), utilizando dados de dois

programas, observou que a melhor estratégia de seleção foi o índice de Mulamba e Mock com pesos 3 para CE e 1 para produção de grãos. Os ganhos preditos em CE foram de 2,04 e 2,01 mL/g, e os em produção de 56 e 58 kg/ha, nos programas 1 e 2, respectivamente.

Utilizando seleção recorrente com famílias endogâmicas S_1 da população UNB-2U, DAROS (2003) observou altas herdabilidades para CE e produção, sendo estas de 82,8% e 64,5%, respectivamente. Com seleção de 17% das famílias, e utilizando o índice de Smith e Hazel, obteve ganhos preditos de 17,8% e 26,95% para CE e produção, respectivamente.

Analisando três estratégias de seleção, sendo elas seleção direta para CE, seleção direta para produção e seleção com base no índice de Mulamba e Mock, com pesos 3 e 1 para CE e produção, respectivamente, ARNHOLD (2004) concluiu que a melhor estratégia foi a seleção direta em CE, com ganho genético predito de 4,76 mL/g. O ganho predito indireto em produção foi de 165,16 kg/ha, correspondendo a 31,6% do ganho predito máximo.

2.3. Obtenção de linhagens

Embora requerendo várias gerações para se obter linhagens com alto nível de homozigose, o método genealógico ainda se constitui na essência da obtenção de linhagens, sendo os outros métodos, na sua maioria, modificações deste (PATERNIANI, 1999). Consiste em autofecundar, por sucessivas gerações, plantas selecionadas. As plantas a serem autofecundadas são escolhidas tendo em vista os objetivos do programa de melhoramento. Dados a morfologia dos órgãos reprodutivos da planta de milho e o número de sementes que se consegue com uma única autofecundação, além da relativa facilidade em se treinar pessoal para a execução desse trabalho, é praticamente ilimitado o número de linhagens que se pode obter. As limitações vão se prender mais a fatores posteriores à obtenção, principalmente a avaliação de híbridos e a sua utilização.

As espigas colhidas serão, por sua vez, julgadas, e as selecionadas serão plantadas segundo o esquema de uma espiga por fileira. Na segunda geração selecionam-se as melhores fileiras e, dentro delas, as melhores

plantas, repetindo-se o processo. Segundo PATERNIANI (1999) há uma rápida perda do vigor com as primeiras autofecundações, estabilizando-se em seguida. A partir da sétima geração de autofecundação considera-se a linhagem como “pura” ou homozigótica.

Segundo RADEMACHER et al. (1999) a seleção recorrente recíproca (SRR) não tem sido amplamente adotada pelos melhoristas, simplesmente porque os métodos genealógicos foram eficientes no desenvolvimento de linhagens superiores.

RODRIGUEZ e HALLAUER (1991) selecionaram famílias endogâmicas a partir de um programa de seleção recorrente recíproca, pela avaliação de híbridos $S_0 \times S_0$ a $S_4 \times S_4$. A correlação para rendimento de grãos obtida entre gerações de endogamia variou de 0,87, com híbridos $S_0 \times S_0$, a 0,31, com híbridos $S_4 \times S_4$. Das 20 famílias de irmãos completos mais produtivas em S_0 , apenas três ou quatro seriam selecionadas em S_4 , ocorrendo o mesmo com as 20 linhagens menos produtivas. No entanto, entre as 20 mais produtivas em S_4 não havia nenhuma das 20 menos produtivas em S_0 , o que demonstra a validade do método.

Visando realizar um estudo dos efeitos da depressão endogâmica e avaliar o potencial como fonte de linhagens, SIMON (2000) submeteu oito populações de milho-pipoca a uma geração de autofecundação, comparando-as com as populações originais durante dois anos. No primeiro ano foram observados valores de depressão endogâmica para peso de grãos entre 5,38% (Catedral) e 58,80% (CMS-42), e no segundo ano entre 13,73% (Zaeli) e 67,89% (CMS-42). Para capacidade de expansão, obteve valores de alteração na média populacional entre -9,09% (CMS-43) a 26,09% (Catedral), e entre -14,29% (Catedral) e 27,27% (UEM-M2). Segundo o autor, foram observados menores valores de depressão endogâmica para capacidade de expansão, em relação ao rendimento de grãos, em virtude da predominância de efeitos gênicos aditivos.

FARIAS NETO (2000) avaliou progênies de irmãos completos e S_1 da população de milho ESALQ-PB1, depois de seis ciclos de seleção divergente para tamanho do pendão. Analisando as características altura da planta, altura da espiga, número de ramificações do pendão, comprimento do pendão e peso do pendão, e utilizando as médias das progênies

endogâmicas (m_1) e não endogâmicas (m_0) para estimar a depressão por endogamia ($l = m_1 - m_0$) e a contribuição de homozigotos ($\mu_0 + a^*$) e heterozigotos (d^*) para a média populacional, observou que a depressão por endogamia variou de 1,9 a 15,9%. As estimativas de $\mu_0 + a^*$ e d^* indicaram um menor efeito dos desvios de dominância para todos os caracteres, quando comparados com a contribuição dos homozigotos.

Avaliando progênies S_1 e S_2 obtidas da população de milho-pipoca Beija-Flor, VILARINHO (2001) observou herdabilidades de produção e CE, para as famílias S_1 , de 33,58% e 59,67%, respectivamente. Já para as progênies S_2 as herdabilidades foram de 27,83% e 32,25%, respectivamente. Apesar de terem sido avaliados vários índices de seleção, optou por seleção direta para CE, para seleção de 30 famílias S_1 , com ganho predito de 2,91 mL/g para CE e perda de -52,17 kg/ha para produção. Para as progênies S_2 o índice de Mulamba e Mock com pesos 1 para produção e 10 para CE mostrou ser o mais eficiente para seleção de 60 famílias. O ganho predito em CE foi de 1,33 mL/g, com decréscimo de -30,91 kg/ha em produção.

CABRERA (2001), utilizando 18 linhagens elites de milho, com três gerações de autofecundação, observou que o comportamento das mesmas não foi alterado após cinco gerações de manutenção pelo sistema de inter cruzamento (com no mínimo de 50 cruzamentos dentro de cada linhagem) e seleção moderada dentro da linha, pois não foram observadas mudanças genéticas na versão mantida dessas linhagens, quando avaliadas *per se* e em cruzamentos com testadores de base genética ampla e estreita. Deste modo, devido ao fato da integridade genética das linhagens ter sido mantida por cinco gerações de multiplicação, concluiu ser viável a produção de híbridos simples usando este tipo de linhagem.

PACHECO et al. (2002) observaram reduções na produção de populações de milho, de S_0 para S_1 (média de 10 ambientes), variando de 34,6% (CMS-01) a 59,2% (CMS-30), com uma média de 49,1%. A depressão por endogamia foi maior em populações com uma base genética mais ampla, que nunca tinham sido expostas a autofecundação. Os autores comentam que o uso de parâmetros estimados, gerados por análise de depressão por endogamia, permite fazer conclusões sobre freqüências dos

genes deletérios na população. As freqüências de genes favoráveis nos pais podem ser obtidas por análise de dialelo. A associação destes dois tipos de informação pode prover uma interpretação melhor dos parâmetros genéticos e também pode melhorar o processo de seleção de pais, para o melhoramento intra ou interpopulacional.

Com o objetivo de obter progênies S_3 superiores da população de milho-pipoca Beija-Flor, SANTOS (2002) obteve herdabilidades de 56,9% e 72%, para produção e CE, respectivamente, indicando que o processo de seleção seria eficiente. Com o uso do índice de Mulamba e Mock, com pesos 3 para CE e 1 para produção, observou ganhos em CE e produção de 5,89 mL/g e 205,45 kg/ha, os quais correspondem a 96,7 e 47,3% dos ganhos máximos.

Visando à obtenção de famílias S_4 superiores, utilizando dois programas de obtenção de linhagens, CÂMARA (2002) observou herdabilidades de 81,64% para produção de grãos e de 81,86% para CE, no programa 1, e de 68,95% e 64,81%, para produção e CE, respectivamente, no programa 2. Os ganhos preditos em CE foram de 8,72 e 5,56 mL/g, e em produção de 390 e 176 kg/ha, nos programas 1 e 2, respectivamente, com a utilização do índice de Mulamba e Mock, com pesos 3 para CE e 1 para produção.

Analisando três estratégias para selecionar 70 famílias S_4 superiores, seleção direta em CE, seleção direta para produção e seleção com base no índice de Mulamba e Mock com pesos 3 e 1 para CE e produção, respectivamente, ARNHOLD (2004) observou melhores resultados utilizando seleção direta para CE, com ganho genético predito de 2,57 mL/g. O ganho predito indireto em produção foi de 68,30 kg/ha, correspondendo a 26,5% do ganho máximo.

2.4. Híbridos de milho

Na prática, a utilização de híbridos é a exploração comercial da heterose, ou seja, cruza-se linhagens contrastantes, fazendo-se valer da heterose gerada para obtenção de híbridos superiores. Segundo VASAL et al. (1995), em cerca de 99% da área cultivada com milho nos países desenvolvidos são utilizadas sementes híbridas. Já nos países em

desenvolvimento este valor é expressivamente menor, girando em torno de 39%.

Etimologicamente, o termo híbrido refere-se a qualquer planta produzida a partir de parentais geneticamente diferentes. Com milho este termo indica, geralmente, cruzamento entre linhagens oriundas de populações diferentes, no intuito de se explorar a heterose (performance superior) existente nos cruzamentos (CABRERA, 2001). O número e a composição genética dessas linhagens podem diferir consideravelmente, possibilitando assim a obtenção de diversos tipos de híbridos (HALLAUER et al., 1988). Segundo SOUZA JR. (1992, 1998), os híbridos podem ser divididos em duas categorias: normais e modificados. Os normais referem-se a híbridos produzidos com linhagens não relacionadas, e os modificados a híbridos produzidos com linhagens aparentadas.

Na primeira categoria, híbridos normais, basicamente três tipos são encontrados comercialmente: simples, triplos e duplos. Os simples são produzidos pelo cruzamento de duas linhagens, os triplos são formados pelo cruzamento de um simples e uma linhagem, e os duplos são formados pelo cruzamento de dois simples.

Além dos híbridos normais e modificados, nos quais a situação mais comum é ter-se estes tipos produzidos a partir de linhagens completamente homozigotas ($F = 1$), existem os híbridos de linhagens com endogamia parcial ($0 < F < 1$). Estes híbridos visam diminuir os problemas relacionados com a depressão por endogamia, isto é, redução geral do vigor e da produtividade de uma população, quando submetida à endogamia, que é muito elevada. Linhagens S_1 ou S_2 ainda apresentam muita variabilidade genética dentro, o que poderia dificultar sobremaneira a sua manutenção. Já em linhagens S_3 , em que o coeficiente de endogamia é $F = 0,875$, o que significa que em média 87,50% dos locos estão em homozigose, a variabilidade genética dentro é baixa, o que pode viabilizar o uso deste tipo de linhagens para produzir híbridos simples (SOUZA JR., 1992 e 2001).

A combinação de endogamia e hibridação foi desenvolvida na primeira década do século passado, porém o uso comercial de híbridos de milho ocorreu após 1930. SHULL (1910) verificou que, extraíndo linhagens mediante autofecundações sucessivas e realizando cruzamentos, era

possível selecionar os melhores genótipos e reproduzi-los indefinidamente. Este conceito foi de muito interesse, mas o procedimento não foi adotado devido à depressão por endogamia ser muito pronunciada no milho.

Os híbridos simples não foram aceitos inicialmente pelos agricultores, devido às sementes serem colhidas em linhagens endogâmicas, de produtividade muito baixa e, portanto, de custo elevado. Posteriormente, foram sugeridos os híbridos duplos e triplos, no intuito de diminuir esse custo de produção da semente, uma vez que, ao contrário dos híbridos simples, as sementes são colhidas em híbridos simples, que são muito mais produtivos que as linhagens. Foram sugeridas também diversas modificações na obtenção de híbridos, em função do número de linhagens envolvidas e da relação entre elas (PANDEY, 1998; SOUZA Jr., 1998 e 2001).

Depois que Jones (1918), citado por HALLAUER (1990), sugeriu o uso de híbridos duplos, surgiu um grande interesse pelo potencial dos híbridos em milho. Como a semente dos híbridos duplos seria colhida num híbrido simples, o custo da produção da semente foi reduzido e o preço das sementes tornou-se acessível aos agricultores. A partir de 1922 foi iniciada uma intensiva pesquisa para explorar o potencial dos híbridos e incrementar a produtividade do milho, principalmente nos Estados Unidos.

Os híbridos duplos foram utilizados exclusivamente até a década de 60. No seu desenvolvimento foram utilizados métodos de predição de performance, com base nos dados de capacidade de combinação, isto é, no grau de complementação entre eles (JENKINS, 1934). Devido ao fato dos métodos de seleção genealógica serem efetivos no desenvolvimento de linhagens endogâmicas melhoradas, a partir de cruzamentos de linhagens elites, foi intensificada a produção de híbridos simples a custos aceitáveis.

VILARINHO (2001), avaliando progênies S_1 e S_2 da população de milho-pipoca Beija-Flor, relatou valores médios de CE em S_1 da ordem de 25,37 mL/g. Em S_2 a média de CE foi 27,77 mL/g. De acordo com dados extraídos de folder do híbrido IAC 112, de milho-pipoca, a média de CE desse híbrido está em torno de 34 mL/g, evidenciando a superioridade dos milhos híbridos.

Avaliando famílias S_3 da população de milho-pipoca Beija-Flor, CÂMARA (2002) observou que o híbrido simples IAC 112, mesmo sendo despendoado, mostrou ser, em média, superior em oito unidades para a capacidade de expansão, e 54% mais produtivo, mostrando a superioridade dos híbridos frente às famílias originadas de uma variedade de polinização aberta.

Em um lote de recombinação de 2º ciclo de famílias de meios-irmãos, obtidas da população de milho-pipoca Beija-Flor, PINHEIRO (2004) observou que, para a maioria dos caracteres agronômicos, os valores encontrados para as famílias de meios-irmãos eram próximos aos valores encontrados para o híbrido simples IAC 112. No entanto, para a capacidade de expansão o híbrido obteve uma performance média de 8,5 mL/g acima das famílias testadas.

3. MATERIAL E MÉTODOS

3.1. Material

As famílias S₅ são da população Beija-Flor, do programa de melhoramento de milho-pipoca desenvolvido pelo Setor de Genética, do Departamento de Biologia Geral da Universidade Federal de Viçosa. Suas genealogias estão descritas no Quadro 1.

3.2. Métodos

As 144 progênies foram avaliadas em Viçosa, na safra 02/03, com as testemunhas IAC 112 e Zélia intercaladas a cada 10 famílias. Por ocasião do plantio, foram usados 350 kg/ha da formulação NPK 04-14-08. Cada parcela correspondeu a uma fileira de 5 m, com 30 plantas, e o espaçamento entre fileiras foi de 0,9 m, o que equivale a uma densidade de 66.666 plantas por hectare. As duas fileiras iniciais e finais foram também das testemunhas, definindo estratos de 10 progênies. Na adubação de cobertura foi usado sulfato de amônio, na dosagem de 60 kg/ha. As plantas das testemunhas foram despendoadas, garantindo a recombinação apenas

Quadro 1 – Genealogia das famílias S₅ da população Beija-Flor, segundo VILARINHO (2001), SANTOS (2002), CÂMARA (2002) e ARNHOLD (2004).

Família S ₁	Status	Família S ₂	Status	Status Planta S ₂	Família S ₃	Status	Status Planta S ₃	Família S ₄	Status	Status planta S ₄	Família S ₅
8	Sel.	99-234-1	N. Sel.	N. Sel.	00-9-2	Sel.	Sel.	01-242-2	Sel.	Sel.	02-561-1
										N. Sel.	02-561-3
32	N. Sel.	99-260-2	Sel.	Sel.	00-47-1	Sel.	Sel.	01-263-2	Sel.	N. Sel.	02-469-1
69	N. Sel.	99-770-1	Sel.	Sel.	00-76-3	Sel.	Sel.	01-273-2	Sel.	Sel.	02-440-1
										N. Sel.	02-440-4
77	Sel.	99-294-1	N. Sel.	N. Sel.	00-86-2	N. Sel.	N. Sel.	01-285-1	Sel.	Sel.	02-465-1
93	N. Sel.	99-301-3	Sel.	N. Sel.	00-95-1	Sel.	Sel.	01-298-1	Sel.	N. Sel.	02-474-1
										Sel.	02-474-3
										N. Sel.	02-474-4
105	N. Sel.	99-310-1	N. Sel.	N. Sel.	00-105-1	Sel.	Sel.	01-303-3	Sel.	Sel.	02-571-1
		99-310-2	Sel.	Sel.	00-106-2	Sel.	Sel.	01-307-2	Sel.	Sel.	02-587-1
114	Sel.	99-320-1	N. Sel.	N. Sel.	00-127-2	N. Sel.	N. Sel.	01-315-2	Sel.	Sel.	02-585-2
				N. Sel.	00-127-3	N. Sel.	N. Sel.	01-317-2	Sel.	Sel.	02-449-1
115	Sel.	99-321-3	Sel.	Sel.	00-135-3	Sel.	Sel.	01-332-2	Sel.	Sel.	02-515-1
										Sel.	02-515-3
										N. Sel.	02-515-4
117	Sel.	99-324-1	Sel.	Sel.	00-142-2	Sel.	Sel.	01-346-2	Sel.	Sel.	02-564-1
										N. Sel.	02-564-3
							Sel.	01-346-3	Sel.	N. Sel.	02-582-1
										Sel.	02-582-3
120	N. Sel.	99-326-1	Sel.	Sel.	00-146-2	Sel.	Sel.	01-352-1	N.Sel.	N. Sel.	02-453-2
										N. Sel.	02-453-3
										N. Sel.	02-453-4
										N. Sel.	02-453-5
126	Sel.	99-333-2	N. Sel.	N. Sel.	00-153-1	N. Sel.	N. Sel.	01-359-3	Sel.	N. Sel.	02-442-1
										Sel.	02-442-3
							N.Sel.	01-362-4	Sel.	Sel.	02-565-1
										N. Sel.	02-565-2
										N. Sel.	02-565-3
136	Sel.	99-340-1	N. Sel.	N. Sel.	00-169-3	Sel.	Sel.	01-383-1	N.Sel.	N. Sel.	02-478-1
145	Sel.	99-348-3	N. Sel.	N. Sel.	00-188-2	N. Sel.	N. Sel.	01-410-4	N.Sel.	N. Sel.	02-487-1
										N. Sel.	02-487-2

Família S ₁	Status	Família S ₂	Status	Status Planta S ₂	Família S ₃	Status	Status Planta S ₃	Família S ₄	Status	Status planta S ₄	Família S ₅
146	Sel.	99-349-1	N. Sel.	N. Sel.	00-189-2	Sel.	Sel.	01-412-2	Sel.	N. Sel.	02-439-2
							Sel.	01-412-3	N.Sel.	N. Sel.	02-439-3
							Sel.	01-425-1	Sel.	N. Sel.	02-452-1
150	N. Sel.	99-353-3	Sel.	Sel.	00-202-1	Sel.	Sel.			N. Sel.	02-504-1
										N. Sel.	02-504-2
										Sel.	02-504-3
153	Sel.	99-356-1	Sel.	Sel.	00-211-1	Sel.	Sel.	01-443-3	Sel.	Sel.	02-592-3
							N. Sel	01-444-2	N.Sel.	N. Sel.	02-523-1
				N. Sel.	00-211-3	N. Sel.	N. Sel	01-445-1	Sel.	Sel.	02-539-1
							N. Sel	01-445-2	N.Sel.	N. Sel.	02-505-3
										N. Sel.	02-505-5
159	N. Sel.	99-363-3	Sel.	N. Sel.	00-223-3	Sel.	Sel.	01-460-1	Sel.	Sel.	02-477-1
				Sel.	00-223-4	Sel.	Sel.	01-461-1	Sel.	Sel.	02-574-2
							Sel.	01-461-2	N.Sel.	N. Sel.	02-514-1
										N. Sel.	02-514-2
		99-363-4	Sel.	Sel.	00-224-5	Sel.	Sel.	01-463-1	Sel.	Sel.	02-468-1
							Sel.	01-463-4	Sel.	Sel.	02-446-1
										N. Sel.	02-446-2
										N. Sel.	02-446-4
							Sel.	01-463-6	N.Sel.	N. Sel.	02-450-4
165	N. Sel.	99-370-1	Sel.	Sel.	00-231-1	Sel.	Sel.	01-469-3	Sel.	N. Sel.	02-473-1
										Sel.	02-473-2
		7	N. Sel.	N. Sel.	99-389-1	Sel.	Sel.	00-697-2	N.Sel.	N. Sel.	02-462-1
		13	N. Sel.	N. Sel.	99-397-3	N. Sel.	N. Sel	00-656-1	Sel.	N. Sel.	02-573-1
										Sel.	02-573-4
										N. Sel.	02-573-5
		15	N. Sel.	N. Sel.	99-983 a 985-1	N. Sel.	N. Sel	00-542-1	Sel.	N. Sel.	02-501-1
										Sel.	02-501-3
		28	Sel.	N. Sel.	99-415-2	N. Sel.	N. Sel	00-544-1	Sel.	Sel.	02-581-2
				Sel.	99 – 1049 a 1052-2	Sel.	Sel.	00-505-2	Sel.	Sel.	02-572-1
										Sel.	02-572-2
		42	Sel.	Sel.	99-433-1	Sel.	Sel.	00-551-1	N.Sel.	N. Sel.	02-467-1
										N. Sel.	02-467-3
		44	Sel.	Sel.	99-435-1	Sel.	Sel.	00-663-1	N.Sel.	N. Sel.	02-584-1
										N. Sel.	02-584-2

Família S ₁	Status	Família S ₂	Status	Status Planta S ₂	Família S ₃	Status	Status Planta S ₃	Família S ₄	Status	Status planta S ₄	Família S ₅
										N. Sel.	02-584-3
										N. Sel.	02-584-4
		55	Sel.	Sel.	99-449-3	Sel.	Sel.	00-619-1	Sel.	Sel.	02-589-2
										N. Sel.	02-589-3
		62	N. Sel.	N. Sel.	99-1143 a 1146-1	Sel.	Sel.	00-585-1	Sel.	N. Sel.	02-549-2
										N. Sel.	02-549-3
										Sel.	02-549-4
										N. Sel.	02-549-5
				N. Sel.	99-1143 a 1146-2	Sel.	Sel.	00-586-2	N.Sel.	N. Sel.	02-570-3
		78	Sel.	Sel.	99-478-2	Sel.	Sel.	00-631-1	Sel.	Sel.	02-475-2
								00-631-3	Sel.	Sel.	02-533-1
		81	Sel.	Sel.	99-1193 a 1194-1	Sel.	Sel.	00-531-3	Sel.	N. Sel.	02-576-1
										Sel.	02-576-3
				Sel.	99-482-2	Sel.	Sel.	00-529-1	N.Sel.	N. Sel.	02-557-1
										N. Sel.	02-557-2
										N. Sel.	02-557-3
										N. Sel.	02-557-4
							Sel.	00-529-2	Sel.	N. Sel.	02-437-1
										Sel.	02-437-2
				Sel.	99-487-2	Sel.	Sel.	00-529-3	N.Sel.	N. Sel.	02-590-1
		86	N. Sel.	N. Sel.	99-1204 a 1206-2	Sel.	Sel.	00-667-1	Sel.	N. Sel.	02-516-2
		87	Sel.	Sel.	99-1207 a 1209-1	Sel.	Sel.	00-639-5	Sel.	Sel.	02-569-2
		88	Sel.	Sel.	99-1210 a 1212-1	Sel.	Sel.	00-591-4	N.Sel.	N. Sel.	02-466-1
		102	Sel.	Sel.	99 – 507-1	Sel.	Sel.	00-523-1	N.Sel.	N. Sel.	02-546-1
								00-506-3	Sel.	N. Sel.	02-438-1
										Sel.	02-438-2
										N. Sel.	02-438-3
										N. Sel.	02-438-4
		109	Sel.	N. Sel.	99-515-2	N. Sel.	N. Sel	00-608-1	N.Sel.	N. Sel.	02-525-1
		116	N. Sel.	Sel.	99-1280 a 1281-2	Sel.	Sel.	00-610-2	Sel.	Sel.	02-586-3
				N. Sel.	99-524-1	N. Sel.	N. Sel	00-611-1	Sel.	N. Sel.	02-490-1
										Sel.	02-490-3
		121	Sel.	Sel.	99-1289-1	Sel.	Sel.	00-708-1	Sel.	Sel.	02-499-1
										Sel.	02-499-3
										N. Sel.	02-499-4

Família S ₁	Status	Família S ₂	Status	Status Planta S ₂	Família S ₃	Status	Status Planta S ₃	Família S ₄	Status	Status planta S ₄	Família S ₅
		136	N. Sel.	Sel.	99-549-3	Sel.	Sel.	00-511-1	N.Sel.	N. Sel. N. Sel.	02-506-1 02-506-2
		151	N. Sel.	Sel. Sel.	99-1371 a 1373-2 99-1371 a 1373-4	Sel. Sel.	Sel. Sel.	00-678-2 00-680-1	Sel. Sel.	Sel. Sel. N. Sel.	02-463-1 02-456-1 02-456-2
				Sel.	99-1371 a 1373-5	Sel.	Sel. Sel.	00-681-1 00-681-2	Sel. N.Sel.	Sel. N. Sel. N. Sel.	02-498-1 02-548-1 02-548-2
		160	Sel.	Sel. Sel.	99-1389 a 1390-1 99-583-2	Sel. Sel.	Sel. Sel.	00-695-1 00-684-1	Sel. Sel.	Sel. N. Sel. Sel. N. Sel.	02-518-3 02-552-1 02-552-3 02-552-5
							Sel. Sel.	00-684-3 00-684-4	Sel. Sel.	N. Sel. Sel. N. Sel.	02-461-1 02-554-1 02-554-3
		166	N. Sel.	Sel.	99-587-3	Sel.	Sel. Sel.	00-561-1 00-561-2	Sel. Sel.	Sel. N. Sel. Sel.	02-464-1 02-563-1 02-563-2
							Sel.	00-582-2	Sel.	Sel. N. Sel.	02-454-1 02-454-2
		169	N. Sel.	N. Sel.	99-590-1	N. Sel.	N. Sel	00-614-3	Sel.	N. Sel. N. Sel. Sel.	02-512-1 02-512-2 02-512-4
		187	N. Sel.	N. Sel.	99-613-2	N. Sel.	N. Sel	00-645-2	Sel.	Sel. Sel. N. Sel.	02-509-1 02-509-2 02-509-3
		205	N. Sel.	N. Sel.	99-635-1	N. Sel.	N. Sel	00-657-1	Sel.	N. Sel. Sel. N. Sel.	02-492-1 02-492-3 02-492-5
		221	N. Sel.	Sel.	99-655-1	Sel.	Sel.	00-647-1	Sel.	N. Sel. Sel. Sel. N. Sel. N. Sel.	02-445-1 02-445-2 02-445-3 02-445-4 02-445-5
							Sel.	00-648-2	Sel.	Sel.	02-542-1

Família S ₁	Status	Família S ₂	Status	Status Planta S ₂	Família S ₃	Status	Status Planta S ₃	Família S ₄	Status	Status planta S ₄	Família S ₅
										N. Sel.	02-542-2
										N. Sel.	02-542-3
										N. Sel.	02-542-4
										N. Sel.	02-542-5
							Sel.	00-648-4	N.Sel.	N. Sel.	02-491-1
										N. Sel.	02-491-4
		226	N. Sel.	Sel.	99-662-3	Sel.	Sel.	00-651-1	N.Sel.	N. Sel.	02-451-1

¹ Sel. = Seleccionadas e N. Sel. = não seleccionadas

as famílias. Foram autofecundadas dez plantas superiores em cada progênie.

As seguintes características foram avaliadas em cada parcela do experimento:

- altura de planta – média das alturas, em metros, de três plantas competitivas;
- altura de espiga – média das alturas, em metros, das espigas das mesmas plantas utilizadas para medir a altura de planta;
- número de plantas acamadas, com ângulo superior a 30° entre o colmo e a vertical;
- número de plantas quebradas abaixo da espiga superior;
- número de espigas;
- peso de 100 grãos, em g;
- peso de grãos, em kg;
- umidade dos grãos – porcentagem de umidade (base úmida) de uma amostra de grãos, medida logo após a pesagem dos mesmos;
- empalhamento – número de espigas mal empalhadas
- número de espigas atacadas por praga;
- número de espigas atacadas por doenças (NEAD);
- capacidade de expansão – relação entre o volume de pipoca estourada, em mL, e o peso de grãos utilizados, em g.

Todos os dados referentes às pesagens de grãos foram corrigidos para umidade-padrão de 14,5%, antes de se proceder às análises estatísticas, aplicando-se a seguinte fórmula

$$P_c = \frac{P(100 - UG)}{85,5}$$

em que:

- P_c é o peso dos grãos ou peso de cem grãos corrigido para 14,5% de umidade;
- P é o peso dos grãos ou peso de cem grãos não corrigido para a umidade padrão;
- UG é a umidade dos grãos (em porcentagem);
- 85,5 é o teor de matéria seca quando a umidade é de 14,5%.

Nas plantas autofecundadas foram medidas:

- produção, em g;
- capacidade de expansão.

Com relação às testemunhas, foram tomados dados de produção e CE de plantas do IAC 112, pois é um híbrido simples modificado e não apresenta variação genotípica.

Para determinar a CE das famílias e das plantas autofecundadas foram utilizadas amostras de 30 e 10 g de grãos, respectivamente, e uma pipoqueira de ar quente com potência de 1.200 watts. Para uniformizar a umidade dos grãos, visando o teste de CE, as amostras foram mantidas em câmara-fria, com temperatura de 10°C e umidade de 50-55%, por pelo menos 30 dias. As amostras foram colocadas na pipoqueira quando esta atingiu temperatura de 100°C. Assim que os grãos foram colocados na pipoqueira, esta permaneceu ligada até nenhum grão estourar mais por um período de cinco segundos. A pipoca foi, então, despejada em proveta de 1.000 mL, com o auxílio de um funil, e o volume de pipoca foi medido.

3.2.1. Análises de variância

As análises de variância foram realizadas considerando delineamento em blocos incompletos (Quadro 2).

Quadro 2 – Análise de variância de um experimento no delineamento em blocos incompletos, com f famílias e t testemunhas repetidas r vezes

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

QMF = variância fenotípica entre progênies,

σ_{GeF}^2 = variância genotípica entre famílias

3.2.2. Estimação de parâmetros genéticos

3.2.2.1. Variâncias genóticas entre e dentro de famílias

O estimador da variância genotípica entre famílias é

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

Em relação às características peso de grãos e capacidade de expansão, tomadas nas plantas autofecundadas e em plantas da testemunha, a variância genotípica dentro é

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

em que:

$\hat{\sigma}_{PdF}^2$ é a variância fenotípica média dentro de progênies, e

$\hat{\sigma}_{ed}^2$ é a variância fenotípica média dentro do IAC 112.

3.2.2.2. Herdabilidades

A eficiência da seleção entre foi avaliada pela herdabilidade em nível de média de família, dada por

$$h^2 = \frac{\hat{\sigma}_{GeF}^2}{QMF} .$$

A eficiência da seleção dentro foi avaliada pela herdabilidade em nível de planta dentro de família, cujo estimador é

$$h_d^2 = \frac{\hat{\sigma}_{GdF}^2}{\hat{\sigma}_{PdF}^2} .$$

3.2.2.3. Correlações genóticas

A correlação genotípica entre os caracteres X e Y é, genericamente,

$$r_G = \frac{\hat{\sigma}_{G(X,Y)}}{\sqrt{\hat{\sigma}_{G(X)}^2 \cdot \hat{\sigma}_{G(Y)}^2}}$$

sendo $\hat{\sigma}_{G(X,Y)}$ a covariância genotípica. Seu estimador é

$$\hat{\sigma}_{G(X,Y)} = \frac{\hat{\sigma}_{G(X+Y)}^2 - \hat{\sigma}_{G(X)}^2 - \hat{\sigma}_{G(Y)}^2}{2} ,$$

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

3.2.3. Estratégias de seleção

Para a composição de uma população de polinização aberta oriunda de famílias S₄, foi realizada seleção entre com base em CE, usando o índice de Mulamba e Mock, com pesos 3 para CE e 1 para produção, devido aos resultados favoráveis encontrados por SANTOS (2002) e CÂMARA (2002).

Visando selecionar famílias superiores para obtenção das linhagens elites, diversas estratégias de seleção foram realizadas, as quais estão descritas a seguir.

3.2.3.1. Seleção massal

Como o objetivo do trabalho é a obtenção de linhagens endogâmicas, realizou-se seleção de 14 plantas autofecundadas dentro das famílias S₅, levando-se em consideração a qualidade das mesmas.

3.2.3.2. Seleção entre com base no melhor indivíduo da família

A seleção massal é um método que seleciona os melhores indivíduos, mas isto pode proporcionar um problema, pois quando se seleciona apenas um indivíduo, obtém-se poucas sementes para o plantio seguinte. Uma opção encontrada para superar este problema foi realizar seleção massal e utilizar toda a família da planta selecionada. Neste caso, foi observada a amplitude de variação da CE em relação à testemunha, eliminando aquelas plantas que extrapolaram a amplitude observada para o IAC 112.

3.2.3.3. Seleção entre e dentro

Outra estratégia utilizada foi seleção entre e dentro de famílias, na qual é considerado tanto o mérito das famílias, como o das plantas autofecundadas.

3.2.3.4. Seleção entre famílias

Visto que a seleção entre e dentro, como a seleção massal, implica na seleção de apenas um indivíduo, permanece o problema da pequena quantidade de sementes para o plantio. Deste modo, com o intuito de se aumentar o número de sementes, foi realizada a seleção entre famílias, visto que as famílias já possuem alto grau de homozigose e, portanto, não possuem muita variabilidade dentro. Foram observados os valores de variância genotípica para produção e CE, assim como a amplitude de variação da CE em relação à testemunha, eliminando aquelas plantas que levavam esta amplitude a um valor maior que aquele encontrado no IAC 112.

3.2.3.5. Seleção utilizando o índice de Mulamba e Mock

3.2.3.5.1. Seleção com base em CE de parcela e CE de planta autofecundada

Visando selecionar as plantas superiores e levando em consideração também a performance da família, foi realizada seleção com base em índice, com pesos 1 para a CE de parcela e 3 para a CE de planta autofecundada. Desta forma, dá-se uma maior ênfase na qualidade da planta que dará origem à linhagem, sem esquecer do mérito da família. Da mesma forma que acontece quando se realiza seleção entre e dentro, e seleção massal, a seleção com base no indivíduo proporciona pouco material reprodutivo. Desta forma, foi considerada não só a planta selecionada, mas toda sua família, excluindo aquelas plantas que apresentaram um desvio no valor da CE maior que aquele apresentado pelo IAC 112.

3.2.3.5.2. Seleção com base em CE e produção de planta autofecundada

Outra forma também utilizada para se obter linhagens superiores foi seleção com base na qualidade e produção individual. Como já mencionado

anteriormente, a qualidade é a principal característica para o milho-pipoca e, desta forma, optou-se pela utilização de um peso maior para CE, sendo este de 3, e 1 para produção.

3.2.3.5.3. Seleção com base em CE, produção e genealogia de planta autofecundada

Uma última estratégia de seleção foi utilizar as informações de qualidade, produção e histórico das plantas ao mesmo tempo, dando pesos iguais para as três classes. O histórico foi computado com a codificação do 'status' de família e planta dentro de família, atribuindo valor zero para as não selecionadas e valor um para as selecionadas. Após esta codificação, foi feita a soma algébrica destes códigos e assim construído o histórico de cada família. Como feito para os métodos anteriores, aquelas plantas que apresentaram valores de CE que ultrapassavam a amplitude observada no IAC 122 foram eliminadas.

A seleção com base na genealogia servirá para identificar a relação de parentesco entre as linhagens. Após a realização da seleção entre e dentro, onde se pretende identificar de 7 a 14 linhagens elites, e até 30 linhagens superiores para formação de sintéticos, será observada a genealogia destas, onde o ideal seria ter uma linhagem selecionada com alta qualidade, ou seja, uma CE de pelo menos 35 mL/g, e produção satisfatória, além de possuir um bom histórico. A avaliação do histórico foi realizada utilizando as informações sobre a genealogia das famílias e plantas (Quadro 1).

3.2.4. Ganhos genéticos

O ganho direto com seleção é, genericamente,

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

em que:

p é o controle parental (1/2 para seleção intrapopulacional e 1 no caso de seleção visando obtenção de progênies S_6);

DS é o diferencial de seleção;

h^2 é a herdabilidade no sentido amplo.

3.2.5. Avaliação dos cinco ciclos de seleção

O propósito da avaliação dos cinco ciclos de seleção realizados foi avaliar se é justificável selecionar plantas superiores em famílias intermediárias, isto é, qual seria a melhor das seguintes estratégias: seleção de maior número de famílias e menor número de plantas dentro de cada uma, ou menor número de famílias e, conseqüentemente, maior número de plantas dentro de cada família selecionada. A avaliação da eficiência de seleção entre e dentro de famílias endogâmicas, em relação aos cinco ciclos de seleção foi realizada com base no “pedigree” das famílias avançadas, selecionadas ou não (Quadro 1).

A eficiência da seleção entre foi medida pela porcentagem de famílias S_{n+1} selecionadas, derivadas de famílias S_n selecionadas, calculada da seguinte maneira:

$$ESE = \frac{NFS}{NFS + NFNS} \times 100$$

em que :

ESE é a eficiência de seleção entre;

NFS é o número de famílias S_{n+1} selecionadas, derivadas de famílias S_n selecionadas; e

NFNS é o número de famílias S_{n+1} selecionadas, derivadas de famílias S_n não selecionadas.

A eficiência da seleção dentro foi avaliada pela porcentagem de famílias S_{n+1} selecionadas, derivadas de plantas S_n selecionadas, obtida da seguinte forma:

$$ESD = \frac{NFS^*}{NFS^* + NFNS^*} \times 100$$

em que:

ESD é a eficiência de seleção dentro;

NFS* é o número de famílias S_{n+1} selecionadas, derivadas de plantas S_n selecionadas;

NFNS* é o número de famílias S_{n+1} não selecionadas, derivadas de plantas S_n selecionadas.

4. RESULTADOS E DISCUSSÃO

4.1. Análises de variância

Devido ao fato das testemunhas não terem apresentado plantas acamadas e quebradas, não foi possível realizar as análises de variância para estas características. Verificou-se variabilidade genética apenas para altura de planta, proporção de espigas atacadas por doenças, proporção de espigas atacadas por pragas e capacidade de expansão (Quadro 3). Não foi observada variabilidade genética para produção, porém, isto não significa que esta não exista. Embora o procedimento experimental adotado seja o mesmo dos trabalhos de SANTOS (2002), CÂMARA (2002) e ARNHOLD (2004), com progênies S_2 , S_3 e S_4 da população Beija-Flor, a magnitude da variação residual da produção, calculada com base nas testemunhas, parece desproporcional à de progênies S_5 . Usando apenas IAC 112, SANTOS (2002) obteve uma estimativa de variação residual de $178.915,6584 \text{ (kg/ha)}^2$ associada a uma média da testemunha de 2735,20 kg/ha. A amplitude dos valores das famílias S_2 foi de 3748,04 kg/ha e a média de 1452,90 kg/ha. Nas análises de variância realizadas por CÂMARA (2002) as estimativas de variação residual foram $101.750,65 \text{ (kg/ha)}^2$, considerando a testemunha ISLA 506, e $32.263,04 \text{ (kg/ha)}^2$ considerando

IAC 112, associadas a médias de 824,00 kg/há e 1536,27 kg/ha, respectivamente. As amplitudes dos valores de produção das progênes foram de 3663,64 kg/ha e 1871,51 kg/ha, e as médias de 1194,71 kg/ha e 703,41 kg/ha. No trabalho de ARNHOLD (2004), com as testemunhas IAC 112 e Zélia, a estimativa da variação residual foi de 163.189,5079 (kg/ha)², associada a uma média das testemunhas de 3345,42 kg/ha. No teste de progênes S₅ apesar da amplitude de variação das famílias ser elevado, 3192,11 kg/ha, a magnitude da variação residual estimada, com base em IAC 112 e Zélia foi muito elevada, de 651.183,1837 (kg/ha)², associada a uma média também elevada das testemunhas, de 4499,67 kg/ha. A média das progênes foi de 1791,38 kg/ha. A análise destes números revela que a variação residual da produção, quando medida em um ou mais híbridos pode ser desproporcional à associada a famílias endogâmicas, quando a produção dos híbridos for muito elevada. A consequência, claro, é a não significância do teste de variabilidade genotípica na população, associada a uma grande amplitude de variação dos valores fenotípicos das famílias. A solução é repetir pelo menos parte das famílias endogâmicas e/ou usar como testemunha material genético equivalente, ou seja, linhagem.

As famílias apresentaram, em média, uma produção razoável, comparado à média das testemunhas, o que já era esperado, devido ao fato de serem as testemunhas híbridos comerciais. Porém, observaram-se famílias com produção maior que 3.800 kg/ha, sendo superiores a valores encontrados para cultivares comerciais. Em relação à qualidade, as famílias apresentaram elevados valores de CE, chegando a valores próximos de 45 mL/g. Quatorze por cento das famílias apresentaram CE acima de 35 mL/g. Comparando com as testemunhas, 8% das famílias mostraram-se superiores em qualidade. Em relação às famílias S₄, houve um incremento médio de 2 mL/g para a capacidade de expansão (ARNHOLD, 2004). Mesmo sendo despendoadas, as testemunhas apresentaram, em média, porte relativamente alto em relação às famílias. Isto se deve ao fato de as famílias apresentarem alto grau de endogamia. Os valores das proporções de espigas mal empalhadas, atacadas por doenças e por pragas podem ser

Quadro 3 - Análises de variância do teste de famílias S₅ da população Beija-Flor, em relação à altura de planta (AP, m), altura de espiga (AE, m), proporção de espigas mal empalhadas (PEME), índice de prolificidade (IP), peso de cem grãos (PCG, g), proporção de espigas atacadas por pragas (PEAP), proporção de espigas atacadas por doenças (PEAD), produtividade (PG, kg/ha) e capacidade de expansão (CE, mL/g).

FV	GL	QM								
		AP	AE	PEME	IP	PCG	PEAP	PEAD	PG	CE
Blocos	14	0,0431	0,0224	0,0044	0,3939	0,8913	0,0013	0,0020	2761609,5367	9,1248
Tratamentos	145	0,0536	0,0256	0,0041	0,1476	2,0091	0,0065	0,0057	1711672,0301	30,9195
Famílias	143	0,0526 ^{0,02}	0,0256 ^{0,14}	0,0037 ^{0,14}	0,0916 ^{0,48}	1,8921 ^{0,07}	0,0062 ^{0,01}	0,0057 ^{0,01}	466059,5554 ^{0,84}	22,0674 ^{0,03}
Testemunhas	1	0,1203 ^{0,03}	0,0141 ^{0,35}	0,0024 ^{0,31}	0,0963 ^{0,31}	0,0760 ^{0,78}	0,0120 ^{0,01}	0,0000 ^{0,90}	829411,2923 ^{0,28}	3,7666 ^{0,52}
Fam. vs. Test.	1	0,1303 ^{0,02}	0,0309 ^{0,18}	0,0656 ^{0,01}	8,2124 ^{0,01}	20,6772 ^{0,01}	0,0514 ^{0,01}	0,0210 ^{0,01}	180716516,6511 ^{0,01}	1323,9297 ^{0,01}
Resíduo	14	0,0203	0,0153	0,0022	0,0861	0,9361	0,0009	0,0009	651183,1837	8,8083
Máximo Família		2,40	1,35	0,33	1,81	18,79	0,50	0,47	3820,84	44,67
Média Família		1,90	1,01	0,03	0,89	13,62	0,12	0,05	1791,38	30,29
Mínimo Família		1,30	0,55	0,00	0,23	9,75	0,00	0,00	628,73	16,67
Média IAC 112		2,04	1,07	0,09	1,42	14,59	0,05	0,02	4665,95	37,29
Média Zélia		1,91	1,03	0,08	1,54	14,49	0,09	0,02	4333,40	38,00
CV (%) Geral		7,46	12,16	106,06	29,47	7,02	25,87	64,60	35,73	9,40

considerados desprezíveis. O peso de cem grãos é típico da população Beija-Flor.

4.2. Estimativas de parâmetros genéticos

4.2.1. Variâncias genóticas entre famílias e herdabilidades ao nível de família

Não foi encontrada variância genotípica entre famílias, ao nível de 10% de probabilidade pelo teste F, para altura de espiga, proporção de espigas mal empalhadas, índice de prolificidade e produção. A herdabilidade para índice de prolificidade foi baixa, sendo os valores intermediários para altura de espiga, proporção de espigas mal empalhadas e peso de cem grãos, e altos para altura de planta, proporções de espigas atacadas por pragas e doenças e CE (Quadro 4). Por não ter sido possível detectar variabilidade genética para produção, espera-se que ocorra maior eficiência no processo de seleção para qualidade.

Quadro 4 - Estimativas da variância genotípica entre médias de famílias S_5 ($\hat{\sigma}_{GeF}^2$) e herdabilidade em sentido amplo (h^2), ao nível de média de progênie, em relação aos caracteres altura de planta (AP, m), altura de espiga (AE, m), proporção de espigas mal empalhadas (PEME), índice de prolificidade (IP), proporção de espigas atacadas por pragas (PEAP), proporção de espigas atacadas por doenças (PEAD), peso de cem grãos (PCG, g), produção de grãos (PG, kg/ha) e capacidade de expansão (CE, mL/g).

Característica	$\hat{\sigma}_{GeF}^2$	$h^2(\%)$
AP	0,0323	61,31
AE	0,0103 ^{ns}	40,87
PEME	0,0015 ^{ns}	40,32
IP	0,0055 ^{ns}	6,01
PCG	0,9560	50,53
PEAP	0,0053	86,26
PEAD	0,0048	84,50
PG	0,0000 ^{ns}	0,00
CE	13,2591	60,08

^{ns} – não significativo a 10% de probabilidade pelo teste F.

4.2.2. Correlações genotípicas entre caracteres

Analisando os dados de parcela foi possível estimar correlações genotípicas entre os caracteres altura de planta, proporção de espigas atacadas por pragas, proporção de espigas atacadas por doenças, peso de cem grãos e capacidade de expansão (Quadro 5). As demais características apresentaram estimativas de variância negativas ou não apresentaram significância pelo teste F a 10% de probabilidade e foram desconsideradas, uma vez que nesses casos o estudo de correlações não é apropriado.

Quadro 5 - Correlações genotípicas entre os caracteres altura de planta (AP, m), proporção de espigas atacadas por pragas (PEAP), proporção de espigas atacadas por doenças (PEAD), peso de cem grãos (PCG, g) e capacidade de expansão (CE, ml/g), medidos em famílias S₅.

Característica	AP	PEAP	PEAD	PCG	CE
AP		0,03	0,22	0,55	0,14
PEAP			-0,22	0,16	-0,42
PEAD				-0,20	0,65
PCG					-0,69

Das quatro características que possuem correlação com CE, três apresentaram magnitudes consideráveis. Como esperado, as estimativas indicam que quanto maior for a incidência de ataque de pragas às espigas, menor será sua capacidade de expansão, e quanto menor o peso de cem grãos, ou seja, quanto menor o tamanho das sementes, maior será a CE.

4.2.3. Variâncias genotípicas, herdabilidades e correlações, usando os dados de plantas autofecundadas

Como já era esperado, a variância genotípica dentro para CE foi menor que a variância genotípica entre, dado que são famílias S₅ (Quadro 6). Para as plantas autofecundadas também não foi possível estimar a variância genotípica para produção, devido ao alto valor da variância residual. A herdabilidade para CE foi satisfatória, com um valor bem próximo ao encontrado para a mesma característica, utilizando os dados de família. Deste modo, observa-se que seleção com base em CE deve promover

ganho relevante. Outra vez não foi possível calcular a correlação entre CE e produção.

Quadro 6 – Variâncias e herdabilidades ao nível de planta dentro de família, em relação aos caracteres produção (g/0,15 m²) e capacidade de expansão (CE, mL/g).

Parâmetro	Produção	CE
Var. Fenotípica Dentro	269,30	52,36
Var. Residual Dentro	398,54	17,60
Var. Genotípica Dentro	0	34,76
Var. Fenotípica Entre	375,72	68,53
Var. Residual Entre	665,27	20,57
Var. Genotípica Entre	0	47,96
Herdabilidade (%)	0	66,38

4.3. Seleção e ganhos genéticos preditos

4.3.1. Seleção visando o melhoramento populacional

Como não foi possível calcular a herdabilidade para produção, não se pode também calcular o ganho para esta característica. Considerando seleção de 30% das famílias para formar uma variedade de polinização aberta, foram selecionadas 43 famílias superiores, com seleção direta para CE e também utilizando o índice de Mulamba e Mock, com pesos 1 e 3 para produção e CE, respectivamente.

Com seleção direta para CE o ganho direto foi de 1,74 mL/g, sendo 1660,12 kg/ha e 36,05 mL/g as médias de produção e CE das famílias selecionadas. Utilizando o índice de Mulamba e Mock, o ganho predito para CE foi de 1,65 mL/g, e as médias das famílias selecionadas foram de 2142,56 kg/ha e 35,75 mL/g, para produção e CE, respectivamente. Deste modo, observando que o ganho predito utilizando o índice foi próximo ao ganho quando se utilizou seleção direta para CE (95%), e visto a diferença significativa na produção, optou-se pela seleção com base no índice. A origem e os valores de produção e CE das famílias selecionadas são apresentados no Quadro 7.

Quadro 7 - Origem e médias de produção (kg/ha) e CE (mL/g) de 43 famílias selecionadas, utilizando o índice de Mulamba e Mock com pesos 1 e 3 para produção e CE, respectivamente, visando o melhoramento populacional.

Origem	Produção	CE
02-514-2	433,35	46,31
02-542-2	462,73	42,98
02-487-2	1286,46	40,97
02-437-2	2744,17	40,31
02-573-4	2992,07	39,31
02-445-2	1287,79	38,98
02-454-2	2647,85	38,98
02-557-3	548,81	38,97
02-557-4	1066,53	38,97
02-453-5	2871,99	38,64
02-549-4	1726,55	38,33
02-499-4	1978,88	38,31
02-475-2	3490,97	38,30
02-512-4	1094,89	36,97
02-473-2	1111,09	36,64
02-563-1	2117,42	36,64
02-467-1	448,47	36,31
02-442-1	1929,81	35,98
02-446-4	3283,38	35,65
02-465-1	1831,14	35,00
02-506-1	1455,28	35,00
02-463-1	830,06	34,97
02-576-3	1665,30	34,97
02-501-1	2211,79	34,64
02-582-1	2634,59	34,64
02-498-1	1102,06	34,31
02-499-3	1233,51	34,31
02-589-3	1641,36	33,98
02-539-1	2947,65	33,65
02-552-1	2897,24	33,64
02-589-2	3650,30	33,31
02-573-5	1699,27	33,00
02-563-2	2812,29	32,98
02-469-1	2269,00	32,65
02-445-4	2752,33	32,31
02-446-2	2525,41	32,31
02-557-1	3585,88	32,31
02-445-5	3085,96	32,30
02-573-1	3865,20	32,30
02-456-2	2803,28	31,98
02-587-1	3151,55	31,98
02-514-1	2891,24	31,65
02-515-3	3065,27	31,64
Média	2142,56	35,75

4.3.2. Seleção visando obtenção de linhagens elites

4.3.2.1. Seleção massal

Como este tipo de seleção baseia-se somente no mérito do indivíduo, e foi realizada tomando-se apenas a CE como característica principal, foi a estratégia que apresentou os maiores valores para a característica. A média das plantas selecionadas foi superior ao valor máximo encontrado entre as plantas da testemunha, que foi de 50 mL/g. Pelo fato de se ter selecionado apenas com base em CE, a média de produção, comparativamente à média da testemunha, o IAC 112 (111 g/0,15 m²), não foi elevada, pois algumas plantas selecionadas possuem baixa produção. Porém, pôde-se observar plantas com valores de produtividade acima de 70 g/0,15 m². Também deve ser salientado que, devido ao alto grau de endogamia, já era esperado que a produtividade não fosse comparável à de híbridos comerciais (Quadro 8).

Quadro 8 - Origem, produção (g/0,15 m²) e CE (mL/g) de 14 plantas S₅ selecionadas com seleção massal para capacidade de expansão.

ORIGEM	PRODUÇÃO	CE
03-548-4	57,00	57,00
03-610-3	24,00	55,00
03-583-1	48,00	53,00
03-546-3	56,00	52,00
03-662-2	25,00	52,00
03-579-1	72,00	51,00
03-569-5	40,00	51,00
03-589-7	22,00	50,00
03-591-3	22,00	50,00
03-608-4	50,00	49,00
03-532-1	44,00	49,00
03-628-1	41,00	49,00
03-566-3	70,00	48,00
03-637-2	68,00	48,00
MÉDIA	45,64	51,00

4.3.2.2. Seleção entre com base no melhor indivíduo da família

Como pode ser observado, este método de seleção apresentou valores médios inferiores para produção e CE, em relação àqueles obtidos

com seleção massal. Isto já era esperado, pois na seleção massal foi selecionada a melhor planta da família. Mesmo assim, quando se analisa esta redução, principalmente para CE, em relação à variação encontrada para as testemunhas, nota-se que uma perda de aproximadamente 5 mL/g, está dentro da faixa de variação residual, que foi de 13 mL/g. Mesmo apresentando este menor valor médio de CE em relação à seleção massal, as famílias selecionadas foram superiores à media da testemunha em 5 unidades. Observando os valores da variância genotípica dentro para CE, percebe-se que somente as famílias de origem 03-610-(3 e 7), 03-546-(3,4 e 7), 03-579-(1 e 9) e 03-589-(1,2, 7 e 9) possuem variância maior que a encontrada para todas as famílias, evidenciando que, em geral, há uma grande uniformidade dentro das famílias selecionadas. Em relação à produção de grãos, as famílias selecionadas apresentaram valores que vão desde 25 até 59 g/m². Sendo estes bem inferiores aos encontrados para a testemunha (Quadro 9).

Quadro 9 - Origem, médias de produção (PG, g/0,15 m²) e CE (mL/g), variâncias genotípicas dentro para produção (VGD PG) e CE (VGD CE), e amplitude de variação de CE de 14 famílias S₅ selecionadas com seleção entre com base no melhor indivíduo da família, para capacidade de expansão.

ORIGEM	PG	CE	VGD PG	VGD CE	AMPL.
03-548-(1, 4 e 5)	37,67	52,67	3,33	8,73	10
03-662-2	25,00	52,00	0,00	0,00	0
03-610-(3 e 7)	25,00	50,00	0,00	32,40	10
03-569-(4 e 5)	35,50	49,00	0,00	0,00	4
03-532-(1 e 3)	37,50	49,00	0,00	0,00	0
03-546-(3, 4 e 7)	56,67	46,67	0,00	19,73	12
03-583-(1, 2, 3, 4 e 5)	54,40	46,60	0,00	12,20	13
03-579-(1 e 9)	59,00	45,50	0,00	42,90	11
03-628-(1 e 2)	28,00	45,00	0,00	14,40	8
03-589-(1, 2, 7 e 9)	41,50	44,00	0,00	19,07	13
03-637-(1, 2 e 4)	35,67	42,67	45,76	4,73	9
03-608-(1, 2, 4 e 7)	45,00	42,00	0,00	7,07	11
03-566-(2, 3, 4 e 5)	53,80	41,50	0,00	4,03	11
03-591-(3, 4, 5, 6 e 8)	40,60	40,00	16,16	13,90	13
MÉDIA	41,10	46,19			

4.3.2.3. Seleção entre e dentro de famílias

Outra estratégia utilizada foi seleção entre e dentro de famílias, na qual é considerado tanto o mérito das famílias, como o das plantas autofecundadas. Este método também se mostrou eficiente em selecionar plantas superiores, porém, como já descrito, ele também leva em consideração o comportamento da família, e, desta forma, algumas plantas com qualidade superior são excluídas. Observando a média de CE das plantas selecionadas, pode-se verificar que esta é superior à média da testemunha em aproximadamente uma unidade. Já os valores de produção, continuam pequenos, quando comparados aos valores da testemunha (Quadro 10).

Quadro 10 - Origem, produção (g/0,15 m²) e CE (mL/g) de 14 plantas S₅ selecionadas com seleção entre e dentro para capacidade de expansão.

ORIGEM	PRODUÇÃO	CE
03-583-1	48,00	53,00
03-637-2	68,00	48,00
03-690-1	31,00	46,00
03-646-8	31,00	43,00
03-668-2	80,00	42,00
03-697-2	40,00	42,00
03-594-5	30,00	42,00
03-536-5	41,00	41,00
03-634-3	21,00	41,00
03-645-1	19,00	41,00
03-614-3	46,00	39,00
03-693-4	36,00	39,00
03-607-1	60,00	37,00
03-703-6	48,00	33,00
MEDIA	42,79	41,93

4.3.2.4. Seleção entre famílias

Devido ao fato de que, em geral, as famílias apresentaram um desempenho um pouco inferior às plantas autofecundadas, este método foi o que apresentou menor média para qualidade. Comparando os resultados encontrados para seleção entre e entre e dentro, pode-se perceber que a primeira apresentou valores inferiores para as duas características, porém, como ocorrido para seleção entre com base no melhor indivíduo da família, a

diminuição em qualidade, que neste caso foi de 5,7 mL/g, também se encontra dentro da amplitude observada para a testemunha.

Quando se observam os valores de variância genotípica dentro das famílias para CE, verifica-se homogeneidade destas, visto que nenhuma delas apresentou variância superior à encontrada para todas as famílias (Quadro 11).

Quadro 11 - Origem, médias de produção (PG, g/0,15 m²) e CE (mL/g), variâncias genotípicas dentro para produção (VGD PG) e CE (VGD CE), e amplitude de variação de CE de 14 famílias S₅ selecionadas com seleção entre para capacidade de expansão.

ORIGEM	PG	CE	VGD PG	VGD CE	AMPL.
03-583-(1, 2, 3, 4 e 5)	54,40	46,60	0,00	12,20	13
03-637-(1, 2 e 4)	35,67	42,67	45,76	4,73	9
03-690-(1,2, 3, 4 e 7)	31,20	42,40	0,00	5,70	12
03-646-(2, 3, 4, 5, 6, 7 e 8)	24,57	32,86	0,00	4,54	13
03-668-(1, 2, 4 e 6)	54,50	36,00	63,13	0,40	9
03-697-(1, 2, 3, 4, 5 e 6)	27,17	35,33	0,00	4,67	12
03-594-(1, 2, 3, 4, 5, 6 e 7)	36,00	35,71	0,00	3,64	13
03-536-(1, 2, 3, 4, 5 e 6)	25,17	31,67	0,00	4,67	13
03-634-(1, 2, 3, 4, 5, 6 e 7)	31,14	34,43	0,00	0,00	13
03-645-(1, 2 e 3)	22,00	38,33	0,00	0,00	4
03-614-(2, 3, 4, 5, 6 e 8)	26,57	34,00	45,86	6,00	12
03-693-(1, 2, 3, 4, 5 e 7)	26,86	35,33	0,00	0,00	10
03-607-(1, 2, 3 e 4)	32,00	33,00	0,00	0,00	8
03-703-(1, 2, 3, 4, 5, e 6)	45,50	28,83	0,00	5,77	13
MÉDIA	33,77	36,23			

4.3.2.5. Seleção utilizando o índice de Mulamba e Mock

4.3.2.5.1. Seleção com base em CE de parcela e CE de planta autofecundada

Quando se utiliza apenas a melhor planta dentro de cada família selecionada, os valores médios de produção e qualidade são respectivamente, 37,07 g/0,15 m² e 45,92 mL/g. A utilização do grupo de plantas para formar a linhagem resultou em diminuição de cerca de 6 mL/g na média das famílias selecionadas. Em relação à homogeneidade das famílias, pode-se observar que somente para as famílias 03-630-(1,2 e 3) e 03-676-(1 e 3), a variância genotípica dentro é superior àquela encontrada para todas as famílias. Mesmo sendo o método que obteve os menores

valores de CE, este ainda pode ser considerado satisfatório, pois é em média inferior em apenas 0,5 unidade ao valor encontrado para a testemunha (Quadro 12).

Quadro 12 - Origem, médias de produção (PG, g/0,15 m²) e CE (mL/g), variâncias genótípicas dentro para produção (VGD PG) e CE (VGD CE), e amplitude de variação de CE de 14 famílias S₅ selecionadas com índice de Mulamba e Mock, com pesos 3 e 1 para CE de planta autofecundada e CE de parcela, respectivamente.

ORIGEM	PG	CE	VGD PG	VGD CE	AMPL.
03-701-(1, 3 e 4)	41,33	43,67	67,79	7,73	10
03-602-(1, 2, 4, 6, 7 e 8)	39,33	42,33	0,00	10,67	13
03-628-(1 e 2)	28,00	45,00	0,00	14,40	8
03-630-(1, 2 e 3)	32,00	39,67	0,00	24,73	13
03-549-(1, 2, 3, 4 e 5)	34,20	40,00	0,00	9,90	12
03-582-(2, 3, 4 e 6)	26,50	43,25	0,00	0,00	9
03-676-(1 e 3)	29,00	39,50	0,00	42,90	11
03-609-(1, 2, 3, 5, 6, 7, 8, 9 e 10)	21,00	38,00	0,00	0,00	10
03-690-(1, 2, 3, 4 e 7)	31,20	42,40	0,00	5,70	12
03-697-(1, 2, 3, 4, 5 e 6)	27,17	35,33	0,00	4,67	12
03-594-(1, 2, 3, 4, 5, 6 e 7)	36,00	35,71	0,00	3,64	13
03-646-(2, 3, 4, 5, 6, 7 e 8)	24,57	32,86	0,00	4,54	13
03-583-(1, 2, 3, 4 e 5)	54,40	46,60	0,00	12,20	13
03-637-(1, 2 e 4)	35,67	42,67	45,76	4,73	9
MÉDIA	32,88	40,50			

4.3.2.5.2. Seleção com base em CE e produção de planta autofecundada

Como neste caso levou-se em conta a produção, as plantas selecionadas forneceram em média uma boa quantidade de sementes, apresentando valores mais próximos àqueles obtidos com a testemunha. Além de obter também um valor médio de CE bem próximo daqueles obtidos com seleção massal e seleção entre e dentro, superior em 7 unidades ao valor médio encontrado para a testemunha (Quadro 13).

Já com o uso de toda a família de cada planta selecionada, com exceção daquelas que excediam a amplitude da testemunha, como mencionado anteriormente, apesar de se ter maior quantidade de sementes, há uma redução significativa da média de CE (Quadro 14), porém, esta ainda permanece superior à média da testemunha em 2,6 unidades. Em relação à variância genotípica dentro para CE, pode ser observado que, com exceção da família 03-579-(1 e 9), todas apresentam pequena ou nenhuma variação genética.

Quadro 13 - Origem, produção (g/0,15 m²) e CE (mL/g) de 14 plantas S₅ selecionadas com uso do índice de Mulamba e Mock, com pesos 3 e 1 para CE e produção, respectivamente.

ORIGEM	PRODUÇÃO	CE
579-1	72,00	51,00
566-3	70,00	48,00
637-2	68,00	48,00
548-4	57,00	57,00
546-3	56,00	52,00
603-8	67,00	45,00
583-1	48,00	53,00
608-4	50,00	49,00
589-9	53,00	48,00
604-3	52,00	48,00
602-1	56,00	46,00
560-2	59,00	45,00
580-1	144,00	42,00
627-2	88,00	42,00
MÉDIA	67,14	48,14

Quadro 14 - Origem, médias de produção (PG, g/0,15 m²) e CE (mL/g), variâncias genótípicas dentro para produção (VGD PG) e CE (VGD CE), e amplitude de variação de CE de 14 famílias para formação de linhagens elites, selecionadas com índice de Mulamba e Mock, com pesos 3 e 1 para CE e produção de planta autofecundada, respectivamente.

ORIGEM	PG	CE	VGD PG	VGD CE	AMPL.
03-548-(1, 4 e 5)	37,67	52,67	3,33	8,73	10
03-546-(3, 4 e 7)	56,67	46,67	0,00	19,73	12
03-637-(1, 2 e 4)	35,67	42,67	45,76	4,73	9
03-580-(1, 2, 3, 4, 5, 6, 7 e 8)	47,13	40,00	1192,46	0,00	10
03-560-(1, 2, 3, 5, 7 e 8)	27,75	42,00	0,00	5,60	13
03-602-(1, 2, 4, 6, 7 e 8)	39,33	42,33	0,00	10,67	13
03-603-(1, 2, 4, 5, 8 e 9)	56,50	38,17	297,00	7,37	13
03-604-(1 e 3)	34,67	46,50	0,00	4,50	3
03-627-(1, 2, 3, 7 e 9)	39,22	39,33	571,63	3,87	13
03-589-(1, 2, 7 e 9)	41,50	44,00	0,00	19,7	13
03-608-(1, 2, 4 e 7)	45,00	42,00	0,00	7,07	11
03-579-(1 e 9)	59,00	45,50	0,00	42,90	11
03-583-(1, 2, 3, 4 e 5)	54,40	46,60	0,00	12,20	13
03-566-(2, 3, 4 e 5)	53,80	41,50	0,00	4,03	11
MÉDIA	45,13	43,56			

4.3.2.5.3. Seleção com base em CE, produção e genealogia de planta autofecundada

Quando foi incluída a variável genealogia, houve redução do valor médio encontrado para CE, pois além de selecionar para qualidade e produção, também foi realizada a seleção com relação à genealogia das famílias. Mesmo assim, a média para CE das famílias selecionadas foi praticamente a mesma encontrada para a testemunha (41 mL/g). Em relação à variância genotípica dentro para CE, esta foi de pequena magnitude para todas as famílias selecionadas (Quadro 15).

Quadro 15 - Origem, médias de produção (PG, g/0,15 m²) e CE (mL/g), variâncias genotípicas dentro para produção (VGD PG) e CE (VGD CE), e amplitude de variação de CE de 14 famílias selecionadas com índice de Mulamba e Mock, com pesos iguais para CE, produção e genealogia de planta autofecundada.

ORIGEM	PG	CE	VGD PG	VGD CE	AMPL.
03-597-(1, 2, 3, 4 e 5)	43,00	41,60	0,00	7,70	13
03-694-(1, 2, 3, 4, 5, 6 e 7)	45,00	39,86	0,00	2,54	11
03-574-(1, 2, 3, 4, 6, 7 e 8)	42,57	35,29	0,00	0,00	9
03-657-(1, 3, 4 e 6)	62,00	31,50	0,00	15,40	12
03-621-(2, 3, 4, 5, 6, 7 e 8)	41,29	34,14	0,00	4,54	12
03-629-(1, 4, 5, 6, 7, 8 e 9)	42,29	34,71	0,00	0,00	11
03-580-(1, 2, 4, 5, 6, 7 e 8)	47,13	40,00	1192,46	0,00	10
03-546-(3, 4 e 7)	55,67	46,67	0,00	19,73	12
03-602-(1, 2, 4, 6, 7 e 8)	39,33	42,33	0,00	10,67	13
03-608-(1, 2, 4 e 7)	45,00	42,00	0,00	7,07	11
03-604-(1 e 3)	52,00	46,50	0,00	0,00	3
03-583-(1, 2, 3, 4 e 5)	54,40	46,60	0,00	12,20	13
03-566-(2, 3, 4 e 5)	53,80	41,50	0,00	4,03	11
03-630-(1, 2 e 3)	32,00	39,67	0,00	24,73	13
MÉDIA	46,82	40,17			

4.4. Obtenção das linhagens elites

Dentre as várias estratégias analisadas, 17 famílias coincidiram em pelo menos duas. Deste modo, optou-se por selecionar entre estas famílias, as 14 de melhor desempenho, visto que as mesmas devem ser mesmo superiores (Quadro 16).

Como estas famílias já possuem um alto grau de homozigose, pode-se fazer uso destas para a obtenção das linhagens, sem incorrer em problemas de variabilidade genética dentro das mesmas. Isto é evidenciado

observando a variância genotípica dentro destes grupos, em relação à variância genotípica dentro encontrada para as famílias. Pode-se notar que entre as famílias selecionadas, somente uma possui variância genotípica dentro superior à encontrada para todas as famílias do teste.

Quadro 16 - Origem, médias de produção (PG, g/0,15 m²) e CE (mL/g), variâncias genotípicas dentro para produção (VGD PG) e CE (VGD CE), e amplitude de variação de CE de 14 famílias selecionadas pelas diversas estratégias, para obtenção de linhagens elites.

ORIGEM	PG	CE	VGD PG	VGD CE	AMPL.
03-548-(1, 4 e 5)	37,67	52,67	3,33	8,73	10
03-546-(3, 4 e 7)	56,67	46,67	0,00	19,73	12
03-583-(1, 2, 3, 4 e 5)	54,40	46,60	0,00	12,20	13
03-604-(1 e 3)	34,67	46,50	0,00	4,50	3
03-579-(1 e 9)	59,00	45,50	0,00	42,90	11
03-628-(1 e 2)	28,00	45,00	0,00	14,40	8
03-589-(1, 2, 7 e 9)	41,50	44,00	0,00	19,07	13
03-637-(1, 2 e 4)	35,67	42,67	45,76	4,73	9
03-690-(1,2, 3, 4 e 7)	31,20	42,40	0,00	5,70	12
03-602-(1, 2, 4, 6, 7 e 8)	39,33	42,33	0,00	10,67	13
03-608-(1, 2, 4 e 7)	45,00	42,00	0,00	7,07	11
03-566-(2, 3, 4 e 5)	53,80	41,50	0,00	4,03	11
03-580-(1, 2, 3, 4, 5, 6, 7 e 8)	47,13	40,00	1192,46	0,00	10
03-630-(1, 2 e 3)	32,00	39,67	0,00	24,73	13
MÉDIA	42,55	44,11			

Outro aspecto também observado foi a caracterização do histórico destas famílias, para determinar o grau de parentesco entre as linhagens selecionadas (Quadro 17). A identificação do parentesco torna-se importante para que não se realizem cruzamentos entre linhagens muito próximas geneticamente. Considerando o histórico, percebe-se que apenas duas famílias são derivadas de uma mesma progênie S₄, a 03-580-(1,2,3,4,5,6,7 e 8) e a 03-548-(1,4 e 5), e outras duas famílias são derivadas de uma mesma progênie S₃ a 03-546-(3,4 e 7) e a 03-589-(1,2,7 e 9). O restante das famílias são derivadas de plantas S₀ distintas. Evidencia-se, desta forma, muita diversidade genética entre estas linhagens.

Além de se avaliar o comportamento *per se* das famílias para obtenção de linhagens elites, deve-se também avaliar a capacidade geral de combinação das mesmas. Isso pode ser feito por meio de cruzamentos

precoces, com a utilização de 'topcross'. Assim sendo, foi verificado, com base no trabalho de CÂMARA (2002), que avaliou famílias S_3 de Beija-Flor e realizou seleção com base no comportamento individual e em cruzamento, que entre as 14 famílias endogâmicas selecionadas neste trabalho como linhagens elites, três apresentaram bom desempenho quando cruzadas com o testador Viçosa, a 03-579-(1 e 9), a 03-602-(1,2,4,6,7 e 8) e a 03-628-(1 e 2). Revela-se, assim, que estas também possuem uma boa capacidade geral de combinação. Contudo, não se pode afirmar até que ponto a inclusão no processo seletivo da informação de capacidade geral de combinação favorecerá a obtenção de híbridos superiores. Os benefícios só poderão ser mensurados na avaliação das linhagens em combinações híbridas.

Quadro 17 – Genealogia das 14 famílias selecionadas para obtenção de linhagens elites.

Fam. S ₁	Status S ₁	Status Plta S ₁	Fam. S ₂	Status S ₂	Status Plta S ₂	Fam. S ₃	Status S ₃	Status Plta S ₃	Fam. S ₄	Status S ₄	Status Plta S ₄	Fam. S ₅	Status S ₅	Status Plta S ₅	Fam. S ₆
77	Sel.	Sel.	99-294-1	N. Sel.	N. Sel.	00-86-2	N. Sel.	N. Sel.	01-285-1	Sel.	Sel.	02-465-1	Sel.	Sel.	03-630-1 Sel. 03-630-2 Sel. 03-630-3
114	Sel.	Sel.	99-320-1	N. Sel.	N. Sel.	00-127-2	N. Sel.	N. Sel.	01-315-2	Sel.	Sel.	02-585-2	Sel.	Sel.	03-608-1 Sel. 03-608-2 Sel. 03-608-4 Sel. 03-608-7
145	Sel.	Sel.	99-348-3	N. Sel.	N. Sel.	00-188-2	N. Sel.	N. Sel.	01-410-4	N.Sel.	N. Sel.	02-487-2	Sel.	Sel.	03-690-1 Sel. 03-690-2 Sel. 03-690-4 Sel. 03-690-6 Sel. 03-690-7 Sel. 03-690-8
146	Sel.	Sel.	99-349-1	N. Sel.	N. Sel.	00-189-2	Sel.	Sel.	01-412-3	N.Sel.	N. Sel.	02-452-1	Sel.	Sel.	03-604-1 Sel. 03-604-3 Sel. 03-566-2 Sel. 03-566-3 Sel. 03-566-4 Sel. 03-566-5
			13	N. Sel.	N. Sel.	99-397-3	N. Sel.	N. Sel.	00-656-1	Sel.	N. Sel.	02-573-4	Sel.	Sel.	03-583-1 Sel. 03-583-2 Sel. 03-583-3 Sel. 03-583-4 Sel. 03-583-5
			81	Sel.	Sel.	99-1193 a 1194-1	Sel.	Sel.	00-531-3	Sel.	N. Sel.	02-576-3	Sel.	Sel.	03-637-1 Sel. 03-637-2 Sel. 03-637-4

Fam. S ₁	Status	Status Plta S ₁	Fam. S ₂	Status	Status Plta S ₂	Fam. S ₃	Status	Status Plta S ₃	Fam. S ₄	Status	Status Plta S ₄	Fam. S ₅	Status	Status Plta S ₅	Fam. S ₆
			136	N. Sel.	N. Sel.	99-549-3	Sel.	Sel.	00-511-1	N.Sel.	N. Sel.	02-506-1	Sel.	Sel.	03-628-1 Sel. 03-628-2
			151	N. Sel.	N. Sel.	99-1371 a 1373-2	Sel.	Sel.	00-678-2	Sel.	Sel.	02-463-1	Sel.	Sel.	03-602-1 Sel. 03-602-2 N. Sel. 03-602-3 Sel. 03-602-4 N. Sel. 03-602-5 Sel. 03-602-6 Sel. 03-602-7 Sel. 03-602-8
			166	N. Sel.	N. Sel.	99-587-3	Sel.	Sel.	00-561-2	Sel.	N. Sel.	02-563-1	Sel.	Sel.	03-580-1 Sel. 03-580-2 Sel. 03-580-3 Sel. 03-580-4 Sel. 03-580-5 Sel. 03-580-6 Sel. 03-580-7 Sel. 03-580-8 02-563-2 Sel. Sel. 03-548-1 Sel. 03-548-4 Sel. 03-548-5
			205	N. Sel.	N. Sel.	99-635-1	N. Sel.	N. Sel.	00-657-1	Sel.	N. Sel.	02-492-3	Sel.	Sel.	03-579-1 Sel. 03-579-9
			221	N. Sel.	N. Sel.	99-655-1	Sel.	Sel.	00-648-2	Sel.	N. Sel.	02-542-4	Sel.	Sel.	03-589-1 Sel. 03-589-2 Sel. 03-589-7 Sel. 03-589-9
								Sel.	00-648-4	N.Sel.	N. Sel.	02-491-1	Sel.	Sel.	03-546-3 Sel. 03-546-4 Sel. 03-546-7

4.5. Linhagens superiores para formação de sintético

Com a intenção de formar um sintético, foram consideradas as estratégias utilizadas para selecionar as linhagens elites, totalizando um grupo de 30 famílias (Quadro 18).

Quadro 18 - Origem, médias de produção (PG, g/0,15 m²) e CE (mL/g), variâncias genotípicas dentro para produção (VGD PG) e CE (VGD CE), e amplitude de variação de CE de 30 famílias selecionadas para formação de sintético.

ORIGEM	PG	CE	VGD PG	VGD CE	AMPL.
03-548-(1, 4 e 5)	37,67	52,67	3,33	8,73	10
03-662-2	25,00	52,00	0,00	0,00	0
03-610-(3 e 7)	25,00	50,00	0,00	32,40	10
03-532-(1 e 3)	37,50	49,00	0,00	0,00	0
03-569-(4 e 5)	35,50	49,00	0,00	0,00	4
03-546-(3, 4 e 7)	56,67	46,67	0,00	19,73	12
03-583-(1, 2, 3, 4 e 5)	54,40	46,60	0,00	12,20	13
03-604-(1 e 3)	34,67	46,50	0,00	4,50	3
03-579-(1 e 9)	59,00	45,50	0,00	42,90	11
03-628-(1 e 2)	28,00	45,00	0,00	14,40	8
03-589-(1, 2, 7 e 9)	41,50	44,00	0,00	19,07	13
03-701-(1, 3 e 4)	41,33	43,67	67,79	7,73	10
03-582-(2, 3, 4 e 6)	26,50	43,25	0,00	0,00	9
03-637-(1, 2 e 4)	35,67	42,67	45,76	4,73	9
03-690-(1,2, 3, 4 e 7)	31,20	42,40	0,00	5,70	12
03-602-(1, 2, 4, 6, 7 e 8)	39,33	42,33	0,00	10,67	13
03-608-(1, 2, 4 e 7)	45,00	42,00	0,00	7,07	11
03-560-(1, 2, 3, 5, 7 e 8)	27,75	42,00	0,00	5,60	13
03-597-(1, 2, 3, 4 e 5)	43,00	41,60	0,00	7,70	13
03-566-(2, 3, 4 e 5)	53,80	41,50	0,00	4,03	11
03-580-(1, 2, 3, 4, 5, 6, 7 e 8)	47,13	40,00	1192,46	0,00	10
03-591-(3, 4, 5, 6 e 8)	40,60	40,00	16,16	13,90	13
03-549-(1, 2, 3, 4 e 5)	34,20	40,00	0,00	9,90	12
03-694-(1, 2, 3, 4, 5, 6 e 7)	45,00	39,86	0,00	2,54	11
03-630-(1, 2 e 3)	32,00	39,67	0,00	24,73	13
03-676-(1 e 3)	29,00	39,50	0,00	42,90	11
03-627-(1, 2, 3, 7 e 9)	39,22	39,33	571,63	3,87	13
03-645-(1, 2 e 3)	22,00	38,33	0,00	0,00	4
03-603-(1, 2, 4, 5, 8 e 9)	56,50	38,17	297,00	7,37	13
03-609-(1, 2, 3, 5, 6, 7, 8, 9 e 10)	21,00	38,00	0,00	0,00	10
MÉDIA	38,17	43,37			

Algumas das famílias selecionadas para compor o sintético apresentam qualidade superior àquelas utilizadas na obtenção de linhagens,

porém, só apareceram em uma das estratégias de seleção, e desta forma não foram incluídas pelo critério adotado.

4.6. Avaliação dos cinco ciclos de seleção

Como foram avaliadas progênies S_2 a S_5 derivadas de famílias selecionadas e não selecionadas, e toda a genealogia é conhecida, foi possível realizar uma avaliação do processo seletivo de todo o programa.

As eficiências de seleção foram medidas em porcentagem. Os valores encontrados para a eficiência de seleção entre mostram qual a proporção de famílias S_{n+1} foram derivadas de famílias S_n selecionadas. Já os valores obtidos para a eficiência de seleção dentro mostram a porcentagem de famílias S_{n+1} que foram obtidas de plantas S_n selecionadas dentro de famílias S_n (Quadro 19).

Quadro 19 – Avaliação dos cinco ciclos de seleção entre e dentro de famílias endogâmicas obtidas da população de milho-pipoca Beija-Flor.

Ciclo	Efic. sel. entre	Efic. sel. dentro
S_1 para S_2	30,67%	51,11%
S_2 para S_3	65,33%	98,36%
S_3 para S_4	81,55%	75,11%
S_4 para S_5	75,82%	27,10%

O valor de eficiência de seleção entre famílias S_1 foi de baixa magnitude, pois apenas cerca de 30% das famílias S_2 eram derivadas de famílias S_1 selecionadas. Neste caso, a seleção dentro mostrou-se um pouco mais eficiente, pois metade das famílias avançadas originava-se de plantas S_1 selecionadas, evidenciando que, neste caso, deve-se dar maior ênfase à seleção dentro de famílias, em relação à seleção entre.

Em relação ao processo de obtenção de famílias S_3 , a seleção entre já se mostrou bem mais eficiente – a eficiência foi mais que o dobro da observada para a obtenção de famílias S_1 – mostrando uma melhoria da eficiência do processo seletivo. Da mesma forma em que houve um aumento da eficiência da seleção entre, houve um aumento significativo da eficiência

da seleção dentro de famílias S_2 , chegando a um valor próximo de 100%. Ou seja, quase a totalidade das famílias S_3 era originada de plantas S_2 selecionadas. Neste caso, observa-se que o ideal seria realizar uma seleção entre famílias mais branda, ou seja, selecionar um maior número de famílias, para, desta forma, se realizar uma seleção mais intensa dentro destas famílias, onde a eficiência de seleção é maior.

No caso de seleção entre famílias S_3 houve também uma alta eficiência, mostrando que aproximadamente 82% das famílias avançadas em S_4 eram derivadas de famílias S_3 selecionadas. Quando se analisa a eficiência da seleção dentro de famílias S_3 , percebe-se que esta foi menor em relação às famílias S_2 . Para esta situação a estratégia que parece ser mais adequada seria uma seleção com pesos equilibrados, tanto entre, quanto dentro de famílias, visto que as eficiências para seleção entre e dentro são quase equivalentes.

Quando as famílias foram avançadas para S_5 , observou-se que a eficiência de seleção entre ainda se manteve em um nível satisfatório, porém, a eficiência de seleção dentro de famílias S_4 mostrou o menor valor de eficiência observado entre todos os ciclos de seleção. Isto pode nos levar a pensar que, neste caso, o melhor seria realizar apenas seleção entre famílias, avançando todas as plantas dentro de cada família.

Analisando de uma forma geral, podem-se fazer algumas inferências a respeito de qual seria a melhor maneira de se avançar famílias endogâmicas com o objetivo de obter linhagens. Em geral, o que parece ser mais eficiente é selecionar um maior número de famílias e dentro das famílias superiores, selecionar todas as plantas superiores, ou seja, aquelas que não se apresentarem fora do padrão da família. E naquelas famílias de menor desempenho, comparativo às melhores, selecionar pelo menos uma planta superior.

5. RESUMO E CONCLUSÕES

O objetivo principal deste trabalho foi selecionar linhagens elites para obtenção de híbridos de milho-pipoca, a partir de famílias endogâmicas da população Beija-Flor. Estas foram selecionadas tomando como base o mérito e a genealogia de famílias e plantas S_5 . Também foram selecionadas linhagens superiores para formação de um sintético. Por último, foi avaliada a eficiência do processo seletivo desde a obtenção das famílias S_1 até S_5 , utilizando as informações obtidas através da genealogia do programa.

Para avaliação das 144 famílias S_5 foi instalado um experimento no delineamento em blocos incompletos, com duas testemunhas intercalares a cada 10 progênies, sendo elas os híbridos comerciais Zélia e IAC 112.

Foi encontrada variabilidade genética entre as famílias para altura de planta, proporção de espigas atacadas por doenças, proporção de espigas atacadas por pragas e capacidade de expansão. As famílias apresentaram produção média razoável, visto que estas possuem alto grau de endogamia. Em relação à capacidade de expansão, foram observadas famílias com valores próximos de 45 mL/g, o que evidencia grande possibilidade de obtenção de híbridos com alta qualidade. Dentro dos estudos das correlações, o que mais chamou a atenção foi a correlação

positiva entre CE e ataque de doenças nos grãos, mostrando que se deve atentar para o fato de que quando se seleciona para maior CE, deverá ser observada susceptibilidade às doenças nos grãos. Para a característica CE, a herdabilidade em sentido amplo em nível de família foi equivalente à encontrada dentro de famílias.

Visando o melhoramento populacional, foram computadas duas estratégias de seleção: seleção direta para CE e seleção baseada no índice de Mulamba e Mock, com pesos 3 e 1 para CE e produção, respectivamente. O ganho em CE com o uso do índice foi 95% do ganho com seleção direta para CE, e embora não se possa calcular o ganho para produção, a média das plantas selecionadas, com a utilização do índice, foi superior em 482 kg/ha.

Com o objetivo de selecionar linhagens elites, foram analisadas sete estratégias de seleção: seleção massal, seleção entre com base no melhor indivíduo da família, seleção entre, seleção entre e dentro, e três métodos de seleção baseados no índice de Mulamba e Mock – seleção com pesos 3 e 1 para CE de planta autofecundada e CE de parcela, respectivamente, seleção com pesos 3 e 1 para CE e produção de planta autofecundada, e seleção para produção, CE e genealogia de planta autofecundada, com pesos iguais. Dentre as 144 famílias avaliadas, 17 foram selecionadas em pelo menos duas das estratégias. Deste modo, optou-se por selecionar entre estas, as 14 de maior mérito. Também foi observado que dentro das 14 famílias selecionadas, 3 são derivadas de famílias selecionadas com base no desempenho em 'topcross' em S_3 . Visando à formação de um sintético, foram selecionadas 16 famílias além das 14 já selecionadas para obtenção das linhagens elites, compondo um grupo de 30 famílias superiores, que serão componentes do sintético.

Com o intuito de avaliar a eficiência do processo seletivo desde S_1 até S_5 , foram computadas as eficiências de seleção entre e dentro, e foi observado que, genericamente, a forma mais eficaz de se obter linhagens endogâmicas seria selecionar um maior número de famílias e, dentro destas, todas as plantas superiores, ou pelo menos uma planta superior dentro daquelas de menor mérito.

6. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ARNHOLD, E. **Ganhos genéticos devidos à seleção entre e dentro de famílias S4 de milho-pipoca, em programa de obtenção de linhagens.** Viçosa, MG: UFV, 2002. 80 p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento). Universidade Federal de Viçosa, 2004.

CABRERA, A. C. **Uso de linhagens parcialmente endogâmicas S₃ para a produção de híbridos simples de milho.** Piracicaba, SP: ESALQ 2001, 126p Tese (Doutorado em Agronomia). ESALQ, 2001.

CÂMARA, T. M. M. **Importâncias relativas do desempenho individual e em “Topcross” na Seleção de Famílias S₃ de Milho-Pipoca.** Viçosa, MG: UFV, 2002. 96 p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento). Universidade Federal de Viçosa, 2002.

CARPENTIERI-PIPOLO, V.; TAKAHASHI, H. W.; ENDO, R. M. **Correlation among quantitative traits in popcorn maize.** *Hortic. Bras.*, Dec. 2002, vol.20, no.4, p.551-554.

COIMBRA, R.R. **Seleção entre famílias de meios-irmãos da população DFT-Ribeirão de milho-pipoca.** Viçosa, MG: UFV, 2000. 54 p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento). Universidade Federal de Viçosa, 2000.

DAROS, M.; AMARAL JR., A. T.; PEREIRA, M. G.; SANTOS, F. S.; FREITAS JR. **Seleção Recorrente em Famílias Endogâmicas.** 2º Congresso Brasileiro de Melhoramento de Plantas. Porto Seguro, 2003.

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

FARIAS NETO, A. L.; MIRANDA FILHO, J. B. **Inbreeding in two maize subpopulations selected for tassel size.** Sci. agric., July/Sept. 2000, vol.57, no.3, p.487-490.

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. **Milho-pipoca.** Inf. Agropec., v. 14, n.165, p. 339-348,1990.

HALLAUER, A. R.; MIRANDA FILHO, J.B. **Quantitative genetics in maize breeding.** 2.ed. Ames, Iowa State University Press. 468p. 1988.

HALLAUER, A. R. **Heterosis: what have we learned, what have we done and where are we headed?** In: COORS, J. G.; PANDEY, S. Genetic and exploitation of heterosis in crops. Madison, p 486-492, 1999.

HALLAUER, A. R. **Methods used in developing maize inbreds.** Maydica, v.35 n.1, p.1-16, 1990.

JENKINS, M. T. **Methods of estimating the performance of double-crosses in corn.** Journal of American Society of Agronomy. v.26 n3 p 199-204. 1934.

JINAHYON, S.; MOORE, C.L. **Recurrente selection Techniques for maize improvement** in Thailand. Agron. Abstr. p.7, 1973.

KRUG, C. A.; VIÉGAS, G.P.; PAOLIERI, L. **Híbridos comerciais de milho.** Bragantia, Campinas, v.3, p.367-551, 1943.

MACHADO, P. F. **Efeito das condições de colheita e secagem sobre a capacidade de expansão de milho-pipoca.** 1997. 41p. Dissertação (Mestrado em Engenharia Agrícola) Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, MG, 1997.

MEZZACAPPA M. P. **Capacidade de expansão em milho-pipoca.** In: Reunião Brasileira do Milho; Cruz das Almas; Instituto Agrônômico do leste, 1959.

MORRIS, M. L. **Assessing the benefits of international maize breeding research an overview of the global maize impacts study.** Mexico, CIMMYT, 2001, p. 25-34.

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

PACHECO, C. A. P.; SANTOS, M.X.; CRUZ, C. D.; PARENTORI, S. N.; GUIMARAES, P. E. D.; VIEIRA, P. A. **Inbreeding depression of 28 maize elite open pollinated varieties.** Genetics and Molecular Biology. 25 (4): 441-448. 2002

PANDEY, S. **Varietal desenvolvimento conventional plant breeding.** In: MORRIS, M. L. **Maize seed industries in development countries.** Boulder Lynne Rienner. México CIMMYT, p 57-76, 1998.

PATERNIANI, E.; CAMPOS, M. S. **Melhoramento do Milho.** In: Borém A. **Melhoramento de Espécies Cultivadas.** Viçosa - UFV, p.429-486, 1999.

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

PINHEIRO, M.H. **Melhoramento Intrapopulacional Recorrente de Milho-Pipoca, Utilizando Famílias de Meios-Irmãos.** Viçosa, MG: UFV, 2004. 63p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento) – Universidade Federal de Viçosa.

PINTO, R. M. C.; NETO, F. P. L.; SOUZA JÚNIOR, C. L. **Estimativa do Número Adequado de Progênies S_1 para a Seleção Recorrente em Milho.** Pesquisa Agropecuária Brasileira, Brasília, v.35, n.1, p.63-73, jan. 2000.

RADEMACHER, M. A. M.; HALLAUER, A. R.; RUSSELL, W. A. **Comparative Response of two reciprocal recurrent selection methods in BS21 and BS22 maize populations.** Crop Science, v. 39, p. 89-97, 1999.

RODRIGUEZ, O. A.; HALLAUER, A. R. **Variation among full-sib families of corn different generations of inbreeding.** Crop Science, v. 31, p. 43-47, 1991.

RUFFATO, S.; CORRÊA, P. C.; MARTINS, J. H.; MANTOVANI, B. H. N.; SILVA, J. N. **Efeito das condições de colheita, pré-processamento e armazenamento na qualidade do milho-pipoca.** Pesquisa Agropecuária Brasileira, Brasília, v.35, n.3, p.591-597, mar. 2000

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

SAWAZAKI, E. **Parâmetros genéticos em milho-pipoca (*Zea mays* L.).** Piracicaba: ESALQ, 1996. 157p.

SHULL, G. H. **Hibridization methods in corn breeding.** American Reeder's Magazine, v.1 n.2 p. 98-107, 1910.

SIMON, G. A. **Depressão por endogamia em populações de milho-pipoca ("*Zea mays*" L.).** Flórida - PR.. 1v. 49p. Mestrado. UNIVERSIDADE ESTADUAL DE MARINGÁ, 2000.

SONG, A.; ECKHOFF, S. R. **Optimum moisture content for popcorn kernels of different sizes.** Cereal Chem., v. 71, n. 5, p. 458-460, 1994.

SOUZA JR., C. L. **Interpopulation genetic variances and hybrid breeding programs.** Brazilian Journal of Genetics. v.15 n3 p643-656, 1992.

SOUZA JR. C. L. **Seleção recorrente e desenvolvimento de híbridos.** In: Reunion Latinoamericana, 4; Reunion de la Zona Andina de Investigadores en Maiz, 17. Catargena de Indias, 1997. Memorias Cali: Corpoica – CIMMYT, p. 37-58, 1998.

SOUZA JR. C. L. **Melhoramento de espécies alógamas.** In: NASS, L. L. Recursos genéticos e melhoramento de plantas. Rondonópolis, Fundação MT, p. 159-200, 2001.

VASAL, S. K.; DHILLON, B. S.; SRINIVASAN, G; McLEAN, S. D.; CROSSA, J.; ZHANG, S. H. **Effect of S3 recurrent selection in four tropical maize populations on their selfed and randomly mated generations.** Crop Science, 35: 697-702. May-June, 1995.

VILARINHO, A. A. **Seleção de Progênies Endogâmicas S₁ e S₂ em Programas de Melhoramento Intrapopulacional e de Produção de Híbridos de Milho-pipoca (*Zea mays* L.)**. Viçosa, MG: UFV, 2001. 79 p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento). Universidade Federal de Viçosa, 2001.

WEYHRICH, R. A.; LAMKEY, K. R.; HALLAUER, A. R. **Responses to seven methods of recurrent selection in the BS11 maize population**. *Crop Science*, v. 38, p. 308-321, 1998.

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

ZINSLY, J. R., MACHADO, J. A. **Milho-pipoca** In: PATERNIANI, E.;VIÉGAS, G. P. (eds.). *Melhoramento e produção do milho*, 2^a ed. Campinas, Fundação Cargill, 1987, p. 411-422.