

FREDERICO DE PINA MATTA

SELEÇÃO ENTRE E DENTRO DE FAMÍLIAS DE MEIOS-IRMÃOS NA
POPULAÇÃO DE MILHO PIPOCA BEIJA-FLOR (*Zea mays* L.)

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
2000

“Em tudo dai graças, porque esta é a vontade de Deus em Cristo Jesus para convosco.”

1 Tessalonicenses 5 : 18

AGRADECIMENTO

A DEUS e a “todo mundo do céu” por sempre estarem comigo em toda a minha vida.

Aos meus pais e irmãos, à Cinthia, minha namorada, e à minha tia-avó Dalila que sempre me apoiaram de uma forma muito especial.

À Universidade Federal de Viçosa (UFV), pela oportunidade de realizar este Curso e à Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES), pela bolsa concedida.

Ao professor e amigo José Marcelo Soriano Viana, pela insuperável paciência, pelos ensinamentos, pela dedicação e pelo incentivo durante os sete anos de orientação, na graduação e no mestrado.

Aos professores Cosme Damião Cruz, Múcio Silva Reis, Pedro Crescêncio Souza Carneiro, Adair José Regazzi e ao Dr. Cleso Antônio Patto Pacheco (EMBRAPA-CNPMS), pelas críticas e valiosas sugestões.

Aos demais professores de graduação e de mestrado, pelos ensinamentos transmitidos para minha formação profissional.

Aos funcionários Sebastião, Vicente, Márcio e Antônio, do setor de genética, por propiciarem o aprendizado, pela convivência, pela amizade e indispensável ajuda nos trabalhos de campo.

A todos os colegas de Curso, e aos amigos Ronaldo (Camaradinha), José Ubirajara (Bira), Mateus, João Francisco (Johnny Herbert), Aloísio, Maria

Teresa (Irmãzinha), Virginia, Patricia, Firmino, Ricardo, Tassiano, Heder e Emmanuel, pelo incentivo, pela solidariedade, convivência e amizade.

A todos aqueles que, de alguma forma, contribuíram para a realização deste trabalho.

BIOGRAFIA

Frederico de Pina Matta, filho de Marcos Fernando de Resende Matta e Luiza de Pina Matta, nasceu no dia 17 de dezembro de 1974, em Apucarana, Estado do Paraná.

Em março de 1993, iniciou o Curso de Engenharia Agrônômica, na Universidade Federal de Viçosa, graduando-se em outubro de 1998. Na mesma época, iniciou o Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento, na mesma instituição.

CONTEÚDO

RESUMO.....	viii
ABSTRACT	x
1. INTRODUÇÃO	1
2. REVISÃO DE LITERATURA	4
2.1. Milho pipoca	4
2.2. Seleção entre e dentro de famílias de meios-irmãos	9
2.3. Índices de seleção.....	15
3. MATERIAL E MÉTODOS.....	20
3.1. Material.....	20
3.2. Métodos.....	20
3.2.1. Teste de progênies.....	20
3.2.1.1. Estimacão de parâmetros genéticos no teste de progênies.....	22
3.2.2. Lote de recombinação.....	31
3.2.2.1. Estimacão de parâmetros genéticos no lote de recombinação	32
3.2.3. Teste de competição	35
4. RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	38
4.1. Teste de progênies.....	38
4.1.1. Análises de variância	38

4.1.2. Estimaco de parmetros	41
4.1.3. Pesos econmicos para os caracteres CE e produo de gros... ..	45
4.1.3.1. Índices de seleo.....	46
4.1.3.2. Seleo com base nos índices.....	51
4.2. Lote de recombinao.....	56
4.2.1. Anlises e estimaco de parmetros para CE	57
4.2.2. Anlises e estimaco de parmetros para produo de gros	62
4.3. Teste de competio	64
4.3.1. Anlises.....	65
5. RESUMO E CONCLUSES	72
REFERNCIAS BIBLIOGRFICAS	75

RESUMO

MATTA, Frederico de Pina, M. S., Universidade Federal de Viçosa, novembro de 2000. **Seleção entre e dentro de famílias de meios-irmãos na população de milho pipoca Beija-Flor (*Zea mays* L.)**. Orientador: José Marcelo Soriano Viana. Conselheiros: Cosme Damião Cruz e Adair José Regazzi.

Os objetivos deste trabalho foram elevar a produtividade de grãos e a capacidade de expansão (CE) de uma população de milho pipoca, dentro de um programa de melhoramento intrapopulacional com base em progênies de meios-irmãos, e obter informações sobre as eficiências dos processos de seleção entre e de seleção dentro de famílias de meios-irmãos, realizados no inverno, fechando um ciclo em apenas um ano. Foi utilizada a população Beija-Flor, originária do Banco de Germoplasma do Programa de Melhoramento de Milho do Departamento de Biologia Geral da Universidade Federal de Viçosa. Os dados obtidos no teste de progênies foram utilizados na estimação de parâmetros genéticos, como variância genotípica entre famílias, variância aditiva, herdabilidade, correlações simples e parciais entre os caracteres, visando avaliar o potencial da população para melhoramento e a eficiência da seleção entre famílias. A seleção das 20 melhores famílias, utilizadas no lote de recombinação, foi feita com base em CE e produtividade, considerando o índice livre de pesos ou parâmetros propostos por Elston, sendo os limites estabelecidos para CE acima de 26 ml/g e para produtividade acima de 3.180

kg/ha. No lote de recombinação, foram obtidos dados que permitiram a estimação de parâmetros genéticos, como variância genotípica entre e dentro de famílias de meios-irmãos, variância genética aditiva, variância devido à dominância, herdabilidades em sentido amplo e restrito em nível de indivíduo, para uso na seleção massal, e de indivíduo dentro de família, com o objetivo de avaliar a eficiência da seleção dentro de famílias. Estimativas de ganhos para produção de grãos, considerando seleção massal e seleção dentro de famílias, também foram obtidas, caso esta característica fosse utilizada para seleção no lote de recombinação. Ademais, foi realizado teste de competição envolvendo as populações obtidas neste trabalho e uma série de outras testemunhas. De acordo com os resultados, foi possível verificar para os caracteres CE, peso de cem grãos e produtividade, a possibilidade de se realizar melhoramento na população e, para os demais caracteres, foi verificada estatisticamente uma uniformidade entre as médias das famílias avaliadas. O índice utilizado apresentou ganhos para CE e produtividade. O uso de seleção massal no lote de recombinação proporcionou estimativas de ganhos na característica CE equivalentes a uma seleção dentro de famílias. Verificou-se que, para se obter ganhos simultâneos para CE e produtividade no lote de recombinação, devem ser utilizados índices de seleção. Foi constatada a possibilidade de se realizar um ciclo de melhoramento com seleção entre e dentro de famílias de meios-irmãos, no período de um ano, com seleção dentro com base em CE, no inverno.

ABSTRACT

MATTA, Frederico de Pina, M. S., Universidade Federal de Viçosa, November, 2000. **Among and within half-sib family selection in the Beija-Flor popcorn population (*Zea mays L.*)**. Adviser: José Marcelo Soriano Viana. Committee Members: Cosme Damião Cruz and Adair José Regazzi.

The objective of this work was to increase grain yield and the expansion capacity (EC) of a popcorn population in an intrapopulation breeding program using half-sib progenies and to obtain information on about the efficiency of selection among and within half-sib families in the winter during one-year cycle. The Beija-Flor population from the Maize Breeding Program Germplasm Bank at the Universidade Federal de Viçosa-MG was used in the experiment. The data obtained were used to estimate genetic parameters such as genotypic variance between families, additive genetic variance, heritability, and simple and partial correlations between the traits, aiming to evaluate the breeding potential of Beija-Flor and the efficiency of the selection among families. The selection of the best twenty families in a recombination sample was based on EC and yield, considering the free index of weights and parameters proposed by Elston, with the limits being established over 26 ml/g for EC and over 3180kg/ha for productivity. The data obtained in the recombination sample allowed the estimation of genetic

parameters such as genotypic variance among and within half-sib families, additive genetic variance, dominance variance, and heritabilities in a broad and narrow sense at individual levels to be used in mass selection and at individual level within, families, in order to evaluate the efficiency of selection within families. Gain estimates for grain production, considering mass selection and within family selection were also obtained, in case this trait was used for selection in the recombination sample. Moreover, a competition test was conducted involving the populations obtained in this research and a number of other population controls. The results showed that it was possible to develop a population breeding program for the traits EC, 100-grain weight and yield. For the remaining traits, uniform averages were statistically found among the families evaluated. The index used presented EC and yield gains. Mass selection in the recombination sample has provided gain estimates for EC similar to those obtained in the selection within families. Selection indices must be used to obtain simultaneous gains for EC and yield in the recombination sample. It was found that it is possible to carry out a breeding cycle with the selection among and within half-sib families, during one year, with within-family selection for EC, in the winter season.

1. INTRODUÇÃO

Em contraste com o milho comum, usado para consumo humano e animal, o milho pipoca é utilizado exclusivamente na alimentação humana. Em inúmeros países tem enorme mercado consumidor, uma vez que é utilizado em todas as classes sociais.

O valor do milho pipoca para o consumo humano depende principalmente de sua qualidade, medida pela capacidade de expansão (CE), pela maciez e pelo sabor (BRUNSON, 1931). A CE corresponde à relação entre o volume de pipoca e o volume (ml/ml) ou o peso de grãos (ml/g). Segundo Alexander e Creech, 1977, citados por LINARES (1987) e GAMA et al. (1990), o milho pipoca distingue-se de outros tipos de milho pela capacidade que possui de estourar seus grãos, expandindo seu volume e conferindo maciez ao produto.

Durante o processo de melhoramento do milho pipoca, o melhorista precisa estar consciente de que deve satisfazer tanto ao produtor, quanto ao consumidor. Ao produtor interessa elevada produtividade. Ao consumidor interessa alta capacidade de expansão, a qual confere à pipoca melhor textura e maciez. Tem sido verificado em muitos casos que a capacidade de expansão é negativamente correlacionada com outros caracteres de importância econômica diretamente associados à produtividade. Ao melhorista cabe, então, a tarefa de “quebrar” essa correlação (ZINSLY e MACHADO, 1987).

No Brasil, o milho pipoca não recebeu a mesma atenção dada ao milho comum, sendo que pouco progresso foi obtido no seu melhoramento, devido ao número limitado de instituições e melhoristas envolvidos com essa cultura (SAWAZAKI, 1996).

LINARES (1987) cita que as variedades brasileiras, pela escassez de trabalhos de melhoramento genético, apresentam alta variabilidade, mesmo porque a diretriz dos programas existentes até então foi no sentido de se produzir compostos com os materiais disponíveis, a partir dos quais se busca desenvolver cultivares superiores. Dessa forma, a existência de ampla variabilidade genética conduz à hipótese de que há possibilidade da seleção de material com alta capacidade de expansão e produtividade satisfatória (LIRA, 1983).

A seleção massal é eficiente em promover melhoramento de características de alta herdabilidade, como coloração dos grãos de milho (ALLARD, 1971) e CE, em relação a qual valor de 70% a 90% foram observados (Alexander e Creech, 1977, citados por LINARES, 1987). Entretanto, não é um método adequado para caracteres de baixa herdabilidade, como produção de grãos. Como produção e, principalmente, CE são características sempre consideradas no processo de seleção, em programas de melhoramento intrapopulacional, torna-se necessário o uso de famílias. Um método eficiente e que permite a execução de um ciclo por ano agrícola é o de seleção entre e dentro de progênies de meios-irmãos. Mas, neste caso, há a necessidade de realizar a recombinação das progênies selecionadas fora da estação normal de cultivo, ou seja, no inverno.

É importante, portanto, realizar trabalhos de melhoramento com este tipo de milho, possibilitando o desenvolvimento de populações melhoradas e de híbridos, que certamente determinarão a evolução da produção de milho pipoca no país, com conseqüências positivas para os produtores e consumidores.

O presente trabalho tem por objetivos:

- Elevar tanto a produtividade quanto a capacidade de expansão da população de milho pipoca Beija-Flor em um programa de melhoramento intrapopulacional com base em progênies de meios-irmãos;

- Obter informações sobre a eficiência do processo de seleção entre e de seleção dentro de famílias de meios-irmãos, realizado fora da época normal de cultivo, ou seja, no inverno.

2. REVISÃO DE LITERATURA

2.1. Milho pipoca

As plantas das populações de milho pipoca, em geral, caracterizam-se por apresentar porte menor, colmo mais fino, menor número de folhas e várias espigas por colmo (LINARES, 1987).

De acordo com Ziegler e Ashman, 1994, citados por SAWAZAKI (1996), nos Estados Unidos, as plantas dos híbridos de milho pipoca, em comparação às dos híbridos de milho comum, apresentam, de modo geral, as seguintes características: maior tamanho de pendão, prolificidade, espigas menores (situadas numa posição mais alta), colmos mais finos e fracos (mais suscetíveis ao acamamento e quebramento), maior suscetibilidade às doenças e menor produtividade.

Com relação ao efeito de xênia, há relatos discordantes na literatura. Segundo GAMA et al. (1990), a capacidade de expansão (CE) não apresenta efeito de xênia. Pólen diferente daquele do milho pipoca não afeta a CE ou a qualidade comestível dos grãos produzidos deste cruzamento, o que sugere que o pericarpo (tecido materno) seja o responsável pela CE. Entretanto, caso sejam utilizados estes grãos para plantio, ocorrerá segregação para tipos de milho comum e pipoca. Entretanto, LYERLY (1942) relata em seus estudos que há pequeno efeito de xênia na CE, considerado de magnitude insuficiente

para constituir uma séria fonte de erro em ensaios de competição. O autor conclui, também, que cuidados devem ser tomados para evitar a produção de sementes de milho pipoca em plantios próximos de milho comum.

O que faz o milho pipoca expandir seu volume ao ser aquecido e os fatores que afetam esse processo têm sido exaustivamente estudados, sendo, portanto, grande o número de literaturas a respeito.

Segundo Willier e Brunson (1927), citados por SAWAZAKI (1996), o estouro do milho pipoca é proveniente de uma relativa proporção de amido duro no endosperma, cujos grânulos estão incrustados em uma matriz coloidal muito resistente e elástica, a qual retém e impede a liberação da pressão de vapor, gerada dentro destes grânulos, quando aquecidos, até que eles alcancem uma força explosiva.

A capacidade de expansão é afetada principalmente pelo teor de umidade dos grãos, mas, também, por outros fatores, como grau de dano no pericarpo e endosperma, e pelo método de secagem (LINARES, 1987).

Segundo HOSENEY et al. (1983), o pericarpo também tem a função de reter a pressão gerada dentro do endosperma. Então, quanto maior a sua resistência, maior a explosão e, conseqüentemente, maior a expansão do endosperma. Desse modo, segundo os autores, a expansão é maior em grãos de pericarpo íntegro e mais grosso. Estudos de danos ao pericarpo, incluindo cortes, mostraram grande efeito na CE, comprovando que a integridade do pericarpo é fator necessário para transformação do grão em pipoca.

De acordo com WEATHERWAX (1922), a CE é atribuída à volatilização da água presente nos grânulos de amido do endosperma e ao aumento da pressão interna. Com base em sua experiência, o autor infere que os melhores resultados de CE são obtidos quando a temperatura atinge 175 a 200°C, após dois a três minutos do início do aquecimento. O autor descreve também que a idéia de que o pericarpo funciona como uma estrutura de resistência à pressão interna, até o momento da explosão, não é confirmada por todos os experimentos já realizados. Segundo ele, grãos com buracos e sem pericarpo estouram, assim como pedaços de grãos. Quanto ao teor de umidade, é acentuada a amplitude de variação em grãos que estouram, embora exista máximo e mínimo.

De acordo com HOSENEY et al. (1983), grão de pipoca estoura quando a temperatura atinge cerca de 177°C o que equivale a uma pressão interna de 135 psi. Portanto, a água dentro do grão é superaquecida e sua vaporização determina o rompimento do pericarpo e a expansão. Quando o teor de umidade é reduzido, provavelmente, não há quantidade suficiente de água superaquecida para promover a expansão.

Segundo PACHECO et al. (1996), ao causar danos ao pericarpo pela passagem dos grãos uma ou duas vezes, em um debulhador elétrico de cereais, verificou-se redução no poder de germinação, no vigor e na CE. Com isso, os valores médios obtidos de CE (ml/ml) foram 20,83, 15,17 e 12,17, para os tratamentos sem danos, com danos intermediários e com danos dobrados, respectivamente.

NASCIMENTO e BOITEUX (1994) avaliaram a influência do teor de umidade dos grãos sobre a CE da população CNPH-001. A maior CE obtida foi 17,6 ml/ml, e a menor proporção de grãos não-expandidos, 7,5%, obtidas na amostra com 10,2% de umidade. Os autores afirmam ser necessário padronizar o teor de umidade dos grãos nos testes de CE em programas de melhoramento.

SONG e ECKHOFF (1994), com o objetivo de determinar o teor de umidade associado com máxima CE, com grãos de diferentes tamanhos, realizaram testes com os seguintes teores de umidade: 11; 11,5; 12; 12,5; 13; 13,5 e 14% em uma variedade comercial de milho amarelo. O teor ótimo de umidade variou entre 12,85 e 13,58, dependendo do tamanho dos grãos. O teor ideal para o controle foi de 13,1%. A fração de grãos de tamanho intermediário (peneiras de 5,16 a 5,95 mm) foi a que apresentou maior média de CE. As médias de CE variaram de 43,8 a 48,4 ml/g.

WHITE et al. (1980), considerando amostras colhidas com elevado teor e depois secas e amostras secadas para um teor abaixo do ideal e depois reidratadas, verificaram que grãos colhidos com elevado teor de umidade devem ser secados até um teor abaixo de 14%, mas acima de 11%, antes de avaliar CE. Os maiores valores de CE foram em torno de 40 ml/g. Amostras secadas até 11% e depois reidratadas só apresentaram redução no valor de CE quando o teor de umidade aproximou-se de 16%. Estas amostras

apresentaram CE inferior (os melhores valores por volta de 35), comparativamente ao material não-reidratado, o que foi atribuído a fraturas no endosperma. Em um segundo experimento, visando estudar a influência do teor de umidade inicial da amostra e da temperatura de secagem sobre a CE, verificaram que, quanto maior o teor de umidade inicial dos grãos e quanto maior a temperatura de secagem, usada para reduzir o teor a 13%, menor o valor de CE. Em um terceiro experimento, observaram que secagem e armazenamento rápidos produzem fraturas no endosperma. Em um último experimento foi verificado que secagem lenta em condições de ambiente pode reduzir a porcentagem de fraturas no endosperma a valores inferiores a 10%.

No trabalho de HOSENEY et al. (1983), um estudo da importância do pericarpo sobre a CE, foi verificado que danos ao pericarpo reduziram a CE de 27 ml/g para 12 (um corte) e para 9 (dois cortes). Na amostra de grãos com corte no endosperma opaco a CE foi de 7. Grãos cortados pela metade apresentaram CE de 4, e grãos sem pericarpo tiveram CE de 2. A redução na CE é proporcional à quantidade de camadas do pericarpo retiradas.

Com base no Projeto de Normas de Identidade e Qualidade de Milho Pipoca, do Ministério da Agricultura e Abastecimento, ainda não-aprovado, para comercialização uma população precisa ter CE de no mínimo 15 ml/ml (PACHECO et al., 1996).

Em geral, para o milho pipoca, entre todos os caracteres avaliados, os mais estudados são a capacidade de expansão e a produção de grãos. No melhoramento, a preocupação é aprimorar o material genético não para caracteres isolados, mas para um conjunto desses, simultaneamente. Segundo VENCOVSKY e BARRIGA (1992), as relações existentes entre características a serem melhoradas são de grande importância, pois seu conhecimento é um subsídio valioso para o melhorista na escolha do procedimento mais eficiente a ser por ele adotado.

Segundo BRUNSON (1931), no melhoramento de milho pipoca, são empregados os métodos de melhoramento de milho comum, atentando-se para a correlação negativa entre a produtividade e a capacidade de expansão. Essa correlação, embora alta (-0,59), pode ser quebrada durante o processo de melhoramento genético, sendo este um dos principais problemas enfrentados

por melhoristas de milho pipoca. DOFING et al. (1991) obtiveram uma correlação de -0,34. A correlação encontrada por LIMA et al. (1971) foi de apenas -0,25, o que demonstra uma variabilidade entre os cultivares de milho pipoca, indicando que alguns poderiam ser melhorados com relativa maior facilidade.

BRUNSON (1937) relata existência de correlação positiva entre CE e maciez e informa que a seleção para alta CE tende a produzir aumento no grau de resistência da população às doenças. O autor informa ainda que os testes de avaliação de CE devem ser feitos com grãos com cerca de 14% de umidade.

SILVA et al. (1993) estudaram a capacidade de difusão térmica de variedades de milho pipoca, usando uma técnica fotoacústica. Estudos de correlações evidenciaram que a CE é negativamente correlacionada com peso de grão (-0,91), volume de grão (-0,91) e relação endosperma opaco/endosperma brilhante (-0,77). Os autores observaram alta correlação positiva entre a espessura do pericarpo e a capacidade de expansão (0,81). Segundo estes autores, o pericarpo funciona como uma capa protetora.

MOHAMED et al. (1993) relatam em seu trabalho correlação positiva de CE com espessura do pericarpo, esfericidade e dureza do grão. Neste trabalho os valores de CE variaram de 34,2 a 45 ml/g.

Como consequência da correlação negativa da CE com a maioria dos caracteres agronômicos, as plantas dos cultivares de milho pipoca são, em geral, mais delicadas e suscetíveis às doenças, ao acamamento e ao quebramento do colmo. Para melhoramento desses caracteres, além de se explorar a própria variabilidade genética existente entre as populações de milho pipoca, tem-se introduzido genes de linhagens elites de milho comum.

Estudando cruzamentos de diversas linhagens elites de milho dentado, Crumbaker et al. (1949) e Johnson e Eldredge (1953), citados por SAWAZAKI (1996), mostraram que a capacidade de expansão pode ser recuperada com dois retrocruzamentos, combinados com seleção para CE. Robbins e Ashman (1984), citados pelo mesmo autor, estudaram o cruzamento de linhagens de milho pipoca com linhagens de milho dentado e duro, e observaram que a recuperação da CE foi ligeiramente maior nas progênies originadas do

cruzamento com milho duro. Isso indica que nem todos os genes que contribuem para dureza do endosperma afetam a capacidade de expansão da pipoca e que o milho dentado também pode ser usado como fonte de genes para o melhoramento de milho pipoca.

Estudo de herança realizado por DOFING et al. (1991), utilizando gerações obtidas a partir do cruzamento de linhagens de milho pipoca com linhagens de milho comum, mostrou que o principal componente da variação genética da capacidade de expansão é proveniente dos efeitos genéticos aditivos. Em um dos casos também houve significância do efeito de dominância. Os efeitos epistáticos não foram significativos em nenhum dos cruzamentos estudados. Resultado semelhante já tinha sido relatado por LYERLY (1942), que observou, em cruzamentos de linhagens contrastantes quanto à CE, a obtenção de híbridos com CE próxima da média dos pais, evidenciando predominância de efeitos aditivos. Entretanto, em alguns cruzamentos, foram verificados efeitos de dominância e de sobredominância.

GREEN e HARRIS (1960) descreveram sobre os fatores que afetam a qualidade do milho pipoca, como teor de umidade na colheita, condições de secagem e de armazenamento, incidência de pragas e doenças, quantidade de óleo, tempo de pipocamento, forma da pipoca, entre outros, e recomendam os seguintes cuidados: não colher, se a umidade estiver acima de 20%; secar artificialmente, se necessário, até um teor não inferior a 13%; proteger contra o ataque de insetos e roedores; avaliar CE com um teor de umidade entre 13 e 14%; armazenar sob condição de umidade relativa de 75%. Os autores relatam que população com CE menor que 25 ml/g é considerada pobre, se a CE estiver entre 25 e 30 ela é considerada regular, valores entre 30 e 35 são considerados bons e, populações com CE acima de 35 são classificadas como excelentes. Além disso, citam que os sistemas de avaliação 'Official Volume Tester' (volume por volume), usado entre 1916 e 1956, e 'Weight Volume Tester' (volume por peso), adotado a partir de 1956, são equivalentes.

2.2. Seleção entre e dentro de famílias de meios-irmãos

Paterniani (1969), citado por LEZCANO (1976), relata que, no fim do século XIX e início do século XX, inúmeras tentativas de melhoramento de milho foram efetuadas, especialmente nos Estados Unidos. Nesses programas, os métodos de melhoramento empregados foram: a seleção massal, os cruzamentos intervarietais e a seleção espiga por fileira. Segundo o autor, tais métodos despertam maior interesse do ponto de vista teórico, porque não há dados que permitam uma análise crítica dos mesmos. Apesar disso, as informações disponíveis levaram à conclusão geral de que a seleção massal era eficiente, apenas para melhorar a adaptação de uma variedade introduzida, mas não para aumentar a produtividade. Os cruzamentos intervarietais contribuíram para a formação de novas variedades, constituindo germoplasma básico para posterior melhoramento.

Segundo relatos encontrados na literatura, era muito utilizado o método espiga por fileira, o qual consiste na seleção de espigas com boas características e na sementeira das sementes dessas espigas em fileiras individuais, onde as progênies serão avaliadas, para que, dessa forma, possam ser recombinadas as melhores para constituição da geração seguinte. Entretanto, após mostrar-se eficiente quanto à seleção para conteúdo em óleo e proteína em milho, caracteres de alta herdabilidade e pouco afetados pelas variações ambientais, esse método não apresentou bons resultados no aumento da produtividade, à semelhança da seleção massal, sendo ambos abandonados pelos melhoristas.

É desejável que um programa de melhoramento traga resultados rápidos e satisfatórios, pois, na maioria das vezes, os recursos disponíveis são escassos. Progressos rápidos são normalmente conseguidos para caracteres com alta herdabilidade. Para caracteres com baixa herdabilidade, os progressos esperados com seleção são mais lentos (EBERHART, 1970). Quando se deseja aumentar o ganho por ciclo, pode-se aplicar maior pressão de seleção, mediante a escolha de menor proporção de indivíduos ou famílias, para constituir a nova geração. Isso, porém, pode levar à drástica redução da variabilidade genética, o que diminui a possibilidade de seleção em médio ou

em longo prazo. Por outro lado, se a pressão de seleção for branda, espera-se menor progresso por ciclo, mas garantem-se ganhos por períodos mais prolongados, dada a não-exaustão da variabilidade genética nos primeiros ciclos. A intensidade de seleção adequada depende do tamanho da população e dos objetivos do programa (HALLAUER e MIRANDA FILHO, 1981; PATERNIANI e MIRANDA FILHO, 1987).

De acordo com Robinson e Moll (1965), citados por REIS (1981), o progresso do melhoramento intrapopulacional, sem considerar o método de seleção empregado, depende da magnitude e natureza da variabilidade genética existente na população. EBERHART (1970) propõe, como meio de aumentar o ganho por ciclo de seleção, tornar maior a variância genética aditiva, através de síntese de variedades compostas e do controle dos acasalamentos entre os indivíduos da população que está sendo submetida à seleção.

A seleção praticada por meio de progênies de polinização livre de plantas individuais tem-se mostrado eficiente, principalmente considerando-se a condução de testes de progênies, a intensidade de seleção aplicada, mantendo a endogamia dentro de limites aceitáveis, e a manutenção de adequado tamanho efetivo de população. Tudo isso deverá proporcionar uma herdabilidade e variabilidade genética tais que permitem uma efetiva seleção, ciclo após ciclo (WINKLER, 1977).

De acordo com vários pesquisadores, por meio de estudos minuciosos, com base em genética quantitativa, foi possível a verificação da presença de variância genética aditiva em populações de polinização livre de milho, sendo esta maior que a variância genética proveniente da dominância, no que diz respeito à produtividade. Uma estimativa da variância genética aditiva pode ser obtida por meio da variância entre progênies de meios-irmãos em ausência de efeitos epistáticos e de endocruzamento paternal. Acredita-se que a ineficiência dos métodos de seleção massal e de espiga por fileira foi decorrente da dificuldade na identificação de genótipos superiores, da alta pressão de seleção aliada ao pequeno tamanho das populações e da perda de variabilidade genética do material sob seleção (WINKLER, 1977).

LONNQUIST (1964) propôs uma reformulação no método espiga por fileira, passando a ser chamado método de seleção espiga por fileira modificado, o qual reduziria o ciclo entre gerações para um ano. Esse método foi posteriormente denominado seleção entre e dentro de famílias de meios-irmãos (PATERNIANI, 1967). Esses pesquisadores consideram que tal método deve conduzir a uma maior concentração de genes do tipo aditivo presentes na população, sem causar taxas elevadas de endogamia. O método em questão já possibilitou a obtenção de resultados bastante promissores, tendo mesmo conduzido à obtenção de variedades melhoradas, amplamente utilizadas pelos agricultores. Segundo PACHECO (1987), esse método de seleção entre e dentro de famílias de meios-irmãos é o método de seleção intrapopulacional mais utilizado no Brasil.

PATERNIANI (1967), em seu trabalho utilizando famílias de meios-irmãos de milho amarelo dentado, obteve valores de coeficientes de variação genética de 15,8%, 9,3%, 9,1% e 7,1%, respectivamente à população original ao terceiro ciclo para a característica produtividade de grãos. O progresso médio alcançado foi de 13,6% por ciclo, indicando uma substancial presença de variância genética aditiva.

Segundo LIMA (1977), os níveis de produtividade obtidos para três ciclos de seleção entre e dentro de famílias de meios-irmãos, na população de milho “ESALQ-VD-2”, demonstraram alta capacidade de produção dos materiais utilizados, chegando a alcançar um valor superior ao das testemunhas, as quais representavam materiais altamente selecionados. O autor relata ainda que a seleção foi eficiente em intensificar a coloração amarela das sementes e em conferir às plantas maior resistência ao acamamento.

Segundo WEBEL e LONNQUIST (1967), essa técnica permitiu maior eficiência na seleção praticada dentro das melhores progênies, considerando-se a produção de grãos na variedade de milho “Hays Golden”. Foi verificado um ganho real de produtividade de 9,44% sobre a população base, o que se assemelhou à estimativa do progresso genético esperado de 8,39%, sendo que, desse progresso, a seleção entre famílias contribuiu com 54%, enquanto a seleção dentro de famílias contribuiu com 46%.

Paterniani (1968), citado por LEZCANO (1976), reportou ganhos de 58% procedendo-se à seleção entre e 42% com a seleção dentro, para um ganho total de 2,5% na população de milho “Centralmex”, considerando-se o caráter produtividade. Já para o “Piramex”, onde o progresso total foi de 12,8%, esse pesquisador encontrou que a contribuição da seleção entre foi de 40% e a da seleção dentro de 60%. Vale ressaltar que todos esses ganhos esperados foram estimados a partir da população original para o primeiro ciclo de seleção.

LIMA et al. (1973) observaram em trabalhos de seleção massal estratificada, em duas populações de milho pipoca obtidas após dois ciclos, ganhos irrelevantes em relação à CE (3,74% para a população branca e 1,82% para a amarela). Quanto à produção, a alteração na média da população amarela foi, também após dois ciclos, de 11,7%.

Em trabalhos com progênies de meios-irmãos, LINARES (1987) obteve boa resposta na seleção para capacidade de expansão, passando de 19,05 para 30,3 volumes na variedade “Pirapoca” e de 25,54 para 33 no composto N de milho pipoca. Segundo o autor, esse composto N era formado pelo cruzamento da variedade Pérola Piracicaba (milho duro) com a variedade “Pirapoca – Amarela”, seguido de dois retrocruzamentos, usando a variedade “Pirapoca” como pai recorrente.

LIRA (1983) relata que o resultado do progresso genético esperado total com seleção entre e dentro de famílias de meios-irmãos, para o caráter capacidade de expansão, foi igual a 24,80%, sendo 13,62% em função da seleção entre e 11,18% pela seleção dentro.

LIMA (1977), em três ciclos de seleção em milho comum, para o caráter produtividade, observou um ganho médio de 10,8%, em relação aos híbridos testemunhas, quando o esperado era de apenas 8,15%. Do valor esperado, estimou ser, em média, 70,14% para a seleção entre e de 29,86% para a seleção dentro de progênies, revelando que o resultado obtido na seleção realizada dentro das progênies foi 2,35 vezes inferior ao obtido com a seleção entre.

LEZCANO (1976), utilizando uma população de milho comum, denominada “Composto Flint Branco”, obteve, quanto ao caráter produtividade,

ganho total esperado de 7,37%, sendo 4,81% o progresso esperado em seleção entre famílias de meios-irmãos e de 2,56% o progresso esperado em seleção massal dentro de progênies selecionadas. Tais dados, expressos em porcentagem, correspondem a 65% e 35%, respectivamente, para seleção entre e dentro de progênies.

Em cálculos de ganho esperado, alguns pesquisadores consideram a variância fenotípica dentro de progênies como sendo dez vezes a variância ambiental entre progênies (GARDNER, 1961; CARVALHO et al., 2000). Dessa forma, Miranda Filho e Vencovsky (1972), citados por LEZCANO (1976), calcularam, com relação à produtividade, o progresso genético esperado em várias populações de milho, com base nas mesmas intensidades para a seleção entre famílias (15%) e para a seleção dentro de famílias (20%). Naquelas populações em que a variância dentro de progênies foi estimada, obteve-se a relação de variâncias, possibilitando a construção da seguinte tabela:

$\hat{\sigma}_d^2 / \hat{\sigma}_e^2$	Ganhos			
	Entre	%	Dentro	%
4,2	4,94	47	5,58	53
5,0	4,13	49	4,28	51
6,6	3,32	59	2,28	41
8,4	5,98	58	4,36	42
9,9	5,27	61	3,44	39
10,7	5,27	63	3,08	37

$\hat{\sigma}_d^2$ = variância fenotípica dentro de progênies; $\hat{\sigma}_e^2$ = variância residual.

Esta tabela permite visualizar que enquanto a relação variância dentro de progênies e a variância entre progênies mantêm um valor igual a 5 ou menor, os ganhos provenientes de seleção entre e dentro de progênies estão ao redor de 50%. Os autores relatam, ainda, que, quando o valor da relação entre essas duas variâncias aumenta, os ganhos decorrentes da seleção entre famílias vão sendo progressivamente maiores que os ganhos provenientes de seleção dentro de progênies. A importância de se estimar a $\hat{\sigma}_d^2$ fica assim realçada, pois quando ela é considerada como sendo dez vezes a $\hat{\sigma}_e^2$ deve

existir uma certa relação de ganhos entre e dentro de progênies. Se assim não acontece, é porque possivelmente o valor da $\hat{\sigma}_d^2$ não corresponde a essa relação.

De acordo com PATERNIANI e CAMPOS (1999), teoricamente, espera-se maior eficiência com famílias de irmãos germanos, dados o maior controle parental e a melhor utilização da variância genética. Entretanto, resultados relatados na literatura indicam certa superioridade da seleção com base em famílias de meios-irmãos, o que se deve à possibilidade de explorar maior tamanho efetivo da população, além de sua maior facilidade de condução.

2.3. Índices de seleção

Segundo CRUZ e REGAZZI (1997), para se obterem materiais genéticos realmente superiores, é necessário que o material selecionado reúna, simultaneamente, uma série de atributos favoráveis que lhe confira rendimento comparativamente mais elevado e que satisfaça às exigências do consumidor. A seleção com base em uma, ou em poucas características, tem-se mostrado inadequada, por conduzir a um produto final superior em relação aos caracteres selecionados, mas com desempenho não tão favorável em relação aos vários outros caracteres não-considerados. Uma maneira de se aumentar a chance de êxito de um programa de melhoramento é por meio da seleção simultânea de um conjunto de caracteres de importância econômica. Para tal objetivo, a utilização de índices de seleção parece ser uma alternativa eficiente, pois permite combinar as múltiplas informações contidas na análise experimental, de modo que seja possível a seleção com base em um complexo de variáveis que reúna vários atributos de interesse econômico.

Os índices de seleção permitem criar um número sobre o qual se exerce a seleção. Esse número funciona como um caráter adicional, teórico, resultante da combinação de determinados caracteres escolhidos pelo melhorista, sobre os quais se deseja exercer a seleção simultânea (CRUZ e REGAZZI, 1997).

Diferentes índices representam diferentes alternativas de seleção e, conseqüentemente, de ganhos. Eles identificam, de maneira rápida e eficiente, materiais genotípicos que podem ser mais adequados para os propósitos do melhorista. Como atualmente já se dispõe de recursos computacionais e aplicativos adequados à estimação desses índices, sua obtenção torna-se operacionalmente simples, inexistindo razão para que não sejam utilizados (CRUZ e REGAZZI, 1997).

De acordo com HARRIS (1964), a natureza do procedimento do índice de seleção, quando, no lugar dos valores verdadeiros dos parâmetros da população, são usadas estimativas, mais de 1.000 observações de meios-irmãos são necessárias para a construção de um índice baseado em duas características com herdabilidades de 0,20 e com correlação genética de -0,50. Além disso, demonstrou que para menor número de observações o ganho genético torna-se superestimado, mas, à medida que o número de meios-irmãos aumenta, a tendenciosidade diminui.

SMITH (1936) propôs o uso de índice de seleção nos programas de melhoramento de plantas como critério de seleção, para selecionar, simultaneamente, duas ou mais características correlacionadas. Este procedimento foi adaptado ao ramo animal por HAZEL (1943). Segundo esses autores, para se estabelecer o índice de seleção são necessários o valor econômico relativo de cada caráter, as variâncias genotípica e fenotípica de cada caráter e as covariâncias fenotípica e genotípica entre cada par de caracteres. Este índice de seleção, por ter sido um dos primeiros a ser muito utilizado, passou a ser reconhecido como Índice Clássico.

MARQUES (2000) relata que, ao utilizar o índice clássico para seleção de famílias de meios-irmãos de milho pipoca, realizando predição de ganhos por seleção para aumento da produção de grãos e da capacidade de expansão, conseguiu-se ganho percentual conjunto de 12,13%, sendo 7,50% para produtividade e de 4,63% para CE. Entretanto, a autora relata que somente foi possível prever ganhos simultâneos nessas duas características após várias tentativas atribuindo pesos econômicos de várias grandezas.

De acordo com REIS (1981), o índice de seleção possui algumas limitações, tais como as dificuldades em se obter estimativas precisas de

variâncias e covariâncias genotípicas e fenotípicas, o problema de avaliação da importância econômica apropriada para cada característica e a necessidade de esperar que medições sejam feitas para todos os caracteres, antes que se proceda a seleção.

CUNNINGHAN (1969) relata que as conclusões gerais que se podem tirar com relação às limitações para o uso do índice de seleção são que a maior fonte de problemas é o uso de estimativas imprecisas de variâncias e covariâncias genéticas. A estrutura da variação e a covariação genética e de ambiente da população, bem como o balanço econômico das características, mudarão com o tempo e provavelmente irão requerer mudanças periódicas no índice.

Segundo HANSON e JOHNSON (1957), não há necessidade de designar valores econômicos para todas as características. Para melhorar uma característica primária, como produção, toma-se o peso econômico desta como 1,0 (um) e as características secundárias como zero. Esse método tem permitido bons resultados no melhoramento para produção.

A falta de precisão nos valores econômicos foi investigada por Pease et al. (1967), citados por CUNNINGHAN (1969), para um índice que incluía sete características no agregado genotípico. Eles encontraram, neste caso específico, que um erro de até 50% no valor econômico de qualquer das características reduziria a eficiência do índice em menos de 2%, enquanto erros de até 100% poderiam reduzir a eficiência em até 4%.

PESEK e BAKER (1969) sugeriram o uso de “ganhos genéticos desejados” de caracteres individuais num programa de seleção, para substituir os pesos econômicos relativos no cálculo dos índices de seleção. Para se usar a modificação proposta, necessita-se da matriz de variância e covariância genética aditiva e o vetor dos “ganhos genéticos desejados” para as características. Assim, é possível calcular os coeficientes dos índices sem designar pesos econômicos relativos para as características, como requer a teoria convencional de índice de seleção. Dessa forma, o índice obtido resultará em um ganho máximo para cada característica, de acordo com a importância relativa assumida pelo melhorista na especificação do ganho

desejado, e sujeito a restrições impostas pela constituição fenotípica e genotípica da população original.

MARQUES (2000) relata que o índice de seleção de PESEK e BAKER (1969), utilizado para seleção de famílias de meios-irmãos de milho pipoca, realizando predição de ganhos por seleção para aumento da produção de grãos e da capacidade de expansão, permitiu estimar ganhos preditos ligeiramente superiores aos do índice clássico para produção de grãos e CE, sendo o percentual conjunto de 12,34%, dos quais 8,27% corresponderam a produção de grãos e 4,07% a CE, quando os ganhos desejados foram iguais a um desvio-padrão genético.

Segundo CRUZ e REGAZZI (1997), uma crítica apresentada ao estabelecimento do índice pelos “ganhos desejados” refere-se ao fato de que caracteres secundários, para os quais o melhoramento não é tão importante, não possam ser incluídos para auxiliar no melhoramento de caracteres principais. Entretanto, Tai (1977), citado pelos mesmos autores, apresentou uma generalização no método, de forma a possibilitar a inclusão destes caracteres no índice.

WILLIAMS (1962) propôs o chamado índice-base, objetivando evitar a interferência de imprecisões das matrizes de covariâncias fenotípicas e genotípicas na estimação dos coeficientes que constituem o índice. Segundo CRUZ e REGAZZI (1997), esse método propõe o estabelecimento de índices, mediante a combinação linear dos valores fenotípicos médios dos caracteres, os quais são ponderados diretamente pelos seus respectivos pesos econômicos. De acordo com os autores, este índice tem apresentado larga aceitação pelos melhoristas, em razão de dispensar as estimativas de variâncias e covariâncias fenotípicas e genotípicas e de ter revelado resultado satisfatório, quando utilizado como critério de seleção em vários trabalhos de pesquisa. Os autores relatam ainda que o índice base será equivalente ao índice clássico proposto por SMITH (1936) e HAZEL (1943), quando as variâncias e covariâncias fenotípicas forem determinadas predominantemente por causas genéticas.

MARQUES (2000) relata que o índice-base, utilizado para seleção de famílias de meios-irmãos de milho pipoca, realizando predição de ganhos por

seleção para aumento da produção de grãos e da capacidade de expansão, não permitiu a obtenção de estimativas de ganhos preditos simultâneos nessas duas características.

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

ELSTON (1963), considerando que as matrizes das variâncias e covariâncias genotípicas e fenotípicas, necessárias para a obtenção dos coeficientes do índice de seleção de SMITH (1936) e HAZEL (1943), podem estar associadas a baixa precisão ou ainda apresentar multicolinearidade, o que pode provocar distorções nos resultados finais, apresentou o índice “livre de pesos” ou “livre de parâmetros”, o qual caracteriza-se por eliminar a necessidade de estabelecer pesos econômicos relativos aos vários caracteres e de se estimar as variâncias e covariâncias fenotípicas e genotípicas.

MARQUES (2000) relata que o índice de seleção de ELSTON (1963), utilizado para seleção de famílias de meios-irmãos de milho pipoca, realizando predição de ganhos por seleção para aumento da produção de grãos e da capacidade de expansão, estimou ganhos semelhantes ao índice clássico, proposto por SMITH (1936) e HAZEL (1943), e o índice com base nos ganhos desejados, proposto por PESEK e BAKER (1969), quando se utilizou a média das características como ponto de corte, apresentando ganho percentual conjunto de 11,02%, sendo 6,08% para produção de grãos e 4,94% para CE.

CRUZ e REGAZZI (1997) relatam que o índice proposto por ELSTON (1963) é semelhante ao índice multiplicativo proposto por SUBANDI et al. (1973). Em seu trabalho, SUBANDI et al. (1973) relatam que o índice multiplicativo é muito fácil de ser aplicado, não sendo necessário, também, o estabelecimento dos pesos econômicos, e de se estimar as variâncias e covariâncias fenotípicas e genotípicas. Os autores relatam, ainda, que este índice parece ser flexível às condições ambientais no sentido de que, quando uma característica, envolvida no índice, tornar-se mais importante em um dado

ambiente, o índice automaticamente fornecerá um peso maior para essa característica em particular. Segundo os autores, a pressuposição que envolve este índice, de que o valor fenotípico é uma exata medida do valor genotípico, não é verdadeira e, portanto, ao utilizar seleção de famílias, comparativamente à seleção de indivíduos, esse viés será menor.

3. MATERIAL E MÉTODOS

3.1. Material

A população utilizada no presente trabalho, denominada Beija-Flor, é originária do Banco de Germoplasma do Programa de Melhoramento de Milho do Setor de Genética, do Departamento de Biologia Geral da UFV. Esta população foi escolhida por ter se destacado em trabalho realizado por MATTA e VIANA (1996), quanto à capacidade de expansão.

3.2. Métodos

3.2.1. Teste de progênies

Para a realização deste trabalho foram obtidas 196 famílias de meios-irmãos, em um lote isolado formado por plantas S_1 da população Beija-Flor. Este lote foi instalado no início de julho de 1997, no campo experimental do Setor de Genética, em Viçosa-MG. As famílias selecionadas apresentavam grãos de coloração amarela e formato pérola.

Para permitir a seleção entre as famílias de meios-irmãos, foi instalado, na segunda quinzena de outubro de 1998, safra 98/99, na Estação Experimental de Coimbra-MG, um teste de progênies com delineamento em

látice 14x14, com duas repetições. As parcelas corresponderam a fileiras de 5,0 m de comprimento, espaçadas por 0,9 m. Por ocasião do plantio, foram aplicados 350 kg /ha de adubo N-P-K 04-14-08. Semearam-se 50 sementes por fileira e, após o desbaste, foram deixadas 25 plantas, totalizando uma densidade aproximada de 55.555 plantas/ha. A adubação de cobertura foi feita com 60 kg /ha de nitrogênio, na forma de sulfato de amônio.

As variáveis mensuradas no teste de progênies foram:

1. Altura de planta (m) - média das alturas de seis plantas competitivas na parcela; a altura de cada planta foi medida em relação ao nó de inserção da folha bandeira.

2. Altura de espiga (m) - média das alturas das espigas superiores das mesmas plantas utilizadas para medir a altura de planta; a altura de espiga corresponde à distância do solo à base da espiga superior.

3. Número de plantas acamadas por parcela.

4. Número de plantas quebradas por parcela.

5. Stand final - número de plantas na parcela, por ocasião da colheita.

6. Número de espigas por parcela.

7. Peso de 100 grãos (g) - medida tomada em relação a uma amostra de grãos da parcela.

8. Peso das espigas despalhadas por parcela (kg).

9. Peso de grãos por parcela (kg).

10. Umidade dos grãos (%) - determinada em amostra de grãos da parcela.

11. Número de espigas mal empalhadas.

12. Número de espigas atacadas por pragas.

13. Número de espigas atacadas por doenças.

14. Capacidade de expansão (CE) - relação entre o volume de pipoca e o peso de grãos.

Na determinação da CE, foram retiradas amostras de 30 ml de grãos de cada família. Essas amostras de grãos tiveram seus respectivos pesos mensurados. Para o pipocamento, foi utilizada uma pipoqueira de ar quente, a Hot Air Popcorn Pumper H7340 da Proctor Silex, com 1.250 watts de potência.

O sistema empregado foi o mesmo adotado por MATTA e VIANA (1996), o qual consiste em colocar os grãos no recipiente da pipoqueira quando a temperatura atinge 100°C. Esse processo de pré-aquecimento é recomendado pelos melhoristas de milho pipoca, com o objetivo de se reduzir a variação existente entre as mensurações (ROSHDY et al., 1984; METZGER et al., 1989; SONG et al., 1991).

Para a mensuração do volume de pipoca, foi utilizada uma proveta de 1.000 ml, com um funil. Antes da determinação de CE, foi mensurado o teor de umidade dos grãos.

Os dados de produção de espigas e de grãos e de peso de 100 grãos foram corrigidos para a umidade padrão de 14,5%, base úmida, com emprego da seguinte fórmula:

$$PC_c = PC \cdot \frac{(100 - U)}{85,5},$$

em que

PC_c = peso de campo corrigido para 14,5% de umidade;

PC = peso de campo; e

U = umidade (%).

Os dados de produção também foram corrigidos para o estande ideal de plantas por parcela, pelo método de covariâncias (VENCOVSKY e CRUZ, 1991).

3.2.1.1. Estimação de parâmetros genéticos no teste de progênies

Os dados desse teste foram empregados para a estimação de parâmetros genéticos, como variância genotípica entre famílias de meios-irmãos, variância genética aditiva, herdabilidade, correlações e correlações parciais entre os caracteres, visando avaliar o potencial da população para melhoramento e a eficiência da seleção entre.

As análises de variância e os cálculos dos índices de seleção foram realizados, utilizando-se os programas GENES (CRUZ, 1997), desenvolvidos pelo Departamento de Biologia Geral da Universidade Federal de Viçosa, e o SAS-Statistical Analysis System (SAS INSTITUTE INC., 1990).

Considerando-se as perdas de famílias ocorridas no teste de progênes, os dados foram analisados segundo o delineamento em blocos casualizados completos, ao invés do látice, como planejado inicialmente.

O modelo utilizado foi

$$Y_{ij} = \mu + T_i + B_j + e_{ij} \quad , \quad \begin{array}{l} i = 1, 2, \dots, t \\ j = 1, 2, \dots, b \end{array}$$

em que

Y_{ij} = é o valor fenotípico da família i no bloco j ;

μ = é a média da população base;

T_i = é o efeito da família i ;

B_j = é o efeito do bloco j ; e

e_{ij} = é o erro ou resíduo associado à observação Y_{ij} .

Como o interesse é inferir acerca da população base, o efeito das famílias de meios-irmãos é aleatório. Sendo as “ t ” famílias avaliadas no delineamento em blocos casualizados, as pressuposições normalmente associadas ao modelo são:

(i) $T_i \sim N(0, \sigma_t^2)$, independentes;

(ii) $B_j \sim N(0, \sigma_b^2)$, independentes;

(iii) $e_{ij} \sim N(0, \sigma^2)$, independentes; e

(iv) T_i , B_j e e_{ij} são efeitos aleatórios independentes, para todo i e j .

O esquema da análise de variância para cada um dos caracteres avaliados, com as esperanças dos quadrados médios, é apresentado no Quadro 1.

Quadro 1 - Esquema da análise de variância para cada um dos caracteres avaliados, com as esperanças dos quadrados médios

F.V.	G.L.	S.Q.	Q.M.	E(QM)
Blocos	b - 1	SQ_b	QM_b	$\sigma^2 + t\sigma_b^2$
Famílias	t - 1	SQ_t	QM_t	$\sigma^2 + b\sigma_t^2$
Resíduo	(b - 1) (t - 1)	SQ_R	QM_R	σ^2
Total	tb - 1			

Com base no esquema apresentado, foram obtidos os seguintes estimadores de parâmetros:

$\hat{\sigma}_p^2$ = estimador da variância fenotípica entre as médias das famílias de meios-irmãos, dado por:

$$\hat{\sigma}_p^2 = \frac{QM_R}{b} + \left(\frac{QM_t - QM_R}{b} \right) = \frac{QM_t}{b} = \frac{\hat{\sigma}^2}{b} + \hat{\sigma}_t^2$$

$\hat{\sigma}_t^2$ = estimador da variância genotípica entre as médias das famílias de meios-irmãos, dado por:

$$\hat{\sigma}_t^2 = \frac{QM_t - QM_R}{b}.$$

A variância genotípica é a parte da variância fenotípica atribuída aos efeitos genéticos já que esta resulta da ação conjunta do genótipo e do ambiente. De acordo com Fisher (1918) citado por FURTADO (1996), a variação genotípica seria decomposta em três componentes: (1) variância genética aditiva, atribuída aos efeitos médios dos genes; (2) variância em virtude dos desvios da dominância, atribuída às interações entre alelos; e (3) variância epistática, oriunda das interações entre genes de locos diferentes. A magnitude relativa dos componentes da variação fenotípica determina as propriedades genéticas da população, especialmente o grau de semelhança entre parentes e, em conseqüência, os progressos esperados com a seleção.

O coeficiente de herdabilidade de um caráter métrico é uma das suas propriedades mais importantes. Além de expressar a proporção da variância total que é atribuída ao efeito médio dos genes, o que determina o grau de semelhança entre parentes, esse possui função importante no estudo genético do caráter métrico, ou seja, seu papel preditivo expressa a confiança do valor fenotípico como um guia para o valor genético (FALCONER, 1987).

SANTOS (1991) relata que esse coeficiente para caracteres quantitativos, que são muito influenciados pelo ambiente, pode variar de valores próximos de zero a valores próximos de um. De acordo com Dudley e Moll (1969), citados pelo mesmo autor, as estimativas de herdabilidades e variância genética são restritas aos ambientes amostrados.

Segundo FALCONER (1987), o valor genotípico médio de um grupo de meios-irmãos é, por definição, metade do valor genético do pai comum. A covariância é a variância das médias dos grupos de meios-irmãos, e é, portanto, a variância da metade dos valores genéticos dos pais, isto é, um quarto da variância aditiva. Dessa forma, a herdabilidade obtida é em sentido restrito onde se considera somente a porção aditiva da variabilidade genética, em relação à variabilidade fenotípica.

Como as famílias de meios-irmãos foram obtidas de uma população formada por plantas S_1 , a variância genotípica entre famílias corresponderá a $\frac{(1+F)}{4} \sigma_A^2$, sendo F, o valor do coeficiente de endogamia, igual a $\frac{1}{2}$.

Além de estimar as variâncias, é muito importante estimar os erros que estão associados às mesmas. Para isso, é necessário obter as estimativas das variâncias das estimativas das variâncias. Informações a esse respeito são encontradas em SEARLE (1971). No presente trabalho, foram obtidas as estimativas de erros associadas às estimativas de variância genética aditiva, para as características que apresentaram variabilidade genética no teste de progênies.

Para estimação da herdabilidade, em sentido restrito, em nível de média de famílias de meios-irmãos, foi empregada a seguinte expressão:

$$h^2 = \hat{\sigma}_t^2 / \hat{\sigma}_p^2 = \left(\frac{1+F}{4} \right) \hat{\sigma}_A^2 / \hat{\sigma}_p^2,$$

em que

$\hat{\sigma}_A^2$ = estimador da variância genética aditiva na população base;

Para predição de ganho direto, foi empregada a seguinte expressão:

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

em que

p = controle parental ($p = 1,0$);

DS = diferencial de seleção; e

h^2 = herdabilidade em sentido restrito, em nível de média de família.

O coeficiente de correlação mede o grau de associação entre dois caracteres. As causas genéticas são o pleiotropismo (permanente) e o desequilíbrio na ligação gênica (transitória), as quais determinam a correlação genética. O ambiente, que determina a correlação ambiental e também a fenotípica, é causa de correlação, quando dois caracteres são influenciados pelas mesmas diferenças de condições de ambiente. A correlação que pode ser observada diretamente é a fenotípica, a qual pode ser decomposta em correlação genética e correlação ambiental (HALLAUER e MIRANDA FILHO, 1981; FALCONER, 1987).

De acordo com KEMPTHORNE (1966), a análise de variância de duas variáveis, X e Y, pode ser feita, considerando-se as observações compostas (X + Y) e analisando-as como se fossem observações isoladas. Assim, para estimação dos coeficientes de correlação genotípica, fenotípica e de ambiente entre dois caracteres (X e Y), realizaram-se análises de variância para cada par de caracteres, (X, Y e X+Y), possibilitando, com isso, a estimação das covariâncias. O esquema das análises está apresentado no Quadro 2.

Quadro 2 - Esquema das análises para estimação das covariâncias entre cada par de caracteres, considerando delineamento em blocos casualizados

F.V.	G.L.	Quadrado Médio			Produto Médio	Esperanças dos Produtos Médios
		X	Y	X + Y		
Blocos	(b - 1)					
Famílias	(t - 1)	$QM_{t(X)}$	$QM_{t(Y)}$	$QM_{t(X+Y)}$	$PM_{t(X,Y)}$	$\sigma_{(X,Y)} + b\sigma_{t(X,Y)}$
Resíduo	(b - 1) (t - 1)	$QM_{R(X)}$	$QM_{R(Y)}$	$QM_{R(X+Y)}$	$PM_{R(X,Y)}$	$\sigma_{(X,Y)}$

A variância da soma de duas variáveis pode ser obtida, somando-se as variâncias das duas variáveis individuais com o dobro da covariância entre elas, ou seja,

$$V_{(X+Y)} = V_{(X)} + V_{(Y)} + 2Cov_{(X,Y)}.$$

Assim,

$$Cov_{(X,Y)} = \frac{V_{(X+Y)} - V_{(X)} - V_{(Y)}}{2}.$$

O estimador da covariância, equivalente ao produto médio entre X e Y, foi obtido pelos quadrados médios de X, Y e X+Y, nas respectivas análises de variância. Desse modo, foi obtido também o produto médio associado a famílias ($PM_{t(X,Y)}$), pela expressão:

$$PM_{t(X,Y)} = \frac{(QM_{t(X+Y)} - QM_{t(X)} - QM_{t(Y)})}{2} = \hat{\sigma}_{(X,Y)} + b\hat{\sigma}_{t(X,Y)},$$

dessa forma,

$$\hat{\sigma}_{P(X,Y)} = \frac{PM_{t(X,Y)}}{b} = \frac{\hat{\sigma}_{(X,Y)}}{b} + \hat{\sigma}_{t(X,Y)}$$

e

$$PM_{t(X,Y)} = \frac{(QM_{t(X+Y)} - QM_{t(X)} - QM_{t(Y)})}{2} = \hat{\sigma}_{(XY)},$$

em que

$\hat{\sigma}_{P(X,Y)}$ = estimador da covariância fenotípica entre dois caracteres (X e Y); e

$\hat{\sigma}_{(X,Y)}$ = estimador da covariância de ambiente entre dois caracteres (X e Y).

Os componentes de covariância são estimados, conhecendo-se as esperanças do produto médio das fontes de variação, as quais são obtidas de modo equivalente às esperanças dos quadrados médios da análise de variância, apenas substituindo-se pelas covariâncias as expressões correspondentes às variâncias. Assim, utilizando-se a expressão da esperança do produto médio, é obtido o estimador da covariância genotípica ($\hat{\sigma}_{t(X,Y)}$) entre dois caracteres (X e Y), pela expressão:

$$\hat{\sigma}_{t(X,Y)} = \frac{PM_{t(X,Y)} - PM_{R(X,Y)}}{b}.$$

Assim, de acordo com CRUZ e REGAZZI (1997), o coeficiente de correlação genotípica (r_g) é obtido pela expressão correspondente, com base em componentes de covariância.

Para a estimação de correlações genotípicas, foi empregada a seguinte expressão:

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

em que

r_g = estimador da correlação genotípica entre os caracteres X e Y, a qual corresponde à correlação entre os valores genéticos aditivos de mesmo indivíduo na população base, em relação às características X e Y;

$\hat{\sigma}_{t(X,Y)}$ = estimador da covariância entre médias genotípicas de mesma família de meios-irmãos;

$\hat{\sigma}_{t(X)}^2$ = estimador da variância genotípica entre famílias de meios-irmãos, em relação à característica X; e

$\hat{\sigma}_{t(Y)}^2$ = estimador da variância genotípica entre famílias de meios-irmãos, em relação à característica Y.

De acordo com Wricke e Weber (1986), citados por FURTADO (1996), avaliando-se os efeitos indiretos da seleção sobre as demais características, a resposta indireta à seleção, também designada de resposta correlacionada, quando se pratica a seleção em uma característica, provoca-se também alteração na média de todas as outras características que são geneticamente correlacionadas com ela, dando origem, por conseguinte, a uma resposta indireta à seleção, que pode ser no sentido desejado ou não, dependendo dos sinais das correlações com a característica que sofreu a seleção direta.

Segundo CRUZ e REGAZZI (1997), os coeficientes de correlação simples podem produzir grandes equívocos a respeito da relação que há entre duas variáveis, podendo não ser uma medida real de causa e efeito. Dessa forma, os autores relatam que um alto ou baixo coeficiente de correlação entre duas variáveis pode ser o resultado do efeito que, sobre essas duas variáveis, tem uma terceira variável ou um grupo de variáveis. Assim, uma medida mais informativa sobre a relação entre variáveis é o coeficiente de correlação parcial, que é estimado, removendo-se os efeitos de outras variáveis sobre a associação estudada.

Para obtenção do coeficiente de correlação parcial entre duas variáveis i e j é utilizada a matriz de correlação simples de dimensão $(m+2) \times (m+2)$, envolvendo as duas variáveis e m outras, cujo efeito deseja-se remover da associação entre i e j . Estima-se a correlação parcial por meio da expressão:

$$r_{ij.m} = \frac{-a_{ij}}{\sqrt{a_{ii} a_{jj}}}$$

em que

a_{ij} é o elemento de ordem ij da inversa da matriz de correlação genotípica simples;

$r_{ij.m}$ é a correlação parcial entre as variáveis i e j , que quantifica a relação entre essas duas variáveis depois de removidos os efeitos das outras variáveis aqui representadas pela letra m .

Para a predição dos ganhos indiretos, foi utilizada a seguinte função:

$$\Delta G_{Y(X)} = p \cdot DS_{Y(X)} \cdot h_Y^2,$$

em que

$\Delta G_{Y(X)}$ = ganho indireto em relação à variável Y, devido à seleção com base em X;

p = controle parental ($p=1,0$);

$DS_{Y(X)}$ = diferencial de seleção indireto, fornecido pela diferença entre a média das progênies selecionadas com base em X e a média da população base, em relação à característica Y;

h_Y^2 = herdabilidade da característica Y.

3.2.2. Lote de recombinação

O lote de recombinação foi instalado na Estação Experimental de Cana-de-Açúcar em Ponte Nova – MG, no início do mês de junho de 1999. O híbrido simples modificado IAC-112 foi utilizado como testemunha. O uso deste híbrido teve a finalidade de fornecer dados necessários para a estimação de parâmetros.

O lote de recombinação foi constituído por 26 fileiras de 20 m, cada uma com 100 plantas. Destas, 20 corresponderam às progênies selecionadas no teste de progênies. As demais foram fileiras de machos. As fileiras foram separadas entre si por 0,9 m, totalizando uma densidade aproximada de 55.555 plantas/ha. A organização no campo foi feita da seguinte forma: uma fileira de macho para quatro fileiras de fêmeas.

As fileiras de machos foram semeadas com uma amostra balanceada de sementes das progênies selecionadas. O material utilizado como testemunha foi instalado em uma só fileira, sendo visualmente dividida ao meio, de forma a representar duas parcelas, quando da coleta de dados. Todas as plantas nas fileiras de famílias selecionadas e na de testemunha foram despendoadas manualmente.

Para mensuração de CE das famílias e da testemunha, foi utilizada uma amostra de 10 g de grãos de cada planta, obedecendo aos mesmos procedimentos descritos anteriormente.

O peso total de espigas de cada família também foi mensurado com o objetivo de se verificar a correlação existente entre os resultados do teste e do lote, em relação às famílias selecionadas no teste de progênies. Os dados de peso de espigas foram corrigidos para o estande ideal de plantas por parcela, pelo coeficiente de regressão entre peso de espigas e estande final da parcela.

Durante a fase de enchimento de grãos, foi realizada, dentro de cada família, uma seleção fenotípica, marcando-se de vermelho, com o auxílio de um “spray”, as plantas que apresentaram melhor aspecto quanto ao porte, prolificidade, vigor e resistência a doenças.

Após a colheita, as espigas das plantas selecionadas e não-selecionadas no campo foram submetidas a novo processo seletivo, considerando tipo e cor dos grãos. Foi, então, reduzido para 20 o número de plantas por família a serem avaliadas, quanto à CE, para posterior seleção das 10 melhores dentro de cada família.

Contudo, como será visto nos resultados, uma das famílias no lote de recombinação praticamente não produziu grãos, pois as plantas apresentaram porte extremamente reduzido, provavelmente pela intolerância às baixas temperaturas. Dessa forma, para dar continuidade ao trabalho, foi realizada seleção massal dentro das 380 progênies avaliadas, obtendo-se as 196 famílias superiores quanto à CE, para uso em um próximo ciclo. Entretanto, para simular uma seleção dentro de cada família, foi necessária a seleção de 11 progênies nas 6 famílias que apresentaram maiores médias de CE e de 10 progênies nas 13 demais famílias, totalizando dessa forma as 196 famílias necessárias.

Foram obtidas também as estimativas de ganho para peso de grãos, através de seleção massal e estimativas através de seleção dentro de famílias, caso a seleção no lote de recombinação tivesse sido realizada com base nesta característica.

3.2.2.1. Estimação de parâmetros genéticos no lote de recombinação

Os dados do lote de recombinação foram utilizados para a estimação de parâmetros genéticos, como variância genotípica entre e dentro de famílias de meios-irmãos, variância genética aditiva, variância devido à dominância, herdabilidades em sentido amplo e restrito em nível de indivíduo, para uso na seleção massal, e de indivíduo dentro de família, com o objetivo de avaliar a eficiência da seleção dentro.

Dessa forma, foi possível a comparação entre os resultados obtidos com a seleção massal e com a seleção dentro das famílias.

Para avaliação de capacidade de expansão (CE), foram obtidas medidas das 20 plantas selecionadas dentro de cada família e de dez plantas, tomadas ao acaso, entre as não-selecionadas. Mensurações de CE também foram tomadas em dez plantas, tomadas ao acaso, de cada parcela da testemunha IAC-112.

Para avaliação de produção de grãos (PG) foram obtidas medidas individuais, de quinze plantas, tomadas ao acaso, em cada família. Mensurações individuais de PG também foram obtidas, em cinco plantas, tomadas ao acaso, de cada parcela da testemunha IAC-112.

Com base nos valores dos indivíduos nas fileiras de famílias e nas parcelas de testemunha, foram obtidos, respectivamente, os valores da variância fenotípica total e da variância ambiental total. Assim, por diferença, foi obtido o valor da variância genotípica total. Com esses valores individuais, também foi possível a obtenção das variâncias fenotípica dentro de cada família e da variância ambiental dentro de cada repetição da testemunha, possibilitando, então, o cálculo da variância fenotípica média dentro e da variância ambiental média dentro. E assim, por diferença, foi obtida a variância genotípica média dentro.

Com base nas médias dos valores apresentados pelos indivíduos, de cada família e em cada parcela de testemunha, foram obtidos, respectivamente, os valores das variâncias fenotípica entre e ambiental entre famílias. Por diferença foi obtido o valor da variância genotípica entre.

O estimador da variância genotípica dentro é:

$$\hat{\sigma}_{twFMI}^2 = \left(\frac{3-F}{4} \right) \hat{\sigma}_A^2 + \hat{\sigma}_D^2$$

Para estimação da herdabilidade em sentido amplo, em nível de indivíduo e de indivíduo dentro de família, foram empregadas, respectivamente, as seguintes expressões:

$$h_A^2 = \frac{\hat{\sigma}_{iFMI}^2}{\hat{\sigma}_{PFMI}^2} \quad \text{e} \quad h_A^2 = \frac{\left(\frac{3-F}{4} \right) \hat{\sigma}_A^2 + \hat{\sigma}_D^2}{\hat{\sigma}_{PwFMI}^2},$$

em que

$\hat{\sigma}_{iFMI}^2$ = estimador da variância genotípica total no lote de recombinação;

$\hat{\sigma}_{PFMI}^2$ = estimador da variância fenotípica total no lote de recombinação; e

$\hat{\sigma}_{PwFMI}^2$ = estimador da variância fenotípica média dentro de famílias de meios-irmãos.

Para estimação da herdabilidade em sentido restrito, em nível de indivíduo e de indivíduo dentro de família, foram empregadas, respectivamente, as seguintes expressões:

$$h_R^2 = \frac{\hat{\sigma}_A^2}{\hat{\sigma}_{PFMI}^2} \quad \text{e} \quad h_R^2 = \frac{\left(\frac{3-F}{4} \right) \hat{\sigma}_A^2}{\hat{\sigma}_{PwFMI}^2}.$$

Para predição de ganho devido à seleção massal, foram empregadas as seguintes expressões:

$$\Delta G = p.DS.h^2 \quad \text{e} \quad \Delta G = p.i. \frac{\hat{\sigma}_{iFMI}^2}{\sqrt{\hat{\sigma}_{PFMI}^2}},$$

em que

ΔG = ganho genético devido à seleção massal;

p = controle parental ($p = 0,5$);

DS = diferencial de seleção;

i = intensidade de seleção ($i = 1,458$, correspondente a uma proporção de $196/1071 = 18,3\%$);

$h^2 = h_A^2$, h_R^2 = herdabilidades, em sentidos amplo e restrito, em nível de indivíduo, respectivamente.

Ao utilizar intensidade de seleção, para predizer os ganhos devido à seleção massal, o valor de $\hat{\sigma}_{iFMI}^2$ corresponderá à variância genotípica total, estimada do lote de recombinação quando em sentido amplo, e será equivalente à variância genética aditiva estimada quando em sentido restrito.

Considerando seleção dentro das famílias, para predições de ganho, serão empregadas as seguintes expressões:

$$\Delta G_W = p \cdot DS_W \cdot h^2 \text{ e } \Delta G_W = p \cdot i \cdot \frac{\hat{\sigma}_{iW FMI}^2}{\sqrt{\hat{\sigma}_{PW FMI}^2}},$$

em que

ΔG_W = ganho genético devido à seleção dentro das famílias;

DS_W = diferencial de seleção;

i = intensidade de seleção dentro ($i = 1,372$, correspondente a uma proporção média de 21%);

$h^2 = h_A^2$, h_R^2 = herdabilidades, em sentidos amplo e restrito, em nível de indivíduo dentro de família, respectivamente.

A intensidade de seleção dentro ($i = 1,372$) foi obtida através da média das proporções de indivíduos selecionados dentro de cada família.

Ao considerar seleção dentro das famílias, com o uso de intensidade de seleção, o valor de $\hat{\sigma}_{iW FMI}^2$ corresponderá à variância genotípica dentro do lote quando em sentido amplo e equivalente à $\left(\frac{3-F}{4}\right)$ da variância genética aditiva quando em sentido restrito.

As intensidades de seleção utilizadas para predição de ganho, em produção de grãos, devido à seleção massal, e em nível de indivíduo dentro de

família, para predição de ganho por seleção dentro foram as mesmas utilizadas para a característica capacidade de expansão.

3.2.3. Teste de competição

A fim de permitir uma base para medir o progresso conseguido pelas populações obtidas neste trabalho e possibilitar ainda comparações com padrões comerciais, e outras populações envolvidas no Programa de Melhoramento de Milho do Setor de Genética, do Departamento de Biologia Geral da UFV, foram considerados os dados de um teste de competição, instalado em fevereiro de 2000 na Estação Experimental de Coimbra-MG, envolvendo os seguintes tratamentos:

- População Beija-Flor original (BF);
- Beija-Flor endogâmico ($F = 1/2$);
- Beija-Flor (obtido através de seleção entre);
- Beija-Flor ciclo 1 (obtido através de seleção entre e dentro);
- População Viçosa (V);
- Viçosa (obtido através de seleção entre);
- Viçosa ciclo 1 (obtido através de seleção entre e dentro);
- População Branco (B);
- População Amarelo (A);
- V x B x BF (obtido do cruzamento de Viçosa como progenitor feminino com as populações Branco e Beija-Flor, usando mistura de pólen);
- BF x V x B (obtido do cruzamento de Beija-Flor como progenitor feminino com as populações Viçosa e Branco, usando mistura de pólen);
- Híbrido BF x V;
- Híbrido B x A;
- Variedade RS-20;
- População DFT1 – Ribeirão;
- Híbrido triplo Zélia;
- Híbrido simples modificado IAC-112.

Os tratamentos variedade RS-20, híbrido triplo Zélia e híbrido simples modificado IAC-112 são tipos comerciais, apresentando grãos amarelos do tipo pérola. O tratamento DFT1-Ribeirão é uma população obtida de cruzamentos de compostos indígenas com cultivares comerciais, apresentando, também, grãos amarelos do tipo pérola.

Os demais tratamentos são provenientes do banco de germoplasma do Programa de Melhoramento de Milho do Setor de Genética, do Departamento de Biologia Geral da Universidade Federal de Viçosa. Com exceção do tratamento Branco, cujos grãos são brancos, todos os demais apresentam grãos de coloração amarela. Todos apresentam grãos do tipo pérola.

Este experimento foi conduzido na Estação Experimental de Coimbra – MG, segundo o delineamento de blocos casualizados completos, com quatro repetições. Cada parcela foi formada por duas fileiras de 5,0 m de comprimento, espaçadas entre si por 0,9 m, com 25 plantas cada, após desbaste.

Para determinação de CE, foi tomada amostra de 30 g de grãos por parcela.

As 196 famílias de ciclo 1 obtidas neste trabalho foram instaladas em janeiro de 2000, na Estação Experimental de Coimbra-MG, para um novo ciclo de seleção entre e dentro. Dessa forma, foi possível verificar, em período de safra, a eficiência da estratégia de melhoramento utilizada neste trabalho.

No teste de progênies, no lote de recombinação, no teste de competição e no teste de progênies do ciclo 1, as capinas, irrigações, controle de lagarta do cartucho, e outras práticas culturais foram feitos de acordo com o recomendado para a cultura e conforme a necessidade.

4. RESULTADOS E DISCUSSÃO

4.1. Teste de progênies

4.1.1. Análises de variância

Em virtude das perdas de parcelas ocorridas no teste de progênies, os dados foram analisados segundo o delineamento em blocos casualizados completos. Para uma análise mais precisa dos dados, foi necessária a retirada de 22 famílias devido a variâncias elevadas, sendo 12 para número de plantas e 10 para capacidade de expansão (CE).

Para os caracteres CE, peso de cem grãos (PCG) e produção de grãos (PG), foi verificada existência de variabilidade e, conseqüentemente, a possibilidade de se realizar melhoramento na população em estudo. Para os demais caracteres, foi verificada estatisticamente uma uniformidade entre as médias das famílias avaliadas (Quadro 3).

Verifica-se que, em média, a população Beija-Flor possui altura de planta (AP) e de espiga (AE) consideradas satisfatórias para uma população de milho pipoca, explicando, de certa forma, as pequenas proporções de plantas acamadas (PPA) e quebradas (PPQ) na população. Para esses caracteres, (PPA) e (PPQ), dados os coeficientes de variação elevados, quaisquer inferências ficariam comprometidas. O mesmo acontece ao levar em

consideração os caracteres proporção de espigas mal empalhadas (PEME), proporção de espigas atacadas por pragas (PEAP) e proporção de espigas atacadas por doenças (PEAD).

De acordo com SCAPIM et al. (1995), os coeficientes de variação encontrados para os caracteres altura de planta (AP), altura de espiga (AE), índice de prolificidade (IP), peso de cem grãos (PCG) e produção de grãos (PG) foram classificados como muito altos.

Como em geral o milho pipoca caracteriza-se por apresentar plantas prolíficas, ou seja, plantas com, pelo menos, duas espigas, verifica-se que a população Beija-Flor não apresenta prolificidade (IP) satisfatória. Vale salientar que esta população, ainda não melhorada, apresenta CE média superior em praticamente 10 unidades à mínima recomendada para comercialização. Verifica-se também que sua produção é superior à média geral do Ensaio Nacional de Milho Pipoca, no ano agrícola 91/92, que foi de 2.075 kg/ha, onde o cultivar mais produtivo produziu 3.058 kg/ha (PACHECO, 1992).

Quadro 3 - Resumo das análises de variância do teste de progênes para as características altura de planta (AP, m), altura de espiga (AE, m), índice de prolificidade (IP), proporção de plantas acamadas (PPA), proporção de plantas quebradas (PPQ), proporção de espigas mal empalhadas (PEME), proporção de espigas atacadas por pragas (PEAP), proporção de espigas atacadas por doenças (PEAD), capacidade de expansão (CE, ml/g), peso de cem grãos (PCG, g), produção de grãos (PG, kg/ha), coeficientes de variação (CV, %) e valores médios obtidos para cada característica

F.V.	G. L.	Quadrados Médios					
		AP	AE	IP	PPA	PPQ	PEME
Blocos	1	7,236	1,959	1,086	1,436	0,050	0,076
Tratamentos	173	0,0488 ^{ns}	0,0184 ^{ns}	0,1686 ^{ns}	0,0526 ^{ns}	0,0139 ^{ns}	0,0309 ^{ns}
Resíduo	173	0,0503	0,0182	0,1617	0,0516	0,0137	0,0333
Média		1,72	0,84	1,20	0,34	0,16	0,11
CV (%)		13,01	16,07	33,46	66,92	73,99	158,88

		PEAP	PEAD	CE	PCG	PG
Blocos	1	0,061	0,101	87,832	6,157	10135129,5
Tratamentos	173	0,0239 ^{ns}	0,0217 ^{ns}	21,3366*	4,8289*	1667862,3*
Resíduo	173	0,0268	0,0209	15,6196	3,734	1243707,5
Média		0,21	0,17	24,48	13,73	2882,4
CV (%)		76,99	84,92	16,14	14,07	38,69

^{ns} : Não significativo a 5% de probabilidade;

*: Significativo a 5%.

4.1.2. Estimação de parâmetros

No Quadro 4, encontram-se as estimativas dos coeficientes de correlação entre médias genóticas de mesma família entre os caracteres que apresentaram variabilidade genética.

Quadro 4 - Estimativas dos coeficientes de correlação genética aditiva entre os caracteres capacidade de expansão (CE, ml/g), peso de cem grãos (PCG, g) e produção de grãos (PG, kg/ha)

Caracteres	PCG	PG
CE	- 0,6006	- 0,0995
PCG		0,7456

Segundo VIANA (1996a), a correlação entre médias genóticas de mesma família de meios-irmãos é a correlação entre valores genéticos aditivos de mesmo indivíduo na população de referência, ou seja, é a correlação genética aditiva na população base.

A correlação entre PCG e CE foi negativa, indicando que, ao realizar seleção truncada para CE, acarretará redução no peso médio de grãos. A correlação entre PG e PCG foi positiva, indicando que ao realizar seleção truncada para produção ocorrerá aumento no peso médio de grão. A correlação nula apresentada entre CE e PG demonstra ser vantajosa, pois indica a possibilidade de se realizar seleção em uma dessas características, sem acarretar prejuízos para a outra.

Neste trabalho, o cálculo das correlações parciais foi considerado. As correlações parciais existentes entre essas três características podem ser verificadas no Quadro 5.

Quadro 5 - Correlações parciais entre os caracteres capacidade de expansão (CE, ml/ g), peso de cem grãos (PCG, g) e produção de grãos (PG, kg/ha)

Caracteres	PCG	PG
CE	- 0,7939	0,6537
PCG		0,8621

Pelo resultado apresentado para a correlação parcial entre CE e PG (0,6537), removendo-se os efeitos de PCG, e para a correlação parcial entre PCG e PG (0,8621), removendo-se os efeitos de CE, é possível obter resposta correlacionada na produtividade, tanto via CE quanto pelo tamanho de grãos, desde que se selecionem as famílias de maiores grãos entre as de maior CE. Ao remover as influências de PG, aumenta a correlação entre CE e PCG (-0,7939), indicando, como demonstrado na correlação simples (-0,6006), que seleção de famílias com maior CE, irá acarretar em decréscimo no peso médio de grão.

Em razão de as estimativas das correlações parciais de CE e PG com PCG terem sinais opostos, é difícil prever a alteração indireta no peso médio de grão em razão da seleção com base nas primeiras características.

No Quadro 6 estão apresentados os demais parâmetros genéticos para as características avaliadas e os ganhos preditos, com base nas seleções truncadas em CE e PG. Considerando-se a falta de variabilidade apresentada para AE, IP, PEAD, PPA e PPQ, verificam-se as inexpressivas estimativas de ganhos apresentados por essas características.

Como a correlação existente entre CE e PG é negativa e de pequena magnitude, já era de se esperar o pequeno decréscimo na produção, como consequência da seleção truncada sobre CE. Guardadas as situações em que as correlações tiveram direções diferentes, o mesmo raciocínio foi utilizado ao se realizar seleção truncada em PG, observando-se que a seleção com base nessa característica irá acarretar acréscimo no peso médio de grãos e pequena redução nos valores de CE.

Quadro 6 - Estimativas da variâncias fenotípica entre ($\hat{\sigma}_P^2$), da variância genotípica entre ($\hat{\sigma}_G^2$) e da variância genética aditiva ($\hat{\sigma}_A^2$), das herdabilidades em nível de média de família (h^2), dos valores mínimos, médios e máximos, dos diferenciais de seleção (DS), dos ganhos por seleção (GS) e dos ganhos percentuais (GS%), com base em seleção truncada em CE^{1/} e com base em seleção truncada em PG^{2/}, para os caracteres altura de espiga (AE, m), índice de prolificidade (IP), proporção de espigas atacadas por doenças (PEAD), proporção de plantas acamadas (PPA), proporção de plantas quebradas (PPQ), capacidade de expansão (CE, ml/g), peso de cem grãos (PCG, g), produção de grãos (PG, kg/ha)

	AE	IP	PEAD	PPA
$\hat{\sigma}_P^2$	0,009226	0,084294	0,010846	0,026323
$\hat{\sigma}_G^2$	0,000137	0,003453	0,000366	0,000492
$\hat{\sigma}_A^2$	-	-	-	-
h^2 (%)	1,484	4,096	3,376	1,869
Mínimo	0,40	0,08	0,001	0,04
Média	0,84	1,21	0,18	0,33
Máximo	1,42	2,36	1,0	1,0
DS ^{1/}	0,0112	- 0,025	- 0,006	0,0276
GS ^{1/}	0,00017	- 0,001	- 0,0002	0,0005
GS (%) ^{1/}	0,02	- 0,09	- 0,11	0,16
DS ^{2/}	0,0894	0,2672	- 0,0099	- 0,05
GS ^{2/}	0,00133	0,01095	- 0,0003	- 0,001
GS (%) ^{2/}	0,16	0,90	- 0,19	- 0,28

Continua...

Quadro 6, Cont.

	PPQ	CE ^{3/}	PCG ^{3/}	PG ^{3/}
$\hat{\sigma}_P^2$	0,006937	10,668302	2,414449	833931,170763
$\hat{\sigma}_G^2$	0,000072	2,858495	0,547454	212077,432726
$\hat{\sigma}_A^2$	-	7,62 ± 3,77 (49,46%)	1,46 ± 0,87 (59,6%)	565539,8 ± 296556,2 (52,4%)
h ² (%)	1,031	26,79	22,674	25,43
Mínimo	0,04	9,77	7,61	289,565
Média	0,16	24,36	13,74	2908,51
Máximo	0,91	34,33	19,82	6965,39
DS ^{1/}	- 0,008	5,297	- 0,211	- 82,95
GS ^{1/}	- 0,0001	1,42	- 0,048	- 21,10
GS (%) ^{1/}	- 0,05	5,83	- 0,35	- 0,73
DS ^{2/}	0,01093	- 0,91	0,9854	1733,12
GS ^{2/}	0,00011	- 0,24	0,2234	440,75
GS (%) ^{2/}	0,07	- 1,0	1,63	15,15

^{3/} As estimativas de variância genética aditiva, juntamente com seus desvios padrão, foram obtidas para as características CE, PCG e PG por terem variabilidade genética e, dessa forma, possibilitarem melhoramento por seleção.

Neste trabalho, em que as herdabilidades são de pequena magnitude, a média fenotípica da família não é um bom indicador da qualidade do valor genético aditivo do pai comum e, dessa forma, ao selecionar as famílias com médias fenotípicas superiores, o melhorista não necessariamente irá selecionar os pais com maior número de genes desejáveis, pois a correlação existente entre média fenotípica de progênie e o valor genético aditivo do pai comum é baixa, ou seja, 0,5 para CE e 0,5 para produção (VIANA, 1996b). Portanto, pode-se considerar que a seleção com base em CE e PG terá eficiência em nível intermediário.

4.1.3. Pesos econômicos para os caracteres CE e produção de grãos

Para encontrar os pesos econômicos das características CE e produção de grãos, foi necessária a construção da variável volume de pipoca produzida por hectare (litros/ha). Essa variável corresponde ao produto dos valores de CE (ml/g) e de produção de grãos (kg/ha), correspondentes a cada população (Quadro 7).

Assim, com os volumes de pipoca produzidos pelas populações obtidas pelas seleções truncadas somente para CE e somente para produção de grãos, obtém-se os valores dos aumentos, em volume de pipoca, em relação ao produzido pela população base.

Ao dividir esses valores pelas estimativas de ganhos, para cada característica, respectivamente em cada seleção, obtém-se os respectivos ganhos por unidade de CE ou kg/ha de grãos. Dessa forma, torna-se possível a obtenção dos pesos econômicos das características CE e produção de grãos através da relação entre os ganhos por unidade de CE e kg de grãos.

Verifica-se, por estes resultados, considerando a renda proporcionada pela venda da pipoca expandida, que um aumento de 112 kg de grãos equivale, economicamente, a um aumento de uma unidade de CE. Entretanto, vale ressaltar que esses pesos valem somente para a população envolvida neste trabalho e, portanto, novos cálculos devem ser feitos ao considerar outras populações.

Quadro 7 - Obtenção dos pesos econômicos para os caracteres capacidade de expansão (CE, ml/g) e produção de grãos (PG, kg/ha) utilizados nos índices de seleção

Característica	População base ^{1/}	População obtida com seleção para CE *	População obtida com seleção para produção *
CE	24,36	25,78 (+1,42)	24,12 (-0,24)
Produção de grãos	2908,51	2887,41 (-21,1)	3349,26 (+440,75)
Volume de pipoca (CE x Produção)	70851,3	74437,43	80784,15
Aumento em relação à população base		3586,13	9932,85
Ganho por unidade de CE ou kg de grãos		3586,13/1,42 = 2525,44 (1)	9932,85/440,75 = 22,54 (2)
Relação (1) / (2)		112	

^{1/} Valores obtidos, considerando as 196 famílias do teste de progênies.

* Os valores entre parênteses correspondem aos valores estimados de ganhos ou reduções para cada característica, respectivamente, em cada seleção.

Como Beija-Flor e as populações obtidas com seleção para CE e com seleção para produção dificilmente seriam distinguidas no comércio, quanto à qualidade (CE), pressupõe-se que o valor pago pelo quilo de grãos seja o mesmo para todas, possibilitando, dessa forma, a comparação entre elas sem uso de valores monetários, além de não haver ainda no mercado uma escala de preços que distingam índices de capacidade de expansão.

4.1.3.1. Índices de seleção

Definiu-se o número de vinte famílias de meios-irmãos que deveriam ser selecionadas para compor o lote de recombinação. De acordo com o índice livre de pesos ou parâmetros, proposto por ELSTON (1963), utilizando a média das características CE e PG como ponto de corte, foi verificado que seis famílias (191, 204, 51, 115, 147 e a 189) não possuíam sementes remanescentes suficientes para o lote de recombinação, sendo, portanto, excluídas (Quadro 8). Dessa forma, para ser possível a predição de ganhos em vinte famílias selecionadas, foi estipulado um ponto de corte para CE de 26 ml/g e para produção de grãos de 3.180 kg/ha.

Quadro 8 - Famílias selecionadas pelo índice livre de pesos ou parâmetros

Família	CE	Produção	Famílias selecionadas
26	32,79	3822,308	X
20	30,98	3676,061	X
34	30,58	3329,271	X
152	29,62	3661,170	X
171	29,28	3751,254	X
68	28,69	4130,171	X
16	28,67	4151,969	X
115	28,45	3217,882	(-)
56	27,95	3306,161	X
179	27,92	3186,673	X
204	27,86	3634,738	(-)
189	27,71	3228,200	(-)
161	27,41	3338,106	X
29	27,11	4948,499	X
30	27,06	4710,875	X
57	27,04	3719,295	X
86	26,98	3870,737	X
147	26,94	3180,052	(-)
7	26,87	3812,612	X
51	26,74	3314,425	(-)
191	26,66	4169,669	(-)
183	26,63	3539,458	X
36	26,46	4431,332	X
48	26,31	3875,689	X
81	26,13	5762,616	X
33	26,03	4114,544	X

X - Famílias selecionadas pelo índice livre de pesos ou parâmetros.

(-) Famílias eliminadas pela falta de sementes remanescentes.

Assim, foram realizadas as predições de ganhos por índices de seleção, considerando as médias das 196 famílias do teste de progênie e as 190 famílias remanescentes, para verificar se, com a exclusão dessas seis famílias, houve modificações relevantes quanto aos ganhos estimados. Vale ressaltar que as matrizes de variâncias e covariâncias, fenotípicas e genotípicas, foram obtidas com base nas 174 famílias utilizadas para as análises de variância.

No Quadro 9, encontram-se os ganhos preditos das características avaliadas, de acordo com os 10 índices de seleção utilizados, com base na seleção simultânea para capacidade de expansão (CE, ml/g) e produção de grãos (kg/ha), levando-se em consideração as 190 e 196 famílias.

Os valores utilizados para o índice dos ganhos desejados, proposto por PESEK e BAKER (1969), foram estabelecidos com base em unidades de desvios padrão da variância genética aditiva dos caracteres CE e produção de grãos. Foi utilizada a combinação de uma unidade de desvio padrão para os dois caracteres (no índice 3) e a combinação de duas unidades para CE e de uma para produção de grãos (no índice 4).

Os ganhos preditos demonstram ser equivalentes com as famílias selecionadas nas 196 possíveis originalmente e com as selecionadas nas 190 famílias possíveis, após terem sido removidas das análises as famílias que não poderiam contribuir para o lote de recombinação. Dessa forma, optou-se por realizar inferências em relação aos dados apresentados pelas 196 famílias.

Os valores estimados de ganhos não foram muito diferentes entre os índices, para a maioria dos caracteres. Entretanto, alguns índices não poderiam ser utilizados por fornecerem estimativas que valorizam mais a capacidade de expansão em detrimento da produtividade e vice versa.

Por possuírem diferentes estratégias de seleção, os ganhos estimados com diferentes índices de seleção foram distintos. Como o objetivo principal deste trabalho é de se melhorar os caracteres CE e produção de grãos, uma comparação simples entre os resultados obtidos pelos índices pode ser feita com base no Quadro 10.

Quadro 9 - Ganhos preditos considerando seleção simultânea para CE e produção de grãos, de acordo com 10 índices de seleção envolvendo as 196 famílias originais e as 190 famílias depois de retiradas as seis famílias com poucas sementes remanescentes^{1/}

Índices		AE	IP	PPA	PPQ	PEAD	CE	PCG	PG
1	GS	0,0009	0,015	- 0,0005	- 0,00009	- 0,00116	0,675	0,167	362,61
	GS (%)	0,11	1,24	- 0,15	- 0,06	- 0,64	2,77	1,21	12,47
1*	GS	0,0008	0,015	- 0,00017	- 0,00011	- 0,0009	0,754	0,167	356,33
	GS (%)	0,10	1,24	- 0,05	- 0,07	- 0,5	3,11	1,22	12,32
2	GS	0,0004	0,0105	- 0,0007	- 0,0002	- 0,0009	1,00	0,137	273,02
	GS (%)	0,05	0,86	- 0,21	- 0,12	- 0,50	4,10	1,0	9,39
2*	GS	0,0006	0,0106	- 0,0005	- 0,00016	- 0,00085	1,006	0,1188	271,03
	GS (%)	0,07	0,88	- 0,15	- 0,09	- 0,46	4,13	0,87	9,37
3	GS	0,0009	0,012	- 0,0007	- 0,00006	- 0,0009	0,965	0,148	308,82
	GS (%)	0,10	0,98	- 0,23	- 0,04	- 0,48	3,96	1,08	10,62
3*	GS	0,0008	0,013	- 0,0005	- 0,00004	- 0,0011	0,946	0,152	318,63
	GS (%)	0,09	1,09	- 0,14	- 0,02	- 0,58	3,90	1,11	11,02
4	GS	0,0007	0,0088	0,0003	- 0,0003	- 0,0003	1,167	0,122	237,49
	GS (%)	0,09	0,73	0,09	- 0,16	- 0,16	4,79	0,89	8,17
4*	GS	0,0005	0,0092	0,0005	- 0,0002	- 0,0001	1,254	0,042	203,77
	GS (%)	0,06	0,76	0,16	- 0,11	- 0,07	5,17	0,31	7,05
5	GS	0,0008	0,0085	- 0,00018	- 0,00027	- 0,0009	1,038	0,195	258,78
	GS (%)	0,10	0,70	- 0,05	- 0,17	- 0,50	4,26	1,42	8,90
5*	GS	0,0006	0,012	- 0,0004	- 0,00015	- 0,0008	0,99	0,137	290,53
	GS (%)	0,08	1,0	- 0,12	- 0,09	- 0,44	4,08	1,0	10,05
6	GS	0,0002	- 0,001	0,0005	- 0,00009	- 0,0002	1,419	- 0,048	- 21,09
	GS (%)	0,02	- 0,09	0,16	- 0,05	- 0,11	5,83	- 0,35	- 0,73
6*	GS	0,0001	- 0,0009	0,00047	- 0,00006	- 0,00005	1,443	- 0,083	- 26,82
	GS (%)	0,01	- 0,07	0,14	- 0,04	- 0,03	5,94	- 0,60	- 0,93
7	GS	0,0013	0,0109	- 0,0009	0,00011	- 0,0003	- 0,24	0,2234	440,75
	GS (%)	0,16	0,90	- 0,28	0,07	- 0,19	- 1,0	1,63	15,15
7*	GS	0,0013	0,0106	- 0,0007	0,00016	- 0,0004	- 0,26	0,204	444,56
	GS (%)	0,16	0,87	- 0,21	0,10	- 0,22	- 1,1	1,49	15,38
8	GS	0,0012	0,0129	- 0,00065	0,00004	- 0,0003	0,375	0,1641	402,06
	GS (%)	0,14	1,07	- 0,19	0,03	- 0,19	1,54	1,19	13,82
8*	GS	0,0012	0,0131	- 0,00058	0,00009	- 0,0005	0,320	0,1836	411,92
	GS (%)	0,14	1,08	- 0,17	0,06	- 0,30	1,32	1,34	14,25
9	GS	0,0014	0,0104	- 0,0008	0,0001	- 0,0003	- 0,32	0,2186	440,66
	GS (%)	0,16	0,86	- 0,25	0,07	- 0,18	- 1,31	1,59	15,15
9*	GS	0,0013	0,0106	- 0,0007	0,0002	- 0,0004	- 0,35	0,2294	444,11
	GS (%)	0,16	0,88	- 0,20	0,13	- 0,23	- 1,43	1,67	15,36
10	GS	0,0012	0,0129	- 0,00065	0,00004	- 0,00034	0,375	0,164	402,06
	GS (%)	0,14	1,07	- 0,19	0,03	- 0,19	1,54	1,19	13,82
10*	GS	0,0012	0,0131	- 0,00058	0,00009	- 0,00054	0,320	0,184	411,92
	GS (%)	0,14	1,08	- 0,17	0,06	- 0,30	1,32	1,34	14,25

^{1/} Altura de espiga (AE, m), índice de prolificidade (IP), proporção de plantas acamadas (PPA), proporção de plantas quebradas (PPQ), proporção de espigas atacadas por doenças (PEAD), capacidade de expansão (CE, ml/g), peso de cem grãos (PCG, g), produção de grãos (PG, kg/ha);

GS – Ganhos devido à seleção; GS (%) – Ganhos percentuais devido à seleção.

1 – Índice Multiplicativo (SUBANDI et al., 1973), com relação índice-variável direta;

2 – Índice Livre de Pesos ou Parâmetros (ELSTON, 1963), com critérios de seleção de CE maior que 26 ml/g e produção de grãos superior a 3.180 kg/ha;

3 – Índice Baseado nos Ganhos Desejados (PESEK e BAKER, 1969), cujos ganhos desejados foram de 3 unidades para CE e de 752 kg/ha para produção de grãos;

4 – Índice Baseado nos Ganhos Desejados (PESEK e BAKER, 1969), cujos ganhos desejados foram de 6 unidades para CE e de 752 kg/ha para produção de grãos;

5 – Índice Baseado em Soma de Ranks (MULAMBA e MOCK, 1978), cujos pesos econômicos foram de 1 para CE e para produção de grãos;

6 – Índice Baseado em Soma de Ranks (MULAMBA e MOCK, 1978), cujos pesos econômicos foram de 112 para CE e de 1 para produção de grãos;

7 – Índice Base (WILLIAMS, 1962), cujos pesos econômicos foram de 1 para CE e para produção de grãos;

8 – Índice Base (WILLIAMS, 1962), cujos pesos econômicos foram de 112 para CE e de 1 para produção de grãos;

9 – Índice Clássico (SMITH, 1936 e HAZEL, 1943), cujos pesos econômicos foram de 1 para CE e para produção de grãos;

10 – Índice Clássico (SMITH, 1936 e HAZEL, 1943), cujos pesos econômicos foram de 112 para CE e de 1 para produção de grãos.

* São os respectivos índices de seleção, considerando a ausência das famílias 115, 204, 189, 147, 51 e 191, por possuírem poucas sementes para o lote de recombinação.

Quadro 10 - Comparação entre os ganhos estimados, com o uso de vários tipos de seleção envolvendo os caracteres CE (ml/g) e PG (kg/ha)

Tipos de seleção ^{1/}	Ganho em CE	CE estimada	Ganho em PG	Produção estimada	Volume de pipoca
X	1,42	25,78	- 21,10	2887,41	74437,43
Y	- 0,24	24,12	440,75	3349,26	80784,15
1	0,67	25,03	362,61	3271,12	81892,49
2	1,00	25,36	273,02	3181,53	80651,78
3	0,96	25,32	308,82	3217,33	81462,79
4	1,17	25,53	237,50	3146,01	80317,63
5	1,04	25,40	258,78	3167,29	80449,17
6	1,42	25,78	- 21,10	2887,41	74437,43
7	- 0,24	24,12	440,75	3349,26	80784,15
8	0,37	24,73	402,06	3310,57	81886,95
9	- 0,32	24,04	440,66	3349,17	80514,05
10	0,37	24,73	402,06	3310,57	81886,95

^{1/} X – Seleção direta sobre CE;

Y – Seleção direta sobre produção de grãos;

1 a 10 – Índices de seleção, idem à nota do rodapé do Quadro 9.

Observa-se que os ganhos estimados por X e Y são idênticos, respectivamente, aos estimados pelos índices 6 e 7. Os índices 8 e 10 também apresentaram resultados idênticos ao considerar os pesos econômicos de 112 para CE e de 1 para produção de grãos.

Como os principais objetivos deste trabalho são a melhoria simultânea dos caracteres CE e produção de grãos, não é interessante o uso de índices que resultem na redução da média de uma dessas características. Dessa forma, pelos resultados apresentados, as seleções diretas X e Y, e os índices 6, 7 e 9 não poderiam ser utilizados.

Verifica-se que os índices 1, 2, 3, 4, 5, 8 e 10 apresentam ganhos satisfatórios tanto para CE quanto para produção de grãos. Alguns índices apresentaram maiores volumes de pipoca devido a uma maior estimativa de ganho para produção. Não obstante, qualquer um desses índices pode ser o escolhido para a seleção das famílias a serem recombinadas, para o prosseguimento do programa de melhoramento da população Beija-Flor.

O índice utilizado na prática, livre de pesos ou parâmetros, proposto por ELSTON (1963), com os critérios de seleção sendo CE maior que 26 e produtividade superior a 3.180 kg/ha, além dos ganhos para CE e

produtividade, apresentou, indiretamente, estimativa de ganho para peso de cem grãos. O uso desse índice proporcionou estimativas de ganhos equivalentes a 70,42% do ganho direto para CE, e a 61,94% do ganho direto para produção, demonstrando-se satisfatório o uso desse índice no melhoramento da população Beija-Flor.

4.1.3.2. Seleção com base nos índices

As famílias que poderiam compor o lote de recombinação, de acordo com cada índice de seleção, estão descritas no Quadro 11.

Considerando as 196 famílias do teste de progênes, as 20 famílias a serem selecionadas em cada índice receberam, como forma de discriminação, a letra A. Após a remoção das seis famílias foram realizadas novas seleções com cada índice, em que cada família selecionada passou a receber a letra B. Nota-se que, em geral, não houve muitas modificações no conjunto de famílias selecionadas, ficando, portanto, a maioria das famílias com as letras AB.

Quadro 11 - As 20 melhores famílias de acordo com cada tipo de seleção^{1/}

Famílias selecionadas	Tipos de Seleção ^{2/}											
	X	Y	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10
7			AB	AB	AB		AB					
13		AB							AB	B	AB	B
16	AB	AB	AB	AB	AB	AB	AB	AB	AB	AB	AB	AB
18		AB	AB		B				AB	AB	AB	AB
20	AB		AB	AB	AB	AB	AB	AB		AB		AB
26	AB		AB	AB	AB	AB	AB	AB		AB		AB
27	AB					AB		AB				
29		AB	AB	AB	AB	AB	AB		AB	AB	AB	AB
30		AB	AB	AB	AB	AB	AB		AB	AB	AB	AB
33			AB	B	AB		B			AB		AB
34	AB		B	AB	AB	AB	AB	AB				
35		B							B		AB	
36		AB	AB	AB	AB	AB	AB		AB	AB	AB	AB
43		AB	AB						AB	AB	AB	AB
45		AB							AB	AB	AB	AB
48			AB	AB	B		B					
50	AB					B		AB				
52		AB	AB		AB				AB	AB	AB	AB
53	AB					AB		AB				
56				AB		B	AB					
57				AB	AB		AB					
60		AB							AB		AB	
63	B							B				
65		AB							AB		AB	
68	AB	AB	AB	AB	AB	AB	AB	AB	AB	AB	AB	AB
69		AB	AB		AB	AB	B		AB	AB	AB	AB
71		AB							AB	AB	AB	AB
75		AB							AB		AB	
81		AB	AB	AB	AB	AB	AB		AB	AB	AB	AB
86			AB	AB	AB	AB	AB					
93	AB							AB				
99		AB	AB						AB	AB	AB	AB
104	AB							AB				
115	A						A	A	A			
151	AB						B		AB			
152	AB		AB	AB	AB	AB	AB	AB		AB		AB
161				AB			B					
165	AB							AB				
171	AB		AB	AB	AB	AB	AB	AB		AB		AB
175	AB							AB				
176	AB				AB	AB		AB				
179				B			AB					
182		AB							AB		AB	
183				AB								
185	AB							AB				
186	AB							AB				
188		AB							AB	AB	AB	AB
189							A					
191		A	A	A	A	A	A		A	A	A	A
204				A	A	A	A					
205											B	
207	AB						AB		AB			

^{1/} A – Famílias selecionadas considerando as 196 famílias do teste de progênies;

B – Famílias selecionadas após remoção das famílias com poucas sementes;

AB – Famílias selecionadas nas duas oportunidades;

^{2/} X – Seleção direta sobre CE;

Y – Seleção direta sobre produção de grãos;

1 a 10 – Índices de seleção, idem à nota do rodapé do Quadro 9.

Pela Figura 1, verifica-se o posicionamento das 196 famílias utilizadas neste trabalho, com relação às características CE e produção de grãos. No quadrante superior à direita, estão as famílias com CE superior a 26 ml/g e produção de grãos superior a 3.180 kg/ha. As famílias demarcadas com um triângulo são as que foram para o lote de recombinação, as demarcadas pelo círculo são as seis famílias que não possuíam sementes remanescentes e a cruz, ao centro, demarca os quadrantes com os limites de CE igual a 26 ml/g e produção de grãos igual a 3.180 kg/ha. Dessa forma, o índice livre de pesos e parâmetros utilizado demonstra-se eficiente ao ter selecionado, de forma prática e facilmente demonstrável, as melhores famílias deste trabalho.

Considerando as 20 possíveis famílias selecionadas por cada índice, no total foram selecionadas 52 famílias diferentes. Nota-se que alguns índices de seleção acabam por selecionar famílias que possuem valores de CE ou de produção de grãos abaixo da média, o que é indesejável dentro de um programa de melhoramento que procura elevar os níveis dessas duas características (Quadro 12).

Verifica-se que as primeiras famílias selecionadas pelo índice livre de pesos e parâmetros, considerando as 196 famílias, e as que realmente foram para o lote de recombinação são equivalentes estatisticamente para ambas as características e que somente haveria diferenças para produção de grãos se fossem comparadas a 10% de significância.

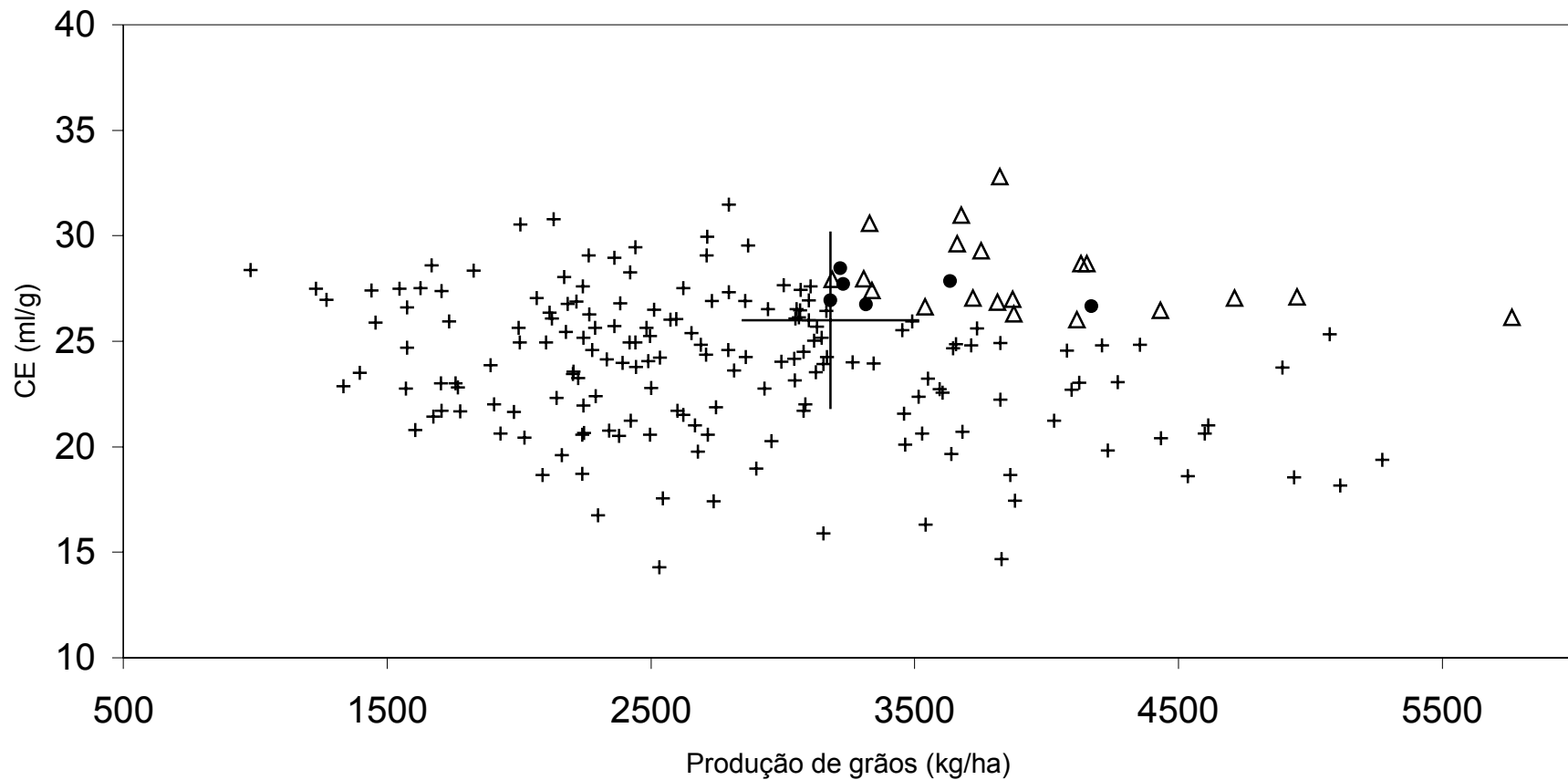


Figura 1 - Dispersão das 196 famílias com as respectivas produções de grãos e CE, com destaque das 20 famílias, em triângulos, que foram selecionadas para o lote de recombinação, das seis famílias excluídas por não possuírem sementes remanescentes, em círculos escuros, e a cruz, ao centro, demarcando os quadrantes com os limites utilizados no índice de seleção livre de pesos ou parâmetros

Quadro 12 - Comparações múltiplas com as 52 famílias selecionadas, levando em consideração todos os índices de seleção

Família	CE (ml/g)	Comparações		Família	Produção (kg/ha)	Comparações	
		1/	2/			1/	2/
26*	32,79		a	81*	5762,616		a
176	31,47		a	99	5270,760		a b
20*	30,98		a	45	5113,335		a b
207	30,79		a	69	5072,489		a b
34*	30,58		a	29*	4948,499		a b
151	30,53		a	188	4936,746		a b
27	29,96		a	52	4892,601		a b
152*	29,62		a	30*	4710,875		a b
53	29,55		a	71	4611,755		a b
185	29,45		a	13	4598,657		a b
171*	29,28		a	75	4534,737		a b
93	29,08		a	60	4433,372		a b
50	29,07		a	36*	4431,332		a b
175	28,96		a	18	4353,041		a b
68*	28,69		a	182	4268,639		a b
16*	28,67		a	65	4232,595		a b
104	28,60		a	43	4208,720		a b
115	28,45		a	191	4169,669		a b
186	28,37		a	16*	4151,969		a b
165	28,36		a	68*	4130,171		a b
63	28,28		a	35	4122,954		a b
56*	27,95		a	33*	4114,544		a b
179*	27,92		a	205	4093,973		a b
204	27,86		a	48*	3875,689		a b
189	27,71		a	86*	3870,737		a b
161*	27,41		a	26*	3822,308		a b
29*	27,11		a	7*	3812,612		a b
30*	27,06		a	171*	3751,254		a b
57*	27,04		a	57*	3719,295		a b
86*	26,98		a	20*	3676,061		a b
7*	26,87		a	152*	3661,170		a b
191	26,66		a	204	3634,738		a b
183*	26,63		a	183*	3539,458		a b
36*	26,46		a	161*	3338,106		a b
48*	26,31		a	34*	3329,271		a b
81*	26,13		a	56*	3306,161		a b
33*	26,03		a	189	3228,200		a b
69	25,33		a	115	3217,882		a b
18	24,83		a	179*	3186,673		a b
43	24,80		a	53	2867,383		a b
52	23,75		a	176	2795,050		a b
182	23,07		a	27	2713,791		a b
35	23,02		a	50	2711,932		a b
205	22,71		a	185	2441,876		a b
71	21,01		a	63	2420,982		a b
13	20,64		a	175	2361,906		a b
60	20,39		a	93	2263,782		a b
65	19,83		a	207	2130,646		a b
99	19,37		a	151	2005,369		a b
75	18,60		a	165	1828,075		a b
188	18,56		a	104	1668,090		a b
45	18,17		a	186	983,041		b

* Famílias selecionadas para o lote de recombinação;

1/ As médias seguidas pela mesma barra, na coluna correspondente, não diferem estatisticamente entre si a 10% de probabilidade pelo teste de Duncan;

2/ As médias seguidas de pelo menos uma mesma letra, na coluna correspondente, não diferem estatisticamente entre si a 5% de probabilidade pelo teste de Tukey.

4.2. Lote de recombinação

A seleção das 20 melhores famílias utilizadas no lote de recombinação foi feita com base em CE e produção, considerando o índice livre de pesos ou parâmetros (ELSTON, 1963). Os limites estabelecidos no índice foram CE acima de 26 ml/g e produção acima de 3.180 kg/ha.

Para formação da população Beija-Flor ciclo 1, foram obtidas, por seleção massal, as 196 progênies que possuíam grãos pérolas e amarelos, selecionando-se as plantas que possuíam CE superior a 23 ml/g, independente do número de progênies fornecido por cada família (Quadro 13).

Quadro 13 - Famílias selecionadas para o lote de recombinação, número da fileira correspondente, número de progênies selecionadas por família, médias de CE (ml/g) de cada família e das progênies selecionadas através da seleção massal ^{1/}

Famílias	Número da fileira	NP/ família	CE1	CE2
20	1626	9	19,03	27,78
171*	1627	-	-	-
33	1628	13	23,13	25,61
86	1629	8	15,12	24,12
183	1631	11	24,03	27,91
16	1632	12	19,93	29,33
29	1633	12	21,87	25,42
81	1634	6	21,27	25,33
26	1636	7	20,23	25,57
161	1637	13	18,57	30,31
179	1638	6	22,43	28,67
56	1639	10	23,33	25,90
48	1641	10	20,53	26,90
30	1642	16	28,27	31,69
57	1643	18	22,47	27,61
36	1644	9	20,60	26,33
68	1646	4	18,96	27,25
34	1647	15	25,70	28,07
152	1648	11	23,23	27,54
7	1649	6	17,07	25,00

^{1/} NP/ família = número de progênies selecionadas dentro de cada família.

* A família 171 não produziu grãos no lote de recombinação.

CE1 = média de capacidade de expansão (ml/g) da família; e

CE2 = média de capacidade de expansão (ml/g) das progênies selecionadas.

4.2.1. Análises e estimação de parâmetros para CE

Os resultados apresentados pelas famílias no lote de recombinação, para os caracteres CE e peso de espigas, foram utilizados em comparação com aqueles obtidos pelas mesmas famílias no teste de progênies (Quadro 14).

Quadro 14 - Comparação dos valores médios obtidos para os caracteres CE (ml/g) e peso de espigas (kg/ha) das 19 famílias no teste de progênies (TP) e no lote de recombinação (LR)

	CE (TP)	CE (LR)	Peso de Espigas (TP)	Peso de Espigas (LR)
Média	27,96	21,36	5232,21	4152,29

O decréscimo observado nas estimativas das duas características provavelmente foi devido ao plantio fora de época, onde a temperatura local apresentou variações entre valores não-recomendados para a cultura.

Ao realizar análises de correlação entre os resultados apresentados no teste de progênies e no lote de recombinação, foi verificada uma ausência de correlação (-0,005) para a característica CE. O mesmo pode ser dito, considerando a característica peso de espigas, com uma correlação de 0,36. Essas correlações com valores de pequena magnitude, indicam interação entre os genótipos avaliados e os dois ambientes envolvidos neste trabalho.

Com os valores de CE dos indivíduos e das médias obtidas nas famílias e na testemunha, foi possível a obtenção das estimativas das variâncias fenotípica total, fenotípica entre, ambiental total, ambiental entre, variância fenotípica média dentro e variância ambiental média dentro (Quadro 15).

Quadro 15 - Estimativas das variâncias fenotípica total, fenotípica entre, ambiental total, ambiental entre, fenotípica média dentro e ambiental média dentro, obtidas no lote de recombinação, para a característica capacidade de expansão (CE)

Variância fenotípica total ($\hat{\sigma}_{PFMI}^2$)	57,93
Variância fenotípica entre ($\hat{\sigma}_{PbFMI}^2$)	9,32
Variância ambiental total ($\hat{\sigma}_{EFMI}^2$)	34,67
Variância ambiental entre ($\hat{\sigma}_{EbFMI}^2$)	13,52
Variância fenotípica média dentro ($\hat{\sigma}_{PwFMI}^2$)	50,35
Variância ambiental média dentro ($\hat{\sigma}_{EwFMI}^2$)	29,10

Através do resultado da estimativa apresentada para a variância fenotípica média dentro, observa-se que não teria sido conveniente, neste trabalho, considerar a variância fenotípica dentro de progênies como sendo dez vezes a variância residual entre progênies como propõe alguns pesquisadores, pois, dessa forma, a herdabilidade em nível de indivíduo, dentro de família, teria seu valor subestimado, acarretando, assim, redução na estimativa de ganho através da seleção dentro de famílias.

Por se tratar de valores estimados, verificou-se que o valor da variância ambiental entre foi superior ao apresentado pela variância fenotípica entre. Dessa forma, para obtenção de um valor coerente, foi necessário realizar uma subtração entre as variâncias ambiental total e ambiental dentro. Assim, foi possível a obtenção das estimativas das variâncias genotípicas entre e dentro e, conseqüentemente, as estimativas da variância genética aditiva ($\hat{\sigma}_A^2$), da variância devido à dominância ($\hat{\sigma}_D^2$), e das herdabilidades em sentido amplo, em nível de indivíduo, para predição de ganho devido à seleção massal, e em nível de indivíduo dentro de família, para predição de ganho por seleção dentro (Quadro 16).

Quadro 16 - Estimativas das variâncias genotípica total, genotípicas entre e dentro, genética aditiva, devido à dominância, das herdabilidades, em sentidos amplo (h_A^2) em nível de indivíduo e em nível de indivíduo dentro de família, predições de ganhos devidos à seleção massal (ΔG) e devido à seleção dentro (ΔG_w), utilizando diferencial de seleção e intensidade de seleção, para a característica CE (ml/ g)

Variância genotípica total ($\hat{\sigma}_{iFMI}^2$)	23,25
Variância genotípica entre ($\hat{\sigma}_{ibFMI}^2$)	3,74
Variância genotípica dentro ($\hat{\sigma}_{iwFMI}^2$)	21,27
Variância genética aditiva ($\hat{\sigma}_A^2$)	9,97
Variância devido à dominância ($\hat{\sigma}_D^2$)	15,04
h_A^2 em nível de indivíduo	0,40
h_A^2 em nível de indivíduo dentro de família	0,42
ΔG_1	1,24
ΔG_w_2	1,18
ΔG_3	2,23
ΔG_w_4	2,06

ΔG_1 = ganho estimado devido à seleção massal, utilizando diferencial de seleção e herdabilidade em sentido amplo;

ΔG_w_2 = ganho estimado devido à seleção dentro, utilizando diferencial de seleção e herdabilidade em sentido amplo;

ΔG_3 = ganho estimado devido à seleção massal, utilizando intensidade de seleção e herdabilidade em sentido amplo; e

ΔG_w_4 = ganho estimado devido à seleção dentro, utilizando intensidade de seleção e herdabilidade em sentido amplo.

Verifica-se que o uso de seleção massal realizada no lote de recombinação proporciona estimativas de ganhos equivalentes para CE, comparativamente aos valores apresentados por uma seleção dentro.

Como o número de famílias envolvidas no lote de recombinação é considerado reduzido e, portanto, insuficiente para representar a população base, e, ao realizar seleção entre, espera-se uma alteração nas frequências gênicas das características, os ganhos foram calculados com base na herdabilidade em sentido amplo.

Entretanto, como a estimativa da variância genética aditiva obtida a partir dos dados do lote de recombinação é comparável à estimada no teste de progênies ($\hat{\sigma}_A^2 = 7,62 \pm 3,77$), considerou-se que houve pequenas alterações nas frequências dos genes determinantes de CE.

As herdabilidades em sentido restrito, em nível de indivíduo, para predição de ganho devido à seleção massal, e em nível de indivíduo dentro de família, para predição de ganho por seleção dentro, encontram-se no Quadro 17.

Quadro 17 - Estimativas das herdabilidades em sentido restrito (h_R^2), em nível de indivíduo e em nível de indivíduo dentro de família, predições de ganhos devido à seleção massal (ΔG) e à seleção dentro (ΔG_w), utilizando diferencial de seleção e intensidade de seleção, para a característica CE (ml/ g)

h_R^2 em nível de indivíduo	0,17
h_R^2 em nível de indivíduo dentro de família	0,12
ΔG_5	0,53
ΔG_w_6	0,35
ΔG_7	0,95
ΔG_w_8	0,60

ΔG_5 = ganho estimado devido à seleção massal, utilizando diferencial de seleção e herdabilidade em sentido restrito;

ΔG_w_6 = ganho estimado devido à seleção dentro, utilizando diferencial de seleção e herdabilidade em sentido restrito;

ΔG_7 = ganho estimado devido à seleção massal, utilizando intensidade de seleção e herdabilidade em sentido restrito; e

ΔG_w_8 = ganho estimado devido à seleção dentro, utilizando intensidade de seleção e herdabilidade em sentido restrito.

Observa-se, comparativamente aos resultados obtidos com o emprego de herdabilidade em sentido amplo, um decréscimo nas estimativas de ganhos, quando somente é considerada a variância genética aditiva. Isso é decorrente da grande proporção da variância devida à dominância. Considerando a seleção entre, realizada após o teste de progênie, e a seleção massal, realizada no lote de recombinação, as estimativas para ganho total em CE, após um ciclo de melhoramento, encontram-se no Quadro 18.

Quadro 18 - Estimativas de ganhos entre, com seleção realizada no teste de progênie, e devido à seleção massal, realizada no lote de recombinação, suas porcentagens relativas ao ganho total e estimativa de ganho total com respectivas porcentagens relativas à CE original, com o uso do diferencial de seleção (DS) e da intensidade de seleção (i)^{1/}

Seleção	GDS ₁	GDS ₂	Gi ₁	Gi ₂
Entre	1,00 (44,6%)	1,00 (65,4%)	1,00 (31%)	1,00 (51,3%)
Massal	1,24(55,4%)	0,53(34,6%)	2,23(69%)	0,95(48,7%)
Ganho Total	2,24 (9,2%)	1,53 (6,3%)	3,23 (13,3%)	1,95 (8%)

^{1/} GDS₁ = Ganho estimado por seleção massal utilizando diferencial de seleção e herdabilidade em sentido amplo;
 GDS₂ = Ganho estimado por seleção massal utilizando diferencial de seleção e herdabilidade em sentido restrito;
 Gi₁ = Ganho estimado por seleção massal utilizando intensidade de seleção e herdabilidade em sentido amplo; e
 Gi₂ = Ganho estimado por seleção massal utilizando intensidade de seleção e herdabilidade em sentido restrito.

Como a estimativa de ganho por seleção entre utiliza herdabilidade em sentido restrito, fica complicado realizar comparações com os ganhos estimados pela seleção massal, considerando herdabilidade em sentido amplo, pois, de certa forma, esses ganhos estão superestimados, em virtude da relevante contribuição da variância devida à dominância presente na variância genotípica.

Assim, ao analisar os resultados, considerando herdabilidade em sentido restrito e intensidade de seleção (Gi₂), verifica-se que os ganhos obtidos pela seleção entre e pela seleção massal foram quase de mesma

magnitude, sendo o ganho total estimado de praticamente duas unidades para CE. Ao utilizar diferencial de seleção, também com herdabilidade em sentido restrito (GDS_2), verifica-se que a seleção realizada no teste de progênies foi mais eficiente, comparativamente à seleção massal, sendo o ganho total estimado de praticamente 1,5 unidade para CE.

No presente trabalho, a relação $\hat{\sigma}_d^2 / \hat{\sigma}_e^2$ obtida foi de 3,22, sendo o ganho devido à seleção entre famílias de 51,3%, e o ganho dentro, de 48,7%. Observa-se que a relação foge um pouco daquela estabelecida por Miranda Filho e Vencovsky (1972), citados por LEZCANO (1976). Contudo, deve-se salientar que a intensidade da seleção aplicada neste trabalho (10,2% entre famílias e 18,3% no lote de recombinação) difere da reportada tabela. Não obstante, a tendência é a mesma.

4.2.2. Análises e estimação de parâmetros para produção de grãos

Com os valores de produção de grãos dos indivíduos (g/planta) e das médias obtidas nas famílias e na testemunha, foi possível a obtenção das estimativas das variâncias fenotípica total, fenotípica entre, ambiental total, ambiental entre, variância fenotípica média dentro e variância ambiental média dentro. Dessa forma, de posse desses dados, foi possível a obtenção das estimativas das variâncias genotípicas entre e, conseqüentemente, a estimativa da variância genética aditiva ($\hat{\sigma}_A^2$), e das herdabilidades, em sentido restrito, em nível de indivíduo, para predição de ganho devido à seleção massal, e em nível de indivíduo dentro de família, para predição de ganho por seleção dentro (Quadro 19).

Da mesma forma, como verificado para CE, não teria sido conveniente, neste trabalho, considerar a variância fenotípica dentro de progênies como sendo dez vezes a variância residual entre progênies.

Verifica-se que o uso de seleção massal realizada no lote de recombinação proporciona estimativas de ganhos superiores para PG, comparativamente aos valores apresentados por uma seleção dentro de famílias.

Quadro 19 - Estimativas das variâncias fenotípica total, fenotípica entre e fenotípica média dentro, das variâncias ambiental entre, genotípica entre e genética aditiva, das herdabilidades, em sentidos restrito (h_R^2) em nível de indivíduo e em nível de indivíduo dentro de família, predições de ganhos devido à seleção massal (ΔG) e à seleção dentro de famílias (ΔG_W), utilizando intensidade de seleção, para a característica produção de grãos ^{1/}

Variância fenotípica total ($\hat{\sigma}_{PFMI}^2$)	898,01
Variância fenotípica entre ($\hat{\sigma}_{PbFMI}^2$)	208,65
Variância fenotípica média dentro ($\hat{\sigma}_{PwFMI}^2$)	790,58
Variância ambiental entre ($\hat{\sigma}_{EbFMI}^2$)	49,005
Variância genotípica entre ($\hat{\sigma}_{ibFMI}^2$)	159,645
Variância genética aditiva ($\hat{\sigma}_A^2$)	425,72
h_R^2 em nível de indivíduo	0,47
h_R^2 em nível de indivíduo dentro de família	0,34
ΔG	575,56
ΔG_W	361,11

^{1/} ΔG = ganho estimado (kg/ha) devido à seleção massal, utilizando intensidade de seleção e herdabilidade em sentido restrito; e

ΔG_W = ganho estimado (kg/ha) devido à seleção dentro de famílias, utilizando intensidade de seleção e herdabilidade em sentido restrito.

Considerando a seleção entre, realizada após o teste de progênies, a seleção dentro de famílias e a seleção massal que poderiam ter sido realizadas no lote de recombinação, as estimativas para ganho total em PG, após um ciclo de melhoramento, encontram-se no Quadro 20.

Quadro 20 - Estimativas de ganhos entre, com seleção realizada no teste de progênies, e de ganhos com base em seleção dentro de famílias e devido à seleção massal, realizada no lote de recombinação, suas porcentagens relativas ao ganho total e estimativa de ganho total com respectiva porcentagem relativa à PG original (kg/ha), com o uso da intensidade de seleção (i)^{1/}

Seleção	G1	G2
No teste de progênies	273,02 (32,2%)	273,02 (43,0%)
No lote de recombinação	575,56 (67,8%)	361,11 (57,0%)
Ganho Total	848,58 (29,4%)	634,13 (22,0%)

^{1/} G1 = Ganho estimado por seleção massal (kg/ha), utilizando intensidade de seleção e herdabilidade em sentido restrito; e

G2 = Ganho estimado por seleção dentro de famílias (kg/ha), utilizando intensidade de seleção e herdabilidade em sentido restrito.

Assim, de acordo com as previsões de ganhos, verificou-se que, tanto a seleção massal quanto à seleção dentro de famílias, que poderiam ter sido realizadas no lote de recombinação, seriam mais eficientes comparativamente à seleção entre.

Para a característica PG, a relação $\hat{\sigma}_d^2 / \hat{\sigma}_e^2$ obtida foi de 1,96, sendo o ganho devido à seleção entre famílias de 43,0% e o ganho dentro de 57,0%.

4.3. Teste de competição

A partir deste experimento foi possível mensurar os ganhos obtidos pela seleção entre, com base em índice de seleção para CE e produção de grãos, os ganhos obtidos pela seleção massal, com base em CE no lote de recombinação, e verificar os efeitos indiretos causados nas outras características avaliadas.

Os resultados, entretanto, foram prejudicados pelas condições adversas que incidiram sobre a cultura durante os meses de fevereiro a julho de 2000. Este fato pôde ser constatado pela aparência anormal das plantas e espigas, que apresentaram portes reduzidos. Os grãos apresentaram-se muito pequenos, sendo essa uma das principais causas dos resultados insatisfatórios para CE, inclusive dos apresentados pelas testemunhas comerciais.

4.3.1. Análises

As estimativas das médias das populações obtidas neste trabalho, as eficiências relativas dos processos de seleção entre e dentro e o resumo dos resultados das análises de variância para os caracteres altura de planta (AP), altura de espiga (AE), índice de prolificidade (IP), proporção de plantas acamadas (PPA), proporção de plantas quebradas (PPQ), proporção de espigas mal empalhadas (PEME), proporção de espigas atacadas por pragas (PEAP), proporção de espigas atacadas por doenças (PEAD), capacidade de expansão (CE), peso de cem grãos (PCG), e produção de grãos (PG) encontram-se no Quadro 21.

Verifica-se que para a maioria dos caracteres os tratamentos tiveram comportamentos equivalentes e que somente para os caracteres altura de planta (AP), proporção de espigas atacadas por doenças (PEAD), capacidade de expansão (CE) e produção de grãos (PG) foram encontrados resultados distintos estatisticamente.

Pelos valores máximos apresentados, principalmente para os caracteres capacidade de expansão (CE) e produção de grãos (PG), mesmo na presença de testemunhas comerciais, verifica-se como foram prejudiciais as condições de ambiente fora da safra, principalmente as baixas temperaturas durante e após o florescimento, para todos os tratamentos. Levando em consideração, como exemplo, a testemunha IAC-112, um híbrido simples modificado, as plantas, em geral, apresentaram porte reduzido e espigas com grãos muito inferiores no tamanho, comparativamente ao encontrado em situações adequadas de clima para a cultura.

Mesmo com os problemas climáticos, os valores médios encontrados não podem ser interpretados como uma ineficiência da metodologia utilizada, pois tanto a seleção realizada entre quanto a seleção massal, realizada no lote de recombinação, estimavam ganhos desejáveis para os caracteres de interesse.

Quanto à produtividade, a população Beija-Flor ciclo 1 obteve um resultado 13% superior ao apresentado pela população original. O valor apresentado pela população Beija-Flor obtida após seleção entre foi, de certa

forma, inconsistente, pois ao invés de ganho, conforme era esperado, houve decréscimo na produtividade. O mesmo pode ser verificado com a característica peso de cem grãos. A população obtida por seleção entre apresentou resultado pouco superior ao obtido com a população original, conforme era esperado. Entretanto, o peso médio da população Beija-Flor ciclo 1, obtida com a seleção massal, demonstrou ser equivalente à população original. Esse resultado pode ser explicado, levando-se em consideração a correlação negativa existente entre CE, característica utilizada para seleção massal, e a característica peso de cem grãos.

Quadro 21 - Resumo das análises de variância do teste de competição, para as características altura de planta (AP, m), altura de espiga (AE, m), índice de prolificidade (IP), proporção de plantas acamadas (PPA, %), proporção de plantas quebradas (PPQ, %), proporção de espigas mal empalhadas (PEME, %), proporção de plantas atacadas por pragas (PEAP, %), proporção de espigas atacadas por doenças (PEAD, %), capacidade de expansão (CE, ml/g), peso de cem grãos (PCG, g) e produção de grãos (PG, kg/ha), coeficientes de variação (CV, %), valores mínimo, médio e máximo, além dos resultados médios, em separado, obtidos para as populações Beija-Flor original (BFO), Beija-Flor obtida por seleção entre (BFSE) e Beija-Flor ciclo 1 (BF1)

F.V.	G.L.	Quadrados Médios					
		AP	AE	IP	PPA	PPQ	PEME
Blocos	3	-	-	-	-	-	-
Tratamentos	17	0,0573 *	0,0299 ^{ns}	0,1068 ^{ns}	207,09 ^{ns}	123,08 ^{ns}	43,979 ^{ns}
Resíduo	39	0,0170	0,0259	0,0690	134,72	88,55	54,92
Mínimo		1,00	0,51	0,27	30,69	12,65	0,00
Média		1,28	0,67	0,57	40,81	22,84	5,29
Máximo		1,48	0,88	1,01	59,22	44,25	11,38
CV (%)		10,21	23,86	46,39	28,44	41,20	140,15
BFO		1,37 (100%)	0,67 (100%)	0,56 (100%)	43,85 (100%)	12,65 (100%)	4,84 (100%)
BFSE		1,34 (98%)	0,72 (107%)	0,43 (77%)	38,42 (88%)	25,21 (199%)	11,07 (229%)
BF1		1,48 (108%)	0,88 (131%)	0,80 (143%)	30,69 (70%)	20,11 (159%)	0,76 (16%)
		PEAP	PEAD	CE	PCG	PG	
Blocos	3	-	-	-	-	-	
Tratamentos	17	108,11 ^{ns}	199,34 *	19,791 *	1,998 ^{ns}	72020,8 *	
Resíduo	39	205,53	90,04	5,3216	1,618	30383,01	
Mínimo		22,22	2,78	14,39	7,81	154,8	
Média		38,01	17,48	18,15	9,16	526,22	
Máximo		43,35	40,00	23,00	10,66	748,10	
CV (%)		37,72	54,28	12,71	13,88	33,12	
BFO		40,89 (100%)	13,89 (100%)	18,55 (100%)	9,34 (100%)	580,8 (100%)	
BFSE		42,89 (105%)	16,70 (120%)	18,71 (101%)	9,71 (104%)	477,7 (82%)	
BF1		41,02 (101%)	14,40 (104%)	20,44 (110%)	9,28 (99%)	656,4 (113%)	

^{ns} Não-significativo a 5% de probabilidade. * Significativo a 5%.

Considerando que as principais características avaliadas neste trabalho foram capacidade de expansão (CE) e produção de grãos (PG), verifica-se que os tratamentos obtiveram comportamento distinto estatisticamente (Quadro 22).

Quadro 22 - Comparações múltiplas envolvendo os tratamentos do teste de competição quanto aos caracteres capacidade de expansão (CE, ml/g) e produção de grãos (PG, kg/ha)

Tratamentos	Comparações ^{1/}	
	CE	PG
Zélia (híbrido triplo)	23,00 a	424,9 a b
IAC-112 (híbrido simples modificado)	22,17 a b	707,1 a
RS-20 (variedade)	21,75 a b c	154,8 b
Beija-Flor (ciclo 1)	20,44 a b c d	656,4 a b
Viçosa x Rosa-Claro x Amarelo	19,13 a b c d	696,4 a
Beija-Flor (seleção entre)	18,71 a b c d	477,7 a b
Beija-Flor original	18,55 a b c d	580,8 a b
Branco x Amarelo	18,23 a b c d	571,1 a b
Viçosa x Branco x Beija-Flor	18,12 a b c d	727,1 a
Viçosa (ciclo 1)	17,75 a b c d	679,8 a b
Viçosa original	17,29 a b c d	428,4 a b
Branco	17,04 a b c d	346,4 a b
Beija-Flor x Viçosa x Branco	16,79 a b c d	526,2 a b
DFT1 – Ribeirão	16,50 a b c d	362,4 a b
Viçosa (seleção entre)	16,00 b c d	748,1 a
Beija-Flor x Viçosa	15,83 b c d	373,5 a b
Beija-Flor endogâmico	15,39 c d	369,4 a b
Amarelo	14,39 d	350,6 a b

^{1/}As médias seguidas de pelo menos uma mesma letra, na coluna correspondente, não diferem estatisticamente entre si a 5% de probabilidade pelo teste de Tukey.

Verifica-se, após um ciclo de seleção entre e dentro, que os valores apresentados para CE na população Beija-Flor ciclo 1 não diferiram estatisticamente da população original. Entretanto, ao final do ciclo, concordando com a previsão de ganho, o valor obtido está praticamente duas unidades superior à CE original. Quanto ao apresentado pelas testemunhas comerciais, verifica-se que a população Beija-Flor ciclo 1 foi inferior em apenas 2,5 unidades comparativamente à testemunha de maior CE.

Quanto à população Viçosa, a qual também passou por um ciclo de seleção entre e dentro de famílias de meios-irmãos, verifica-se que, como a

seleção praticada entre foi com base em somente produção de grãos, houve uma redução de 7,5% para CE e um aumento de 74,63% para a produtividade. A seleção dentro foi com base em somente CE, a qual forneceu uma população de ciclo 1 com uma CE praticamente inalterada, comparativamente à população original e uma produtividade 58,7% superior.

Como um dos objetivos do programa de melhoramento de milho pipoca desenvolvido pelo setor de genética é a produção de híbridos entre linhagens, verifica-se que o híbrido Beija-Flor x Viçosa apresenta CE e produtividade inferiores comparativamente aos valores apresentados pelos seus progenitores. Este foi um resultado semelhante aos encontrados por ANDRADE (1996) e MATTA e VIANA (1996), envolvendo as mesmas populações. Os autores relatam que, em relação a esses dois sistemas poligênicos, há diferenças de frequências gênicas, principalmente em relação a genes dominantes que reduzem as médias das características. Dessa forma, seria, então, apropriado realizar ciclos de seleção intrapopulacional, para produção e CE, visando aumentar a frequência dos genes favoráveis, nos dois sistemas poligênicos, antes de se iniciar o processo de extração de linhagens, visando, dentro de um programa de seleção recorrente recíproca, a produção de híbridos, superiores em relação a essas características.

As magnitudes dos resultados do teste de competição indicam que para uma análise mais apurada dos ganhos realizados, seria necessário repetir esse teste de competição na época de safra, evitando, assim, problemas como os encontrados neste trabalho.

Também para verificar a eficiência da estratégia utilizada foram analisados os dados das características avaliadas na população Beija-Flor ciclo 1, e na população original, utilizada como testemunha, mensurados na safra 99/2000 (Quadro 23).

Quadro 23 - Resumo das análises de variância do teste do 2º ciclo, em relação às características altura de planta (AP, m), altura de espiga (AE, m), índice de prolificidade (IP), proporção de plantas acamadas (PPA, %) e proporção de plantas quebradas (PPQ, %), proporção de espigas mal empalhadas (PEME, %), proporção de espigas atacadas por pragas (PEAP, %), proporção de espigas atacadas por doenças (PEAD, %), capacidade de expansão (CE, ml/g), peso de cem grãos (PCG, g) e produção de grãos (PG, kg/ha), coeficientes de variação (CV, %) e valores médios das populações Beija-Flor ciclo 1 (BF1) e Beija-Flor original (BFO), utilizada como testemunha

F.V.	G. L.	Quadrados Médios					
		AP	AE	IP	PPA	PPQ	PEME
Repetição	1	0,5641	0,4519	0,9248	2,0662	545,3017	71,2306
Bloco/repetição	26	0,1173	0,0830	0,1345	62,3129	61,3836	57,5837
Tratamentos	195	0,0381 *	0,0242 *	0,0604 ^{ns}	37,8267 ^{ns}	29,9824 *	33,2356 ^{ns}
Resíduo	169	0,0286	0,0173	0,0550	29,7080	21,5962	27,6713
CV (%)		9,38	14,15	24,34	90,19	80,51	108,8
Média (BF1)		1,80 (99,4%)	0,93 (93,9%)	0,96 (110,3%)	6,04 (91,1%)	5,77 (288,5%)	4,83 (300%)
Média (BFO)		1,81 (100%)	0,99 (100%)	0,87 (100%)	6,63 (100%)	2,0 (100%)	1,61 (100%)
		PEAP	PEAD	CE	PCG	PG	
Repetição	1	106,8199	3,9420	252,2097	72,3175	107661,9204	
Bloco/repetição	26	242,8967	174,7043	23,4082	4,4787	326546,9003	
Tratamentos	195	168,3132 ^{ns}	92,1450 ^{ns}	15,5241 *	2,3428 ^{ns}	250765,2195 *	
Resíduo	169	167,9124	76,2249	8,2242	2,2912	164238,9432	
CV (%)		41,65	47,0	9,63	11,70	26,30	
Média (BF1)		31,11 (84,77%)	18,57 (90,58%)	29,76 (105,05%)	12,93 (111,4%)	1540,93 (92,04%)	
Média (BFO)		36,70 (100%)	20,50 (100%)	28,33 (100%)	11,61 (100%)	1674,02 (100%)	

^{ns} : Não-significativo a 5% de probabilidade.

*: Significativo a 5%.

Verifica-se que após um ciclo de seleção entre e dentro, o valor apresentado para CE na população Beija-Flor ciclo 1, é praticamente 1,50 unidades superior à CE original. Quanto à produtividade, a população Beija-Flor ciclo 1 obteve um resultado de 8% inferior ao apresentado pela população original. Assim, como foi verificada a possibilidade de obtenção de ganhos para PG no lote de recombinação, para se obter ganhos simultâneos para CE e peso de grãos, na seleção dentro, a estratégia de índices de seleção deve ser considerada, conforme utilizado para seleção entre.

As médias das características altura de planta, altura de espiga, índice de prolificidade, proporção de espigas atacadas por pragas e proporção de espigas atacadas por doenças mantiveram-se praticamente inalteradas, e o resultado de peso de cem grãos, obtendo valor 11,4% superior ao obtido pela população original foi considerado satisfatório após um ciclo de seleção entre e dentro.

Para os caracteres proporção de plantas acamadas, proporção de plantas quebradas e proporção de espigas mal empalhadas, mesmo com ausência de variabilidade, obtiveram grande variação nas médias após um ciclo de seleção entre e dentro. Entretanto, os coeficientes de variação foram elevados, impedindo qualquer inferência.

De acordo com SCAPIM et al. (1995), os coeficientes de variação encontrados para os caracteres altura de planta (AP), altura de espiga (AE), índice de prolificidade (IP), peso de cem grãos (PCG) e produção de grãos (PG) foram classificados como altos.

Apesar da interação genótipo x ambiente, verificada pela estimativa da correlação entre valores de CE no teste de progênies e no lote de recombinação, os resultados obtidos no teste de competição (Quadro 21) e no teste de progênies da população Beija-Flor ciclo 1 (Quadro 23), concordaram sistematicamente com as estimativas de ganhos para CE apresentadas pela seleção realizada no lote de recombinação. Este resultado demonstrou a possibilidade de se realizar seleção dentro com base em CE fora da estação normal de cultivo, completando, assim, o ciclo de melhoramento com seleção entre e dentro de famílias de meios-irmãos no período de um ano.

5. RESUMO E CONCLUSÕES

Os objetivos deste trabalho foram elevar a produtividade e a capacidade de expansão (CE) da população de milho pipoca Beija-Flor, dentro de um programa de melhoramento intrapopulacional com base em progênies de meios-irmãos, e obter informações sobre as eficiências dos processos de seleção entre e dentro de famílias de meios-irmãos realizado fora da estação (no inverno), para se fechar um ciclo em um ano. Foi utilizada a população Beija-Flor, originária do Banco de Germoplasma do Programa de Melhoramento de Milho do Setor de Genética, do Departamento de Biologia Geral da UFV.

Foram obtidas 196 famílias de meios-irmãos em um lote isolado formado por plantas S_1 , as quais foram utilizadas para permitir a seleção entre famílias. Os dados obtidos no teste de progênies foram empregados na estimação de parâmetros genéticos, como variância genotípica entre famílias, variância genética aditiva, herdabilidade, correlações simples e parciais entre os caracteres, visando avaliar o potencial da população para melhoramento e a eficiência da seleção entre.

As 20 melhores famílias foram selecionadas com base em CE e produção de grãos, considerando o índice de seleção livre de pesos ou parâmetros proposto por ELSTON (1963). Os limites estabelecidos foram CE acima de 26 e produção acima de 3.180 kg/ha.

Os dados do lote de recombinação, considerando a característica CE, foram empregados para a estimação de parâmetros genéticos, como variância genotípica entre e dentro de famílias de meios-irmãos, variância genética aditiva, variância devido à dominância, herdabilidades em sentido amplo e restrito em nível de indivíduo, para seleção massal, e de indivíduo dentro de família, com o objetivo de avaliar a eficiência da seleção dentro das famílias.

Com os parâmetros genéticos estimados no lote de recombinação foi possível a comparação entre os resultados estimados com a seleção massal e uma seleção realizada dentro, verificando-se estimativas de ganhos equivalentes.

Estimativas de ganho para produção de grãos, considerando seleção massal e seleção dentro de famílias também foram obtidas. Ambas demonstraram que seria possível obter ganhos, caso essa característica fosse utilizada para seleção no lote de recombinação.

Para avaliar as eficiências relativas dos processos de seleção entre e dentro, foi realizado um teste de competição envolvendo as populações obtidas neste trabalho e uma série de outras testemunhas. Os resultados, entretanto, foram prejudicados pelas baixas temperaturas que incidiram sobre a cultura durante os meses de fevereiro a julho de 2000.

Os resultados obtidos neste trabalho permitiram as seguintes conclusões:

- Para os caracteres capacidade de expansão, peso de cem grãos e produção de grãos, foi verificada a possibilidade de se realizar melhoramento na população. Para os demais caracteres, foi verificada estatisticamente uma uniformidade entre as médias das famílias avaliadas.

- O índice utilizado demonstrou ser satisfatório. Os resultados, ao final do ciclo, concordaram com as previsões de ganho obtidas no teste de progênies.

- É possível obter ganhos na produção de grãos tanto via capacidade de expansão quanto pelo tamanho de grãos, desde que se selecionem as famílias de maiores grãos entre as de maior CE.

- Para se obter ganhos simultâneos para CE e peso de grãos no lote de recombinação, deve-se utilizar índices de seleção, conforme utilizado para seleção entre.

- Provavelmente, em virtude do cultivo fora de época, no inverno, onde a temperatura local apresentou variações entre valores não-recomendados para a cultura, os dados do lote de recombinação apresentaram um decréscimo nas mensurações das características capacidade de expansão e produção de grãos, comparativamente aos apresentados no teste de progênies.

- As correlações apresentadas entre os resultados obtidos no teste de progênies e no lote de recombinação, para a característica CE e para peso de espigas, foram de pequena magnitude, indicando interação entre os genótipos avaliados e os dois ambientes envolvidos neste trabalho.

- Apesar da reduzida correlação entre valores de CE no teste de progênies e no lote de recombinação, os resultados de ganhos obtidos no teste de competição e no teste do 2^o ciclo indicam que há possibilidade de se realizar um ciclo de melhoramento com seleção entre e dentro de famílias de meios-irmãos, no período de um ano, com seleção dentro com base em CE fora da estação normal de cultivo.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ALLARD, R. W. **Princípios do melhoramento genético das plantas**. Rio de Janeiro: Edgard Blucher, 1971. 381 p.

ANDRADE, R. A. **Cruzamentos dialélicos entre seis variedades de milho pipoca (*Zea mays* L.)**. Viçosa, MG: UFV, 1996. 79 p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento). Universidade Federal de Viçosa, 1996.

BRUNSON, A. M. Popcorn breeding. **Yearbook of Agriculture**. Washington p.395 – 404, 1937.

BRUNSON, A. M. Popcorn selection for added popping expansion would pay large growers. **Yearbook of Agriculture**, Washington, v. 16, p. 441 – 443. 1931.

CARVALHO, H. W. L., SANTOS, M. X., LEAL, M. L. S., CARVALHO, P. C. L. Melhoramento genético da cultivar de milho BR 5033 – Asa Branca no nordeste brasileiro. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 35, n. 7, p. 1417 – 1425, 2000.

CRUZ, C. D. **Programa genes: aplicativo computacional em genética e estatística**. Viçosa: UFV, 1997. 442 p.

- CRUZ, C. D., REGAZZI, A. J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 2 ed. Viçosa: UFV, Imprensa Universitária, 1997. 390 p.
- CUNNINGHAN, E. P. **Animal breeding theory**. Oslo, Landbruksbolkandlen Universitetsforlaget. 1969. 272 p.
- DOFING, S. M., D'CROZ-MASON, N., THOMAS-COMPTON, M. A. Inheritance of expansion volume and yield in two popcorn x dent corn crosses. **Crop Science**, v.31, n.3, p. 715 – 718. 1991.
- EBERHART, S. A. Factors effecting efficiencies of breeding methods. **African soils**, n. 15, p. 669 – 680, 1970.
- ELSTON, R. C. A weight-free index for the purpose of ranking or selection with respect to several traits at a time. **Biometrics**, North Carolina, v. 19, p. 85 – 97, 1963.
- FALCONER, D. S. **Introdução à genética quantitativa**. Viçosa, MG: UFV, Imprensa Universitária, 1987, 279 p.
- FURTADO, M. R. **Alternativas de seleção no delineamento I de Comstock e Robinson, em milho**. Viçosa, MG: UFV, 1996. 94 p. Dissertação (Doutorado em Genética e Melhoramento). Universidade Federal de Viçosa, 1996.
- GAMA, E. E. G., MAGNAVACA, R., SILVA, J. B., SANS, L. M. A., VIANA, P. F., PARENTONI, S. N., PACHECO, C. A. P., CORREA, L. A., FERNANDES, F. T. Milho pipoca. **Informe Agropecuário**, Belo Horizonte, v. 14, n. 165, p.12–16, 1990.
- GARDNER, C. O. An evaluation of effects of mass selection and seed irradiation with thermal neutrons on yield of corn. **Crop Science**, Madison, v.1, p. 241 – 245, 1961.
- GREEN JR., V. E., HARRIS JR., E. D. Popcorn quality and the measurement of popping expansion. **Proceedings of The Soil and Crop Science Society of Florida**. n. 20, p. 28 – 41, 1960.

- HALLAUER, A. R., MIRANDA FILHO, J. B. **Quantitative genetics in maize breeding**. Ames, Iowa State University Press. 1981. 468 p.
- HANSON, W. D., JOHNSON, H. W. Methods for calculating and evaluating a general selection index obtained by pooling information from two or more experiments. **Genetics**, v. 42, n.4, p. 421 – 432, 1957.
- HARRIS, D. L. Expected and predicted progress from index selection involving estimates of population parameters. **Biometrics**, n. 20, p. 46 – 72, 1964.
- HAZEL, L. N. The genetic basis for constructing selection indexes. **Genetics**, Austin, v. 28, p. 476 – 490, 1943.
- HOSENEY, R. C., ZELEZNAK, K., ABDELRAHMAN, A. Mechanism of popcorn popping. **Journal of Cereal Science**, v. 1, p. 43 – 52, 1983.
- KEMPTHORNE, O. **An introduction to the genetic statistics**. New York, John Willey, 1966. 545 p.
- LEZCANO, R. S. **Seleção entre e dentro de famílias de meios-irmãos no milho (*Zea mays* L.) Composto Flint Branco**. Piracicaba, SP: ESALQ, 1976. 52 p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas). Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, 1976.
- LIMA, M. **Seleção entre e dentro de famílias de meios-irmãos na população de milho (*Zea mays* L.) ESALQ-VD-2**. Piracicaba, SP: ESALQ, 1977. 71 p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas). Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, 1977.
- LIMA, M., ZINSLY, J. R., MORO, J. R. Seleção massal estratificada no milho pipoca (*Zea mays* L.), visando o aumento da produtividade, caracteres agronômicos e capacidade de expansão. **Relatório Científico da Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz**. Instituto de Genética, Piracicaba – SP, n. 7, p. 83 – 88. 1973.

- LIMA, M., ZINSLY, J. R., VENCOVSKY, R., CAMPOS MELLO, M. R. Resultados parciais de um programa de melhoramento do milho pipoca (*Zea mays* L.) visando o aumento da produção, caracteres agrônômicos e capacidade de expansão. **Relatório Científico da Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz**. Instituto de Genética, Piracicaba – SP, n. 5, p. 84 – 93. 1971.
- LINARES, E. **Seleção recorrente recíproca em famílias de meios-irmãos em milho pipoca (*Zea mays* L.)**. Piracicaba, SP: ESALQ, 1987. 78p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas). Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, 1987.
- LIRA, M. A. **Seleção entre e dentro de famílias de meios-irmãos para produção e capacidade de expansão e correlações entre alguns caracteres em milho pipoca (*Zea mays* L.)**. Lavras, MG: ESAL, 1983. 63p. Dissertação (Mestrado em Agronomia). Escola Superior de Agricultura de Lavras, 1983.
- LONNQUIST, J. H. A modification of the ear-to-row procedure for the improvement of maize populations. **Crop Science**, v. 4, p. 227 – 228, 1964.
- LYERLY, P. J. Some genetic and morphological characters affecting the popping expansion of popcorn. **Journal of the American Society of Agronomy**, v.34, n. 11, p. 986 – 999, 1942.
- MARQUES, M. J. B. S. G. S. M. **Número mínimo de famílias de meios-irmãos de milho pipoca, critérios de seleção e predição de ganhos por seleção**. Viçosa, MG: UFV, 2000. 236 p. Dissertação (Doutorado em Genética e Melhoramento). Universidade Federal de Viçosa, 2000.
- MATTA, F. P., VIANA, J. M. S. Heterose e conseqüências de endogamia em populações de milho pipoca (*Zea mays* L.). In: Simpósio de Iniciação Científica, 6, Viçosa, 1996. **Resumos**. Viçosa, Imprensa Universitária, 1996, p.33.
- METZGER, D. D., HSU, K. H., ZIEGLER, K. E., BERN, C. J. Effect of moisture content on popcorn popping volume for oil and hot-air popping. **Cereal Chemistry**, Minnesota, v. 66, n. 3, p. 247 – 248, 1989.

- MOHAMED, A. A., ASHMAN, R. B., KIRLEIS, A. W. Pericarp thickness and other kernel physical characteristics relate to microwave popping quality of popcorn. **Journal of Food Science**, v. 58, n. 2, p. 342 – 346, 1993.
- MULAMBA, N. N., MOCK, J. J. Improvement of yield potential of the Eto Blanco maize (*Zea mays* L.) population by breeding for plant traits. **Egypt J. Gen. Cytol.**, Alexandria, v. 7, p. 40 – 51, 1978.
- NASCIMENTO, W. M., BOITEUX, L. S. Influência do grau de umidade do grão na capacidade de expansão de milho pipoca. **Horticultura Brasileira**, v. 12, n. 2, p. 179 – 180, 1994.
- PACHECO, C. A. P. **Avaliação de progênies de meios-irmãos da população de milho CMS-39 em diferentes condições de ambiente - 2º ciclo de seleção.** Lavras, MG: ESAL, 1987. 109p. Dissertação (Mestrado em Agronomia). Escola Superior de Agricultura de Lavras, 1987.
- PACHECO, C. A. P. **Ensaio nacional de milho pipoca: 1991/1992.** Sete Lagoas: Embrapa-CNPMS, 1992. 37p.
- PACHECO, C. A. P., CASTOLDI, F. L., ALVARENGA, E. M. Efeito do dano mecânico na qualidade fisiológica e na capacidade de expansão de sementes de milho pipoca. **Revista Brasileira de Sementes**, v. 18, n. 2, p. 267 – 270, 1996.
- PATERNIANI, E. Selection among and within half-sib families in a Brazilian population of maize (*Zea mays* L.). **Crop Science**, v. 7, p. 212 – 216, 1967.
- PATERNIANI, E., CAMPOS, M. S. Melhoramento do milho. In: Borém, A. (Ed.). **Melhoramento de espécies cultivadas.** Viçosa: Editora UFV, p. 429 – 485. 1999.
- PATERNIANI, E., MIRANDA FILHO, J. B. Melhoramento de populações. In: Paterniani, E., Viégas, G.P. (Eds.). **Melhoramento e produção de milho.** Campinas: Fundação Cargill. v.1, p. 215 – 274. 1987.
- PESEK, J., BAKER, R. J. Desired improvement in relation to selection indices. **Can. J. Plant. Science**, Ottawa, v. 49, p. 803 – 804, 1969.

- REIS, F. P. **Herdabilidades, correlações e índices de seleção em milho (*Zea mays* L.)**. Viçosa, MG: UFV, 1981. 65 p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento). Universidade Federal de Viçosa, 1981.
- ROSHDY, T. H., HAYAKAWA, K., DAUN, H. Time and temperature parameters of corn popping. **Journal of Food Science**, Chicago, v.6, n. 49, p. 1412 – 1418, 1984.
- SANTOS, N. T. **Seleção recorrente entre as variedades braquíticas de milho (*Zea mays* L.) “Piranão” e “Cimmyt”, usando famílias de irmãos germanos obtidas de plantas prolíficas**. Viçosa, MG: UFV, 1991. 76 p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento). Universidade Federal de Viçosa, 1991.
- SAS INSTITUTE INC. SAS/ STAT User's Guide. Version 6, 4th edition, v. 1, Cary, NC: **SAS Institute Inc.**, 1990. 890 p.
- SAWAZAKI, E. **Parâmetros genéticos em milho pipoca (*Zea mays* L.)**. Piracicaba: ESALQ, 1996. 157 p. Dissertação (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) Escola Superior de Agricultura “Luís de Queiroz”, 1996.
- SCAPIM, C. A., CARVALHO, C. G. P., CRUZ, C. D. Uma proposta de classificação dos coeficientes de variação para a cultura do milho. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.30, n.5, p.683 – 686, 1995.
- SEARLE, S. R. **Linear models**. New York: John Wiley and Sons, 1971. 532 p.
- SILVA, W.J. da, VIDAL, B.C., MARTINS, M.E.Q., VARGAS, H., PEREIRA, A.C., ZERBETTO, M., MIRANDA, C.A. What makes popcorn pop. **Nature**, London, v. 362, p. 417, 1993.
- SMITH, H. F. A discriminant function for plant selection. **Ann. Eugen.**, v. 7, p.240 – 250, 1936.
- SONG, A., ECKHOFF, S. R. Optimum popping moisture content for popcorn kernels of different sizes. **Cereal Chemistry**, v. 71, n. 5, p. 458 – 460, 1994.

- SONG, A., ECKHOFF, S. R., PAULSEN, M. LITCHFIELD, J. B. Effects of kernel size and genotype on popcorn popping volume and number of unpopped kernels. **Cereal Chemistry**, Minnesota, v. 68, n. 5, p. 464 – 466, 1991.
- SUBANDI, W., COMPTON, A., EMPIG, L. T. Comparison of the efficiencies of selection indices for three traits in two variety crosses of corn. **Crop Science**, Madison, v. 13, p. 184 – 186, 1973.
- VENCOVSKY, R., BARRIGA, P. **Genética biométrica no fitomelhoramento**. Revista Brasileira de Genética, Ribeirão Preto – SP. 1992. 496 p.
- VENCOVSKY, R., CRUZ, C. D. Comparação de métodos de correção do rendimento de parcelas com estandes variados. I. Dados simulados. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 26, n. 5, p. 647 – 657, 1991.
- VIANA, J. M. S. Correlações entre médias genóticas de mesma família. In: CONGRESSO NACIONAL DE MILHO E SORGO, 21, 1996. Londrina. **Anais...** Londrina: Instituto Agrônomo do Paraná, Associação Brasileira de Milho e Sorgo, 1996a. p. 60.
- VIANA, J. M. S. Herdabilidade em nível de média de família. In: CONGRESSO NACIONAL DE MILHO E SORGO, 21, 1996. Londrina. **Anais...** Londrina: Instituto Agrônomo do Paraná, Associação Brasileira de Milho e Sorgo, 1996b. p. 61.
- WEATHERWAX, P. **The popping of corn**. Proceedings of Indiana Academy of Science. p.149 – 153. 1922.
- WEBEL, O. D., LONNQUIST, J. H. Na evaluation of modified ear-to-row selection in a population of corn (*Zea mays* L.). **Crop Science**, v. 7, p. 651 – 655, 1967.
- WHITE, G. M., ROSS, I. J., PONELEIT, C. G. Influence of drying parameters on the expansion volume of popcorn. **TRANSACTIONS of the ASAE** (American Society of Agricultural Engineering), v. 23, n. 5, p. 1272 – 1276, 1980.
- WILLIAMS, J. S. The evaluation of a selection index. **Biometrics**, North Carolina, v. 18, p. 375 – 393, 1962.

WINKLER, E. I. G. **Seleção entre e dentro de famílias de meios-irmãos no milho (*Zea mays* L.) Composto Dentado Branco**. Piracicaba, SP: ESALQ, 1977. 54 p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas). Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, 1977.

ZINSKY, J. R., MACHADO, J. A. Origem e evolução do milho pipoca. In: Paterniani, E., Viégas, G. P. (Eds.). **Melhoramento e produção de milho no Brasil**. Campinas: Fundação Cargill, p. 413 – 414, 1987.