

UNIVERSIDADE FEDERAL DA GRANDE DOURADOS

**BIOMETRIA APLICADA À SELEÇÃO DE PROGÊNIES
PARCIALMENTE ENDOGÂMICAS DE MILHO PIPOCA**

RENATA MARCHIORI

**DOURADOS
MATO GROSSO DO SUL
2017**

**BIOMETRIA APLICADA À SELEÇÃO DE PROGÊNIES PARCIALMENTE
ENDOGÂMICAS DE MILHO PIPOCA**

RENATA MARCHIORI
Biotecnologista

Orientador PROF. DR. MANOEL CARLOS GONÇALVES
Co-orientadora: PROFa. DRa. LILIAM SILVIA CANDIDO

Dissertação apresentada à Universidade Federal da Grande Dourados, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Agronomia – Produção Vegetal, para obtenção do título de Mestre.

DOURADOS
MATO GROSSO DO SUL
2017

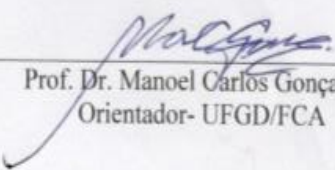
**BIOMETRIA APLICADA À SELEÇÃO DE PROGÊNIES
PARCIALMENTE ENDOGÂMICAS DE MILHO PIPOCA**

Por

Renata Marchiori

Dissertação apresentada como parte dos requisitos para obtenção do título de MESTRE
EM AGRONOMIA

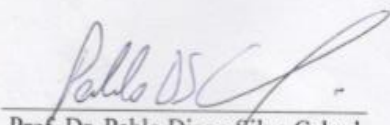
Aprovada em: 19/05/2017



Prof. Dr. Manoel Carlos Gonçalves
Orientador- UFGD/FCA



Prof. Dr. Fernando Higino de Lima e Silva
Instituto Federal Goiano



Prof. Dr. Pablo Diego Silva Cabral
Instituto Federal Goiano

Dados Internacionais de Catalogação na Publicação (CIP).

M316b Marchiori, Renata
BIOMETRIA APLICADA À SELEÇÃO DE PROGÊNIES
PARCIALMENTE ENDOGÂMICAS DE MILHO PIPOCA / Renata Marchiori
-- Dourados: UFGD, 2017.
59f. : il. ; 30 cm.

Orientador: Manoel Carlos Gonçalves
Co-orientadora: Liliam Silvia Candido

Dissertação (Mestrado em Agronomia) - Faculdade de Ciências Agrárias,
Universidade Federal da Grande Dourados.
Inclui bibliografia

1. Capacidade de expansão. 2. Volume de pipoca expandida por hectare. 3.
Correlação. 4. Análise de trilha. 5. Índices de seleção. I. Título.

Ficha catalográfica elaborada automaticamente de acordo com os dados fornecidos pelo(a) autor(a).

©Direitos reservados. Permitido a reprodução parcial desde que citada a fonte.

Aos meus amados pais Luiz e Pierina Marchiori,

DEDICO

AGRADECIMENTOS

A Deus, fonte inesgotável de amor e força, que todos os dias me ouviu e acalmou meu coração nas horas mais desesperadoras.

Aos meus pais, Luiz e Pierina, os quais sonharam os meus sonhos, oraram por mim, me ensinaram a ser quem sou, me apoiaram de todas as formas possíveis e impossíveis, mesmo com a distância se fizeram presentes com toda calma e preocupação, com todo amor infinito e consolo nas aflições.

As minhas irmãs, por me ajudar e me ouvir nas horas ruins, pelos momentos de lazer, pelos meus sobrinhos, que são abrigo de amor e alegria. Vocês são a morada do meu coração.

A Marcia Pozzi, por ser meu porto seguro, minha mãe de coração, minha família em Dourados e meu abrigo. Eu te amo.

Ao meu grande amigo e namorado Vitor Gatto, por tudo o que faz diariamente por mim, por me emprestar seus ouvidos, pela sua paciência, pelos cafunes e abraços nas horas difíceis. Dentro do seu abraço encontrei refugio e proteção, você arrumou a bagunça dentro de mim e me trouxe a paz. Eu te amo.

A Alice e Rudney, que são família, irmãos de coração e um dos presentes mais lindos que Deus me deu em Dourados. Eu amo vocês com toda força do meu coração.

Aos meus amigos e colegas, por serem uma família, por me ajudarem a carregar o fardo, seja ele leve ou pesado, por me darem a mão e o abraço mais sincero.

Ao grupo GMBV-Biotec por realmente ser um grupo, uma família, onde todos são por um e um por todos. Por todas as vezes que perderam o sono ou um final de semana próximo aos familiares para estar comigo no campo, em especial à Priscila Carvalho por se tornar uma grande amiga e ser humano especial em minha vida.

Ao meu orientador e pai, Prof. Dr. Manoel Carlos Gonçalves, pela dedicação e compreensão, pelos conhecimentos e oportunidade a mim oferecidos.

A Profa. Dra. Liliam Silvia Candido, por sua dedicação, compreensão e enorme contribuição para minha vida acadêmica e formação pessoal. A ti dedico minhas vitórias profissionais e agradeço por ter sido acalanto nos meus dias difíceis e puxões de orelha nos dias fáceis.

Aos meus amados mestres e professores, pela dedicação e paciência.

A UFGD e Capes, pela oportunidade e apoio financeiro.

SUMÁRIO

1. INTRODUÇÃO	1
2. OBJETIVOS	3
2.1 Geral	3
2.2 Específicos	3
3. REVISÃO BIBLIOGRÁFICA	4
3.1 Milho pipoca: características gerais e importância econômica	4
3.2 Melhoramento genético da cultura do milho pipoca	6
3.3 Avaliação agrônômica do milho pipoca	9
3.4 Correlação entre caracteres no milho pipoca	10
3.5 Análise de trilha e sua aplicação no melhoramento de milho pipoca	13
3.6 Índices de seleção e sua aplicação no melhoramento de milho pipoca	14
3.6.1 Índice de SMITH (1936) e HAZEL (1943)	15
3.6.2 Índice de MULAMBAA e MOCK (1978)	17
3.6.3 Índice de WILLIAMS (1962)	17
3.6.4 Índice de PESEK e BAKER (1969)	18
3.6.5 Índice baseado na distância genótipo-ideótipo	19
3.7 Utilização de parâmetros genéticos como pesos econômicos na composição de índices de seleção	19
4. REFERÊNCIAS	22
CAPÍTULO I- RELAÇÃO DE CAUSA E EFEITO ENTRE VOLUME DE PIPOCA EXPANDIDA, CAPACIDADE DE EXPANSÃO E PRODUTIVIDADE EM PROGÊNIES DE MILHO PIPOCA	27
Resumo	27
Abstract	28
Introdução	29
Materiais e Métodos	30
Resultados e Discussão	34
Conclusões	40
Referências	40
CAPÍTULO II- PREDIÇÃO DE GANHOS GENÉTICOS EM PRODUTIVIDADE, CAPACIDADE DE EXPANSÃO E VOLUME DE PIPOCA EXPANDIDA EM MILHO PIPOCA POR DIFERENTES ÍNDICES DE SELEÇÃO	43
Resumo	43
Abstract	44
Introdução	45
Materiais e Métodos	46

Resultados e Discussão	49
Conclusões	55
Referências	55
5. CONSIDERAÇÕES FINAIS	58
6. ANEXOS	59

LISTA DE FIGURAS

Figura 1. Diagrama casual da análise de trilha de uma cadeia, ilustrando os efeitos diretos e indiretos dos caracteres X1, X2 e X3, respectivamente, sobre o caráter principal Y. **14**

LISTA DE TABELAS

CAPÍTULO I

- Tabela 1.** Esquema de análise de variância dos caracteres X, Y e de sua soma X+Y, para experimentos em blocos casualizados (CRUZ et al., 2004). 32
- Tabela 2.** Quadrado médio estimado pela análise de variância para 23 progênes S₂ de milho pipoca em Dourados (MS) na safra 2014/2015. 34
- Tabela 3.** Correlações fenotípicas (F), genotípicas (G) e ambientais (E) para 23 progênes S₂ de milho pipoca em Dourados (MS) na safra 2014/2015. 35
- Tabela 4.** Análise de trilha de uma cadeia considerando o caráter principal capacidade de expansão (CE) em 23 progênes S₂ de milho pipoca em Dourados (MS) na safra 2014/2015. 37
- Tabela 5.** Análise de trilha de uma cadeia considerando o caráter principal produtividade de grãos (PROD) em 23 progênes S₂ de milho pipoca em Dourados (MS) na safra 2014/2015. 38
- Tabela 6.** Análise de trilha de uma cadeia considerando o caráter principal volume de pipoca por hectare (VP) em 23 progênes S₂ de milho pipoca em Dourados (MS) na safra 2014/2015. 39

CAPÍTULO II

- Tabela 1** Estimativas da variância fenotípica (S_p^2), variância de ambiente (S_e^2), variância genética (S_g^2), herdabilidade média no sentido amplo (h_a^2), coeficiente de variação genética (CV_g), e a razão entre os coeficientes de variação genética e de ambiente (CV_g/CV_e) de 23 progênes S₂ de milho pipoca em Dourados (MS) na safra 2014/2015. 50
- Tabela 2.** Estimativas de ganho para diferentes caracteres morfoagronômicos utilizando os pesos atribuídos por tentativa para os índices Smith (1936) e Hazel (1943), Mulamba e Mock (1978), Williams (1962), Pesek e Baker (1969) e distância Genótipo-Ideótipo, em 23 progênes S₂ de milho pipoca em Dourados (MS) na safra 2014/2015. 51
- Tabela 3.** Estimativas de ganho para diferentes caracteres morfoagronômicos utilizando a herdabilidade (h^2) como peso para os índices Smith (1936) e Hazel (1943), Mulamba e Mock (1978), Williams (1962), Pesek e Baker (1969) e distância Genótipo-Ideótipo, em 23 progênes S₂ de milho pipoca em Dourados (MS) na safra 2014/2015. 53

RESUMO

MARCHIORI, Renata; **Biometria aplicada à seleção de progênies parcialmente endogâmicas de milho pipoca**; Universidade Federal da Grande Dourados; p.59; Maio, 2017.

O milho pipoca se diferencia do milho comum essencialmente pela capacidade de expandir que os grãos possuem. Este caráter está relacionado com a qualidade do produto final e deve ser priorizada juntamente com os componentes de produção nos programas de melhoramento genético. Assim, conhecer a associação existente entre os diversos caracteres que são mensurados em campo é importante, uma vez que podem auxiliar a seleção de genótipos com dois ou mais caracteres de interesse. Este trabalho foi realizado com o objetivo de avaliar as relações de causa e efeito entre produtividade, capacidade de expansão, volume de pipoca expandida por hectare e outros caracteres morfoagronômicos por meio da análise de trilha e comparar diferentes metodologias de índices de seleção como ferramenta para a estimativa de predição de ganho com a seleção de progênies parcialmente endogâmicas de milho pipoca. Para isto, foram utilizadas 23 progênies S_2 de milho pipoca provenientes do banco de germoplasma do Programa de Melhoramento e Biotecnologia Vegetal da Universidade Federal da Grande Dourados. As progênies foram instaladas em delineamento de blocos ao acaso, com três repetições. Os caracteres avaliados foram altura de plantas (AP), altura de inserção da primeira espiga (AE), número de plantas acamadas e quebradas (AQ), número de espiga por parcela (NE), produtividade de grãos (PROD), massa de 1000 grãos (M1000), capacidade de expansão (CE) e volume de pipoca expandida por hectare (VP). Não foi verificada correlação genética entre CE e PROD. Entretanto, foi constatada associação linear positiva destes dois caracteres com VP. A análise de trilha realizada com o caráter VP como principal, apresentou-se como melhor opção para obtenção de ganhos simultâneos em CE e PROD, pois o efeito direto destes caracteres sobre VP foi positivo. A utilização de diferentes índices de seleção permitiu a predição de ganhos simultâneos em todos os caracteres. Os melhores resultados observados com os índices foram obtidos com a utilização de pesos empíricos arbitrários. A seleção das progênies realizadas com base nos índices de Mulamba e Mock (1978) e Genótipo-ideótipo, demonstraram maiores possibilidades de ganhos simultâneos nos caracteres de interesse. A utilização do VP nas análises de trilha e índices de seleção proporcionou resultados satisfatórios, uma vez que possibilitou a seleção de progênies com boa produtividade e capacidade de expansão, podendo ser utilizada como caráter auxiliar nos programas de melhoramento genético dessa cultura.

Palavras-chave: Capacidade de expansão; volume de pipoca expandida por hectare; correlação; análise de trilha; índices de seleção.

ABSTRACT

MARCHIORI, Renata; **Biometry applied to the selection of partially endogenous progenies of popcorn**; Universidade Federal da Grande Dourados; p.59; May, 2017.

Popcorn differs from corn essentially because of the popping expansion capacity the beans have. This character is related to the quality of the final product and should be prioritized along with the components of grain yield in breeding programs. Thus, knowing the association between the various characters that are measured in the countryside is important, since they can aid the selection of genotypes with two or more characters of interest. This work was carried out with the objective of evaluating the cause and effect relationships between grain yield, popping expansion capacity, volume of popcorn expanded per hectare and other morphoagronomic characters through path analysis and compare different selection indexes methodologies as a tool for the prediction of gain prediction with the selection of partially endogenous progenies of popcorn. For this, 23 progenies S_2 of popcorn were used from the germplasm bank of the Plant Breeding and Biotechnology Program of the Universidade Federal da Grande Dourados. The progenies were installed in a randomized complete block design with three replicates. The evaluated characters were height of plants (HP), height of insertion of the first cob (HC), number of plants bedridden and broken (BB), cob number per plot (CN), grain yield (GY), mass of 1000 grains (M1000), popping expansion (PE) and volume of popcorn expanded per hectare (VP). No genetic correlation was verified between PE and GY. However, a positive linear association of these two characters with VP was found. The path analysis performed with the VP character as the main one, presented the best option to obtain simultaneous gains in PE and GY, since the direct effect of these characters on PV was positive. The use of different selection indices allowed the prediction of simultaneous gains in all the characters. The best results observed with the indices were obtained with the use of arbitrary empirical weights. The selection of progenies based on the indexes Mulamba and Mock (1978) and Genotype-ideotype, showed greater possibilities of simultaneous gains in the characters of interest. The use of PV in path analysis and selection indexes provided satisfactory results, since it allowed the selection of progenies with good grain yield and popping expansion, and could be used as an auxiliary character in the breeding programs of this crop.

Key words: popping expansion; volume of popcorn expanded per hectare; correlation; path analysis; selection indexes.

1. INTRODUÇÃO

O milho pipoca (*Zea mays L. var. everta (Sturtev) L. H. Bailey*) possui grande aceitação pelo mercado consumidor, sendo apreciada em praticamente todo o mundo. Apesar de pertencer à mesma espécie do milho dito comum, diferencia-se de outros tipos de milho devido à capacidade de expandir dos grãos quando expostos a altas temperaturas, sendo também caracterizado por possuir grãos pequenos e duros, com um pericarpo mais rígido e espesso em relação a outros tipos de grãos de milho.

O Brasil apesar de possuir potencial agrícola para o cultivo do milho pipoca, ainda importa grãos e sementes, principalmente provenientes dos Estados Unidos e Argentina. Existem algumas dificuldades para implantação desta cultura no país, principalmente devido à baixa disponibilidade de variedades ou híbridos comerciais pois, das cultivares registradas no Registro Nacional de Cultivares (RNC) do Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento (MAPA), algumas por serem linhagens não possuem potencial produtivo, ou grande quantidade de sementes disponíveis para comercialização e outras ainda estão sob domínio de empresas empacotadoras. Assim, com o intuito de desenvolver novas cultivares que sejam produtivas, estáveis e adaptadas a condições específicas, com maior resistência a doenças e pragas e acessibilidade ao produtor é fundamental o incentivo à implantação de novos programas de melhoramento genético de milho pipoca no Brasil.

Os métodos de melhoramento aplicados para a cultura do milho pipoca são os mesmos utilizados para o milho comum. Nas avaliações das progênies, em campo, são mensurados diversos caracteres que podem estar mais ou menos associados uns aos outros. O estudo destas associações é importante, pois fornece subsídios aos programas de melhoramento, uma vez que auxilia na seleção de genótipos que possuem associação linear entre caracteres de interesse para a cultura. É possível observar ganho indireto em um caráter que esteja correlacionado geneticamente a outro que seja o alvo direto da seleção. Assim, a seleção indireta pode propiciar ganhos em dois caracteres simultaneamente, tendo como base a seleção apenas em um. No milho pipoca os caracteres de maior interesse são a capacidade de expansão e a produtividade, foco direto do consumidor e produtor, respectivamente. Entretanto, estes caracteres tendem a se correlacionar de forma negativa (DAROS et al., 2004), como foi verificado em diversos estudos já realizados como o de Rangel et al. (2011) e Cabral et al. (2016) em que foram observadas correlações negativas entre produtividade e capacidade de

expansão, ou seja, na medida em que se obtêm ganhos com a seleção em um dos caracteres existe a chance de perda no outro.

Assim, a análise de trilha torna-se essencial para o estudo deste tipo de associação, pois permite separar os coeficientes de correlação em efeitos diretos e indiretos de um caráter sobre outro. Tanto as correlações quanto a análise de trilha ajudam entender a relação entre caracteres importantes para a cultura e estimar a possibilidade de obtenção de ganhos com a seleção indireta em um caráter por meio da seleção em outro, favorecendo a seleção de progênies promissoras para os programas de melhoramento. Entretanto, estas análises não são capazes de prever os possíveis ganhos com a seleção. Para estimar ganhos e selecionar progênies que tenham maior potencial à expressão destes o melhorista pode fazer uso dos chamados índices de seleção.

A utilização dos índices de seleção permite obter ganhos simultâneos em vários caracteres por não selecionar apenas um caráter como principal, pois considera a associação de todos os caracteres simultaneamente, possibilitando também a avaliação de todas as informações disponíveis, onde o melhorista atribui pesos aos caracteres de acordo com a importância destes dentro do programa. Para isto existem diversas metodologias propostas por diferentes autores sendo que cada uma delas possui modelos estatísticos particulares para se obter a predição de ganhos.

Assim, espera-se que a realização desse trabalho possibilite o auxílio à compreensão da relação entre os principais caracteres de produção e qualidade da cultura do milho pipoca e contribua para a seleção de progênies que darão suporte a continuidade do programa de melhoramento genético realizado na Universidade Federal da Grande Dourados (UFGD) e outros programas de melhoramento de milho pipoca no Brasil.

2. OBJETIVOS

2.1 GERAL

Estudar as relações de causa e efeito entre caracteres de importância para a cultura do milho pipoca, principalmente produtividade, capacidade de expansão e volume de pipoca expandida por hectare e comparar diferentes metodologias de índices de seleção como ferramenta para a predição de ganhos com a seleção de progênies parcialmente endogâmicas de milho pipoca.

2.2 ESPECÍFICOS

Estimar as correlações fenotípicas, genotípicas e ambientais existentes entre diferentes caracteres relacionados à produtividade e capacidade de expansão.

Verificar, por meio da análise de trilha, as relações de causa e efeito entre caracteres, tendo como caráter principal a produtividade, volume de pipoca expandida por hectare e capacidade de expansão, visando à possibilidade de ganhos com a seleção indireta.

Predizer os ganhos genéticos com a seleção de progênies de milho pipoca baseado em caracteres morfológicos, de produtividade, capacidade de expansão e volume de pipoca utilizando diferentes metodologias de índices de seleção e pesos econômicos.

Selecionar progênies S_2 de milho pipoca que reúnam bons caracteres de produção e capacidade de expansão para continuidade do programa de melhoramento de milho pipoca conduzido na Universidade Federal da Grande Dourados.

3. REVISÃO DE LITERATURA

3.1 Milho pipoca: características gerais e importância econômica

O milho pipoca é classificado como um tipo especial de milho, assim como o mini-milho, o milho branco e o milho-doce. Todos eles são considerados como espécie *Zea mays L.*, assim como milho comum. Porém, o nome científico do milho pipoca é descrito como *Zea mays L. var. everta (Sturtev) L. H. Bailey*, pertencente à família Gramineae e subfamília Panicoideae, sendo uma herbácea anual (DEOBLEY, 1990).

Estudos apontam o milho pipoca como sendo o precursor do milho comum, pois, seu principal e mais antigo ancestral comum registrado é o *teosinte*, o qual produz uma espiga muito pequena cujos grãos podiam ser moídos a fim de produzir farinha ou quando expostos ao fogo estouravam, dando o aspecto da pipoca (PATERNIANI et al., 2000).

A cultura do milho pipoca foi difundida por indígenas da tribo Guarani, em que predominavam variedades crioulas com grãos pontudos que deram origem a quase todo o milho pipoca comercialmente utilizado. Nos Estados Unidos da América a variedade mais importante, que foi originada a partir destas variedades crioulas, foi denominada *South American Popcorn* (PATERNIANI et al., 2000).

O grão do milho pipoca é composto por embrião, aleuroma, endosperma e pericarpo, sendo os dois últimos componentes os mais importantes, pois influenciam diretamente na qualidade do grão e na capacidade deste expandir. O milho pipoca possui capacidade de estourar (expandir) quando submetido a temperaturas superiores à 180°C, sendo este o principal caráter que o diferencia do milho comum. Os grãos possuem uma estrutura mais arredondada com um pericarpo mais espesso que o milho comum (SAWASAKI, 2001). A capacidade de expandir do grão pode ser influenciada pela qualidade e espessura do endosperma e pericarpo, sendo que, o pericarpo é a parte que reveste o grão. Portanto, no momento da expansão sua integridade precisa ser mantida para que o grão tenha capacidade de suportar a elevada pressão criada devido à evaporação da umidade interna.

O grão exige alguns cuidados tanto na colheita quanto no armazenamento, pois qualquer dano causado no pericarpo pode reduzir a capacidade do grão expandir, pois este irá suportar uma pressão interna menor ou não irá permitir a formação da pressão devido a injúrias por onde possa sair o vapor interno. O endosperma é a segunda camada do grão e é composto por duas partes, sendo uma cristalina e extremamente

dura e outra mais opaca, onde se encontra o amido, que irá formar a pipoca. Esta parte mais opaca possui uma matriz de proteínas e corpos proteicos que são arranjados e protegem os grânulos cristalinos de amido do ambiente, pois estão organizados de forma que não possuam espaços vazios que permitam a penetração do ar (PAES, 2006).

O processo de expansão ocorre devido à umidade presente no grão, pois, quando o grão é submetido a altas temperaturas a água presente em seu interior é aquecida e passa a vaporizar. Esta vaporização aumenta a pressão interna do grão, o que irá promover o rompimento do pericarpo gelatinizando o endosperma, pois o vapor d'água não possui espaços para atravessar e se obriga a passar por um hilo localizado no centro dos grânulos de amido, causando então uma expansão na matriz proteica que toma um formato tridimensional. O milho pipoca pode ser entendido então como uma mini panela de pressão, onde não se permite a entrada de ar ou saída de vapor, para que a temperatura interna ideal para estourar o grão seja atingida até que as partículas de água presentes passem a se agitar, formando a pressão interna elevada causando o rompimento do endosperma e pericarpo e formando a matriz de amido que se conhece como pipoca. A capacidade de expansão (CE), principal caráter do milho pipoca, é mensurada pela relação de volume de pipoca estourada em relação ao peso dos grãos utilizados.

O milho pipoca é apreciado e consumido em praticamente todo o mundo. Possui em sua composição uma fração rica de lipídios e amido, além de proteínas, fibras, vitaminas do complexo B e açúcares, sendo que seus maiores produtores e também consumidores são os Estados Unidos da América. Na década de 90, a produção de milho pipoca no Brasil era ínfima, sendo necessária a realização de importação de praticamente todo o consumo deste produto pelo país, principalmente dos Estados Unidos da América e Argentina (PEREIRA FILHO et al., 2016).

Os dados de produtividade e preços de mercado deste produto não são de fácil acesso e muitas vezes não são disponibilizados levantamentos sobre a safra, devido ao fato de ser uma cultura de baixa exploração no Brasil e comandada, em sua maior parte, por empresas privadas empacotadoras.

A informação de produtividade mais recente disponibilizada foi coletada em 2006 em que se observou um salto de 780 mil quilos de milho pipoca para mais de 1 milhão de quilos de grãos comercializados pela Ceasa-Minas Gerais, ou seja, 84% a mais, o que demonstrou um aumento expressivo no mercado deste produto tornando-o promissor (PEREIRA FILHO et al., 2016). No ano de 2012, o preço médio do milho

pipoca foi estimado em R\$1,51/kg⁻¹, valor superior ao milho comum, com a comercialização de 34 toneladas no período de janeiro a junho de 2012 (AGRIANUAL, 2013).

Atualmente o Brasil aumentou a produção de milho pipoca, porém ainda é insuficiente para atender a demanda nacional, sendo que 60% da produção brasileira de milho pipoca estão concentradas na região de Mato Grosso (IBGE, 2016). Os municípios de Campo Novo dos Parecis-MT e Nova Prata-RS destacam-se como os maiores produtores de milho pipoca do país atualmente, e ambos estão sob comando da Yoki Alimentos S/A, sendo responsáveis pela maior parte da produção brasileira de milho pipoca. As empresas empacotadoras possuem variedades e híbridos muito produtivos, dessa forma se estabelece um acordo entre as empresas e os produtores dessas regiões para fornecimento das sementes. Para o produtor fica a garantia do lucro com os grãos colhidos (ABRAMILHO, 2017), entretanto essa prática gera um desestímulo ao desenvolvimento de novas cultivares por parte dos institutos de pesquisa e universidades públicas.

Atualmente o Brasil possui 85 cultivares registradas e disponíveis para acesso à informação no site do Registro Nacional de Cultivares (RNC) do Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento (MAPA). É possível observar que 75% das cultivares registradas pertencem a empresas privadas. As principais instituições públicas que desenvolvem cultivares de milho pipoca no Brasil são, o Instituto Agrônomo de Campinas (IAC) detentora de 12 registros e a Universidade Estadual do Norte Fluminense (UENF) com sete registros (MAPA, 2017). Dentre as cultivares desenvolvidas se observam híbridos simples, linhagens e variedades, e são uma alternativa aos produtores que desejam cultivar milho pipoca sem parcerias e obrigações com empresas privadas.

Assim, percebe-se a importância do incentivo para a condução de novos programas de melhoramento de milho pipoca em regiões promissoras para o seu cultivo visando à expansão da cultura no Brasil.

3.2 Melhoramento genético da cultura do milho pipoca

O melhoramento genético tem como objetivo basicamente desenvolver cultivares vegetais ou animais buscando solucionar problemas e melhorar a qualidade de vida do ser humano sem prejudicar o meio ambiente. Para isso utiliza-se de conhecimentos genéticos e estatísticos. Para iniciar um programa de melhoramento

vegetal é necessário ter um germoplasma que pode ser obtido por meio de cruzamentos entre genótipos diferentes (linhagens, variedade, híbridos, entre outros).

Os programas de melhoramento de milho pipoca no Brasil tiveram início em 1932 no Instituto Agrônomo de Campinas (IAC) e ganharam maior impulso em 1993, quando começaram as parcerias com empresas americanas (CABRAL et al., 2016).

Em 1973, o IAC possuía duas variedades de milho pipoca, “Branca Pontuda” e “South American Mushroom” (SAM) e trabalhava com ciclos de seleção massal a fim de obter uma população superior em capacidade de expansão e produtividade. Em 1982, a Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária (EMBRAPA) liberou recursos para estudos de populações por meio de cruzamentos dialélicos, retomando assim as atividades do programa de melhoramento. Com essa iniciativa, foram eleitas as cultivares SAM e Guarani para iniciar o programa com a finalidade de produção de híbridos intervarietais de início e posteriormente produzir linhagens. O híbrido intervarietal não chegou a ser utilizado comercialmente, mas em 1998 o pesquisador Dr. Eduardo Sawazaki, que tinha sob sua responsabilidade as pesquisas com milho pipoca no IAC, lançou o híbrido IAC-112, até hoje uma das cultivares mais produtivas. Em seguida, o Dr. Edmilson Linares, que comandava um programa de melhoramento incentivado pela empresa privada PIONEER, lançou o híbrido Zélia, o qual obteve ótimos resultados e também serviu de precursor para outros programas. Estes foram os primeiros híbridos de milho pipoca a serem lançados no Brasil, provenientes de programas de melhoramento (SILVA, 2009).

O milho pipoca possui caracteres de produção e qualidade correlacionados negativamente, ou seja, à medida que se obtém ganhos com a seleção em um caráter, existe a possibilidade de perder em outro. Assim, os programas de melhoramento de milho pipoca tem o desafio de conseguir desenvolver cultivares produtivas e com bons atributos envolvendo a qualidade do produto final. Neste aspecto, Miranda et al. (2008) argumentaram que em programas de melhoramento com a cultura visando ganhos na produtividade de grãos, a utilização de germoplasma tropical pode ser eficiente. Todavia, para capacidade de expansão dos grãos, relatam a importância da introdução de germoplasma temperado.

Os métodos mais utilizados para o melhoramento de milho pipoca são os mesmos utilizados para milho comum, sendo eles a seleção recorrente para produção de variedades e obtenção de linhagens endogâmicas para produção de híbridos.

Borém e Miranda (2013) explicam que a seleção recorrente é qualquer sistema designado para aumentar gradativamente a frequência de alelos desejáveis para caracteres quantitativos, por meio de repetidos ciclos de seleção, até que a frequência dos alelos favoráveis atinja níveis satisfatórios, sem reduzir a variabilidade genética da população. Para realizar um ciclo de seleção recorrente são necessárias quatro etapas básicas: obtenção de progênies, avaliação destas progênies, seleção das melhores e recombinação destas, para enfim conduzir outro ciclo de seleção. A seleção recorrente é mais utilizada e apropriada para trabalhos com objetivos a longo prazo e para caracteres de grandeza quantitativas. Após a obtenção da população por meio da seleção recorrente, esta pode tanto ser utilizada como uma nova cultivar ou até mesmo como fonte de linhagens.

Para se obter linhagens puras (com todos os locos em homozigose) é necessário que ocorra o processo de autofecundação, em que a endogamia é máxima. Nass et al. (2001) relatam que o número de locos em heterozigose é reduzido à metade em cada geração de autofecundação, de forma que logo na primeira geração de autofecundação (S_1) se obtém 50% de homozigose, na segunda (S_2) 75%, na terceira (S_3) 87,5%, na quarta (S_4) 93,75%, e assim sucessivamente até atingir 99,22% de locos homozigotos na sétima geração (S_7). Quando se atinge elevado índice de homozigose, então se considera que os caracteres estão fixados e é possível observar a diferença existente entre as linhagens. Durante os ciclos de autofecundação, os alelos que possuem maior herdabilidade se sobressaem e os demais deixam de ser expressos, podendo ocasionar a redução de vigor e depressão por endogamia, isso porque alguns caracteres que talvez estejam relacionadas ao vigor e aspectos da planta podem deixar de serem expressos. Após a obtenção das linhagens as mesmas poderão ser cruzadas entre si para a obtenção de híbridos, pois com a restauração da heterose aumenta-se a chance de obtenção de híbridos com maior mérito genético.

Quando as linhagens estão em segunda geração de autofecundação (S_2), elas, teoricamente, possuem locos em 75% de homozigose, sendo consideradas então linhagens parcialmente endogâmicas, porém ainda há muita segregação devido à quantidade elevada de locos que ainda estão em heterozigose. Carvalho et al. (2003) realizaram cruzamentos entre linhagens parcialmente endogâmicas S_2 de milho comum e obtiveram híbridos com produtividade semelhante aos comerciais AG 9012, C-333B e Z-8392, o que demonstra o potencial da utilização de linhagens parcialmente endogâmicas nos cruzamentos. Assim também foi realizado um trabalho com milho

pipoca por Pinto et al. (2007), onde as linhagens utilizadas estavam em S₅, sendo que neste caso foram estimadas as capacidades geral e específica de combinação e os resultados obtidos foram promissores para formação de híbridos.

Os híbridos são produzidos pelo cruzamento entre dois ou mais genitores distintos, ou seja, genótipos divergentes. De acordo com Nass et al. (2001), em populações de milho, o cruzamento ao acaso entre indivíduos constitui o mecanismo natural de reprodução e tem efeito de manter a variabilidade na população e a condição de alta heterozigose nos indivíduos. Isso ocorre devido ao sistema reprodutivo do milho ser sexual e do tipo alogamia, o que indica que esta cultura possui 95% de sua fecundação preferencialmente cruzada, aumentando a variabilidade genética entre os indivíduos da população.

É importante na cultura do milho pipoca que a heterozigosidade seja mantida ou restaurada ao final do processo de melhoramento para que o vigor da planta não seja afetado. Assim, no processo de autofecundação, a endogamia deve ser utilizada apenas como estratégia para produção de linhagens.

3.3 Caracteres fenotípicos do milho pipoca

Durante toda a condução de um programa de melhoramento genético vegetal é rotina avaliar caracteres importantes para cultura, objeto do programa. Em cada fase ou experimento realizado, os caracteres são utilizados com o intuito de avaliar e/ou selecionar genótipos promissores ou que possuam um atributo desejado. O objetivo final é reunir vários caracteres favoráveis em um só genótipo, que poderá torna-se uma nova cultivar.

Na cultura do milho pipoca, além dos caracteres agronômicos de interesse econômico como a produtividade, devem ser considerados caracteres relacionados à qualidade do produto final, que é a pipoca. Dessa forma, é fundamental a avaliação de caracteres morfológicos, de produção e qualidade. Alguns dos principais caracteres morfológicos, associadas à produção e qualidade avaliadas na cultura do milho pipoca estão apresentados a seguir.

A mensuração da altura média das plantas da parcela experimental determina o porte da planta e auxilia a seleção de plantas com menor suscetibilidade ao acamamento, pois plantas exageradamente altas tendem a ser mais suscetíveis ao acamamento ou mesmo quebraimento do colmo por ação de fatores climáticos como o vento.

A altura da inserção média da espiga superior é um caráter importante para a cultura, pois a colheita mecanizada poderá ser facilitada com espigas uniformes localizadas em posições mais elevadas da planta. Entretanto, espigas muito altas podem provocar a quebra da planta devido ao peso exercido sobre o colmo.

Avaliar o número de plantas acamadas e quebradas em relação ao estande final é importante, pois mensura a suscetibilidade das mesmas em relação a fatores ambientais como pluviosidade, força e direção de ventos. Plantas que estão apenas acamadas tem chance de se recuperarem durante o ciclo. Porém, plantas que tiveram o colmo quebrado não se recuperam, contribuindo para reduzir a produtividade de um genótipo.

A produtividade pode ser definida como a quantidade de produção de grãos por unidade de área sendo o principal caráter de uma cultura tanto para o melhorista quanto para o produtor. Já a massa de mil grãos deve ser mensurada, pois sementes mais pesadas tendem a proporcionar maior rentabilidade ao produtor, caracterizando maior produtividade e lucro.

A capacidade de expansão é o principal atributo de qualidade avaliado na cultura do milho pipoca. Nos programas de melhoramento este caráter costuma ter destaque especial, uma vez que quanto maior for o volume de pipoca produzido, maior será o interesse do consumidor final no produto.

O volume de pipoca expandida por hectare é um caráter de efeito multiplicativo entre produtividade e capacidade de expansão, por esse motivo torna-se importante como atributo em genótipos de milho pipoca em processo de melhoramento genético.

É interessante ressaltar que os caracteres de interesse em uma cultura quase sempre estão associados uns aos outros. De forma, que a expressão de um caráter pode ser afetada por outro, principalmente se essa associação for devido a fatores genéticos. Por isso em um programa de melhoramento o conhecimento da magnitude e da natureza das associações entre caracteres é de fundamental importância no desenvolvimento de novas cultivares.

3.4 Correlações entre caracteres no milho pipoca

A constatação da existência de correlação entre caracteres fornece auxílio na seleção dos melhores indivíduos devido à correlação linear entre dois caracteres, que pode favorecer a resposta correlacionada de um caráter mediante a seleção em outro (CRUZ e CARNEIRO, 2006). Quando se trabalha com melhoramento genético de plantas, vários caracteres são mensurados e avaliados, sendo necessário então o

conhecimento da relação que existe entre eles, principalmente as relações dos caracteres de maior interesse com os demais, ou seja, é necessário conhecer as alterações que ocorrem em um caráter quando se realiza uma seleção baseada em outro caráter (VENCOVSKY e BARRIGA, 1992).

A magnitude da correlação varia de zero a um, podendo ser positiva ou negativa. Quanto mais próximo à unidade (negativa ou positiva) for o coeficiente de correlação, maior será o grau de associação linear entre os dois caracteres e quanto mais próximo à zero, menor será essa associação. Quando a seleção ocorrer por meio de um caráter de correlação negativa, provocará ganho ou perda, dependendo dos caracteres envolvidos, indireta em outro, ou seja, um caráter negativo provocará efeito contrário no outro. Assim, também acontece em associações de correlação positiva, em que a seleção de um caráter também poderá ocasionar ganhos indiretos em outro. Para um coeficiente zero, não se pode dizer que não há correlação entre os caracteres, apenas se pode afirmar que estes não apresentam relação linear (CRUZ e CARNEIRO, 2006).

As correlações entre caracteres podem ser genotípicas, ambientais e fenotípicas, sendo que esta última se dá por causas genéticas e ambientais somadas. Porém, somente os de natureza genética é que são herdáveis. A principal causa da correlação genética se deve ao fenômeno da pleiotropia, ou seja, quando a propriedade de um gene influencia na expressão de dois ou mais caracteres (CRUZ et al., 2004).

A maior importância de avaliar correlações ambientais é a possibilidade de observar se o ambiente em que os genótipos estão sendo avaliados está favorecendo ou desfavorecendo a expressão dos caracteres. Caso não haja correlação positiva ou negativa significativas, entende-se que o ambiente não influencia a expressão dos caracteres avaliados (CABRAL et al., 2016).

Alguns trabalhos de correlação entre caracteres para a cultura do milho pipoca são encontrados na literatura, dentre eles, Carpentieri-Pípolo et al. (2002), que observaram resultados de correlação negativa, tanto genotípicas quanto fenotípicas, entre os dois caracteres de principal interesse para a cultura do milho pipoca, a capacidade de expansão e a produtividade. Daros et al. (2004) também realizaram um estudo de correlação entre caracteres de milho pipoca, utilizando famílias de meio-irmãos em primeiro ciclo e em segundo ciclo de seleção recorrente e linhagens S₁ e obtiveram correlações genotípicas negativas, mesmo que não significativas, entre os caracteres capacidade de expansão e produtividade de grãos.

Cabral et al. (2016), ressaltaram que a capacidade de expansão é o caráter de maior interesse aos programas de melhoramento de milho pipoca, pois quanto mais elevada esta for, melhor será para o consumidor. Porém, a correlação negativa muitas vezes observada entre este caráter e a produtividade, dificulta a seleção de genótipos com elevada capacidade de expansão e produtividade. Devido a isso, o estudo das correlações entre caracteres é fundamental em programas de melhoramento. Dofing et al. (1991) demonstraram que o principal componente de variação genética da capacidade de expansão foram devido a efeitos genéticos aditivos, o que pode ser uma justificativa para a correlação negativa entre estes dois caracteres. Portanto o caráter capacidade de expansão possui maior chance de ser herdado com o incremento de genes favoráveis de efeito acumulativo que estarão presentes nos genótipos selecionados e conseqüentemente na próxima geração. Pereira e Amaral Júnior (2001) em milho pipoca puderam constatar que, a herdabilidade no sentido restrito para o caráter capacidade de expansão foi elevada (82,72%) e para a produtividade foi baixa (17,85%), o que indica que as seleções realizadas pelo caráter capacidade de expansão, tendem a proporcionar maiores ganhos nos programas de melhoramento genético, porém denotam pouca expressividade na produtividade, a qual pode ser restaurada no final do ciclo com a heterose.

Devido a essa correlação negativa, seria oportuno utilizar um único caráter para realizar a seleção, que associe de forma positiva e concomitante a produtividade de grãos e a capacidade de expansão, podendo aumentar as chances de êxito na seleção de genótipos. Quando as grandezas capacidade de expansão e produtividade são levadas em consideração de maneira multiplicativa é possível gerar um único caráter para então realizar a seleção possibilitando ganho simultâneo. Para isso, Amaral Júnior et al. (2016) propuseram a utilização do caráter volume de pipoca expandida por hectare (VP), expresso em $\text{m}^3 \text{ha}^{-1}$, que refere-se à multiplicação entre a produtividade média de grãos (em kg ha^{-1}) e a capacidade de expansão (em ml g^{-1}), gerando o que os autores denominaram de super-caráter, que agrega genótipos de alta produtividade e capacidade de expansão, podendo, deste modo, contornar o empecilho da utilização de múltiplos caracteres na seleção de genótipos superiores assim como as correlações negativas. Estes autores obtiveram uma correlação fenotípica de 0,89 e genotípica de 0,93 entre volume de pipoca expandida por hectare e produtividade, e para a associação do caráter volume de pipoca expandida por hectare com capacidade de expansão estas mesmas

correlações foram 0,49 e 0,51, respectivamente, o que indica a possibilidade de ganhos simultâneos, devido a esta associação positiva.

3.5 Análise de trilha e sua utilização no melhoramento de milho pipoca

A análise de correlação, embora importante, indica apenas se há ou não correlação entre dois caracteres, que podem estar correlacionados geneticamente e/ou devido a fatores ambientais. Mas, para quantificar e interpretar a magnitude dessa correlação é necessário estudar a causa e o efeito que cada caráter exerce sobre outro e se há interferência indireta de um terceiro caráter na expressão de determinada variável principal (CRUZ e CARNEIRO, 2006).

A análise de trilha foi proposta por Wright (1921) e permite o desdobramento do coeficiente de correlação em efeitos indiretos e diretos, permitindo realizar a seleção de plantas por meio dos efeitos indiretos de outros caracteres no caráter de interesse (FARIA et al., 2015). Portanto, para a análise de trilha as variáveis ou caracteres são previamente padronizados para se obter uma equação de regressão que estime os efeitos diretos e indiretos. Apesar de envolver este princípio de regressão, ela nada mais é do que uma análise de decomposição do coeficiente de correlação, o que permite avaliar se a relação entre um caráter em outro é de causa e efeito ou se é determinada pela influência do efeito indireto de outro caráter (CRUZ e CARNEIRO, 2006).

A principal utilidade da análise de trilha é de fato possibilitar o conhecimento dos efeitos diretos e indiretos que as variáveis explicativas exercem sobre uma variável principal, permitindo ao melhorista ter mais uma ferramenta na seleção de progênies promissoras e obter ganhos simultâneos nas próximas gerações (KUREK et al., 2001).

Algumas das propriedades da análise de trilha consideradas importantes estão relacionadas ao fato desta análise ser utilizada para mensurar diversos caracteres em escalas diferentes, assim como duas variáveis podem ser completamente determinadas pela mesma causa em comum e mesmo assim não apresentar correlação (GONÇALVES e FRITSCHÉ-NETO, 2012). Outra propriedade importante é que dois caracteres podem não estar correlacionados, mas o coeficiente de trilha pode assumir um valor diferente de zero, ou seja, muitas vezes algumas variáveis não apresentam correlação linear, porém ao desdobrar estas correlações com a análise de trilha, a distribuição dos efeitos pode apresentar as verdadeiras correlações entre os caracteres.

A equação de regressão utilizada para a análise de trilha pode ser expressa por:

$$y = P_1x_1 + P_2x_2 + P_3x_3 + P_Ee$$

Onde, P_1 , P_2 , P_3 e P_E são os coeficientes de trilha e e uma variável padronizada que representa o efeito residual (GONÇALVES e FRITSCHÉ-NETO, 2012).

A Figura 1 exemplifica o diagrama da análise de trilha de uma cadeia onde o caráter principal Y sofre efeito direto de X_1 , X_2 e X_3 e efeito indireto do caráter X_1 via X_2 quantificado por $r_{12}p_2$, de X_1 via X_3 quantificado por $r_{13}p_3$, X_2 via X_1 quantificado por $r_{12}p_1$, X_2 via X_3 quantificado por $r_{23}p_3$ e assim sucessivamente.

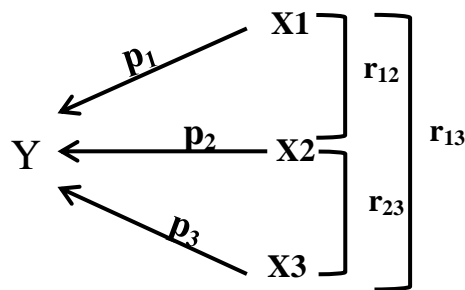


Figura 1. Diagrama casual da análise de trilha de uma cadeia, ilustrando os efeitos diretos e indiretos dos caracteres X_1 , X_2 e X_3 , respectivamente, sobre o caráter principal Y.

Pelegrini et al. (2016) realizaram análises de correlação genotípica e ambiental em milho pipoca e posteriormente o desdobramento destas correlações em análise de trilha. Os autores constataram que existem associações entre os caracteres avaliados e alguns não são recomendados para ganhos indiretos em capacidade de expansão, como por exemplo a espessura do grão que demonstrou efeito direto sobre a capacidade de expansão negativo.

3.6 Índices de seleção e sua aplicação no melhoramento de milho pipoca

Programas de melhoramento genético de milho pipoca encontram dificuldade na obtenção de ganhos simultâneos em mais de dois caracteres quando não são usados índices de seleção. Isto foi constatado por pesquisadores que não obtiveram sucesso na predição de ganhos em produtividade e capacidade de expansão em milho pipoca utilizando seleção truncada, (FREITAS JÚNIOR et al., 2009). Isso, provavelmente, foi constatado devido à existência de correlação genética negativa entre capacidade de expansão e produtividade.

A teoria dos índices de seleção é baseada no fato de que cada indivíduo possui um valor genético global que lhes é peculiar. Os índices de seleção se mostram eficientes, pois, permitem obter ganhos em vários caracteres simultaneamente, não selecionando apenas um caráter como principal e obter ganhos limitados a este (SANTOS e ARAÚJO, 2001), mas possibilita a avaliação de todas as informações disponíveis, em que o melhorista atribui pesos aos caracteres de acordo com a importância destes dentro do programa (PEDROZO et al., 2009). Assim, a seleção simultânea de um conjunto de caracteres de interesse econômico aumenta a chance de êxito de um programa de melhoramento.

O índice de seleção constitui um caráter adicional, que é estabelecido pela combinação linear otimizada de vários caracteres, o que permite efetuar uma seleção simultânea eficiente, pois combina as múltiplas informações contidas na unidade experimental, tornando possível a seleção baseada num complexo de caracteres que reúna vários atributos de interesse econômico (CRUZ e CARNEIRO, 2006).

Existem diversos índices de seleção construídos por diferentes autores e cada um possui um método analítico, como por exemplo os índices de Mulamba e Mock (1978) que são baseados em soma de “*ranks*”, o índice base de Willians (1962) e o de Pesek e Baker (1969) que são baseados em ganhos desejados. Portanto, o melhorista tem a possibilidade de escolher um índice que lhe forneça melhores resultados, ou até mesmo fazer uma análise com todos para obter resultados mais amplos (VASCONCELOS et al., 2010).

Freitas Júnior et al. (2009) realizaram um estudo com os índices Mulamba e Mock (1978), Pesek e Baker (1969), Smith (1936) e Hazel (1943) e Williams (1962) com o intuito de prever ganhos por índices de seleção no ciclo C4 da população UNB-2U de milho pipoca. Ao final do trabalho, estes autores puderam concluir que o melhor índice empregado para a seleção de progênies desta população foi o de Mulamba e Mock (1978). Apesar do ganho estimado para rendimento de grãos pelas outras metodologias terem sido maiores, os ganhos em capacidade de expansão foram menores. Assim, o índice escolhido possibilitou a estimativa de ganhos simultâneos em rendimento, peso de 100 grãos e capacidade de expansão melhores do que os demais índices.

3.6.1 Índice de SMITH (1936) e HAZEL (1943)

A proposta do uso de índice como critério para seleção em programas de melhoramento genético foi elaborada por Smith em 1936. Em 1943, Hazel adaptou

estes índices para programas de melhoramento animal, tornando-o conhecido como índice clássico de Smith (1936) e Hazel (1943) e por ter sido um dos primeiros a ser utilizado foi propalado como Índice Clássico. Para obter este índice é necessário determinar o valor econômico de cada caráter e obter as estimativas das variâncias e covariâncias genótípicas e fenotípicas entre cada par de caracteres (SANTOS et al., 2007).

Cruz (2006) explica que os coeficientes de ponderação são estimados de modo a maximizar a sua correlação com um agregado genotípico que é estabelecido por outra combinação linear envolvendo os valores genéticos dos caracteres, ponderados pelos respectivos pesos (ou valores) econômicos, considerando então:

$$H = a_1g_1 + a_2g_2 + \dots + a_n g_n = \sum_{i=1}^n a_i g_i = g'a$$

e

$$I = b_1y_1 + b_2y_2 + \dots + b_n y_n = \sum_{i=1}^n b_i y_i = y'b$$

Em que:

H: agregado genotípico ou combinação linear dos valores genotípicos desconhecidos;

I: índice de seleção a ser estimado;

n: número de caracteres no índice;

g': matriz (1 x n) de valores genéticos desconhecidos dos n caracteres considerados;

y': matriz (1 x n) de médias;

a: matriz (n x 1) de pesos (ou valores) econômicos previamente estabelecidos pelo melhorista;

Seja:

P: matriz (n x n) de variância e covariância fenotípicas;

G: matriz (n x n) de covariâncias genéticas, obtidas em nível de média de famílias.

Assim, o vetor b é estimado por meio de:

$$b = P^{-1}Ga$$

O ganho esperado no caráter i quando a seleção é praticada sobre o índice é expresso por:

$$\Delta g_{j(i)} = DS_{j(i)} h_j^2$$

Outra forma de obtenção do ganho é por meio da expressão:

$$\Delta g_{j(I)} = b' G_j \frac{i}{\sqrt{\hat{V}(I)}}$$

Onde:

G_j : j-ésima linha da matriz G;

i: intensidade de seleção;

$\hat{V}(I)$: variância do índice;

b: vetor de coeficientes de ponderação dos caracteres no índice de seleção.

3.6.2 Índice de MULAMBA e MOCK (1978)

O índice de Mulamba e Mock (1978) é um índice baseado na soma de ranks, ou seja, consiste em classificar ou ordenar os genótipos estudados em relação aos caracteres em uma ordem favorável ao interesse do melhorista por meio da atribuição de valores absolutos elevados aos genótipos de melhor desempenho. Após obter essa classificação são somadas as ordens de cada genótipo referente a cada caráter, resultando em uma medida adicional, tomada como índice de seleção. Esse método pode ser utilizado adotando-se um critério ou “pesos” econômicos diferentes atribuídos arbitrariamente para constituição do índice (CRUZ et al., 2004).

Após classificados os genótipos, as ordens destes são somadas e resultam numa média adicional tomada então como índice de seleção descrito como:

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

Onde:

I: valor do índice para determinado genótipo;

r_j : classificação (*rank*) de um genótipo em relação o j-ésimo caráter;

n: número de caracteres considerados no índice.

Este índice permite que a ordem de classificação tenha pesos diferentes de acordo com o desejado pelo melhorista, então se tem:

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

Sendo que p_j representa o peso econômico atribuído pelo melhorista para o j-ésimo caráter.

3.6.3 Índice de WILLIAMS (1962)

A proposta deste índice ficou conhecida como Índice-Base de Williams, pois teve como principal objetivo evitar interferências de possíveis imprecisões de matrizes de

variância e covariância fenotípica e genotípica no momento de estimar os coeficientes que irão constituir os índices com uma base fundamentada e maior precisão. Portanto, este método tem como fundamento a combinação linear de valores médios dos caracteres fenotípicos, os quais são ponderados de acordo com seus pesos econômicos (FREITAS JÚNIOR et al., 2009).

De acordo com Cruz e Carneiro (2006) este índice apresenta boa aceitação pelos melhoristas por dispensar as estimativas de variâncias e covariâncias genotípicas e fenotípicas e ter revelado resultados satisfatórios quando utilizado como critério de seleção em vários trabalhos científicos.

Este índice dispensa o uso de matrizes de variâncias e covariâncias, com o intuito de evitar estimações imprecisas desses componentes, sendo expresso por:

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

Onde:

I: índice de seleção;

a_i : peso econômico atribuído ao caráter i , sendo $i = 1, \dots, n$; a' é o vetor dos pesos econômicos;

x_i : média do caráter i , sendo $i = 1, \dots, n$;

X : vetor das médias dos n caracteres que constituem o índice.

3.6.4 Índice de PESEK e BAKER (1969)

O método de índice proposto por Pesek e Baker (1969) é conhecido como “índice baseado em ganhos desejados” isso porque se considera o ganho de cada caráter individualmente, substituindo os pesos econômicos relativos no cálculo de seleção. Para isso é necessário obter a média dos genótipos e das matrizes de variância e covariância genotípicas e fenotípicas, sendo então possível calcular os coeficientes dos índices, sem necessariamente designar pesos aos caracteres. Desta maneira, o índice que será obtido demonstrará o ganho máximo de cada caráter na seleção, de acordo com a importância sugerida pelo melhorista (FREITAS JÚNIOR et al., 2009). Essa proposta de se basear em ganhos desejados, aumenta a exatidão da análise, reduzindo a chance de atribuir pesos erroneamente aos caracteres, definindo-se:

$$b = G^{-1} \Delta g d$$

Em que:

$\Delta g d$: vetor de ganhos desejados;

G^{-1} : inversa da matriz de variâncias e covariâncias genéticas.

3.6.5 Índice baseado na distância genótipo-ideótipo de SCHWARZBACH (1972)

O índice de distância genótipo-ideótipo é não paramétrico e se baseia na distância entre cada genótipo e um ideótipo, ou seja, determina um valor específico para cada caráter montando assim uma espécie de genótipo ideal, ou ideótipo o qual pode ou não existir dentro da população, e obtém a diferença entre a média de cada caráter e o valor atribuído ao ideótipo. Em seguida se calcula a distância entre o genótipo e o ideótipo, e então, o valor obtido desta distância será o próprio índice (LESSA et al., 2010).

De acordo com Schwarzbach (1972), considera-se nesse índice que X_{ij} é o valor fenotípico médio do i -ésimo genótipo em relação ao j -ésimo caráter, Y_{ij} , representa o valor fenotípico médio padronizado e C_j é uma constante relativa à depreciação da média do genótipo, por não estar dentro dos padrões desejados pelo melhorista. Se estima a distância Euclidiana entre o genótipo e esse ideótipo através do estimador:

$$d_{jI} = \sqrt{\sum_{i=1}^n (X_{ij} - X_{Ii})^2}$$

Em que:

d_{ji} : distância euclidiana entre o genótipo j e o ideótipo I ;

X_{ij} : medida do caráter i no genótipo j ;

X_{Ii} : valor definido para o ideótipo I , referente ao caráter i ;

n : número de caracteres no índice.

3.7 Utilização de parâmetros genéticos como pesos econômicos na composição de índices de seleção

Em todas as etapas de um programa de melhoramento genético são realizadas estimativas de parâmetros genéticos, com base em componentes de variância, a fim de conhecer a estrutura genética da população de trabalho e com isso auxiliar a seleção dos genótipos promissores. Do ponto de vista genético, os componentes de variância são considerados estudos de caráter quantitativo que se baseiam na sua variação total. Já do ponto de vista estatístico, são variâncias associadas aos efeitos aleatórios de um modelo estatístico (FALCONER, 1964).

Os parâmetros genéticos estimados, em geral, são: coeficiente de variação genética (CVg%), índice de variação (CVg/CVe), herdabilidade no sentido amplo (h^2) e no

sentido restrito (h_r^2), ganhos genéticos absolutos (GS) e relativos (GS%), correlações genéticas ($r_r\%$) e genética aditiva ($r_f\%$) (HALLAUER et al., 2010). De acordo com Fehr (1993) quando se determina e conhece as estimativas de herdabilidade dos caracteres em avaliação é possível definir estratégias de seleção mais eficientes.

O ganho genético depende muito da herdabilidade do caráter a ser selecionado, da intensidade com que se irá praticar a seleção e principalmente da interferência das condições de ambiente, pois quanto maior o nível de expressão da variabilidade genética em relação à variabilidade ambiental, maiores serão os ganhos no caráter selecionado na geração seguinte (HALLAUER et al., 2010).

A herdabilidade pode ser considerada o elemento de maior importância numa análise genética e é definida por meio de três conceitos, os quais se baseiam na medida de semelhança existente entre pai e filho, porção genética no sentido amplo e porção genética no sentido restrito, refletindo, portanto a variação fenotípica que pode ser percebida na geração seguinte (HALLAUER et al., 2010). A herdabilidade normalmente é estimada por meio de uma análise de variância. É importante ressaltar que a herdabilidade não é uma propriedade de um caráter único e isolado, mas sim da população e das circunstâncias ambientais como um todo.

O ganho genético com o processo de seleção para a geração seguinte pode ser expresso em unidade ou porcentagem e a expressão é definida como $\Delta g = DS \cdot h^2$, onde o DS expressa a diferença entre a média da população selecionada e da população original e h^2 será o valor obtido de herdabilidade (CRUZ e CARNEIRO 2006).

Outra utilidade e vantagem que os parâmetros genéticos permitem é sua utilização destes como pesos atribuídos aos índices de seleção, pois garantem igualdade e permitem ao melhorista gerar informações de grande utilidade a respeito dos diferentes caracteres avaliados. Na análise de índices são necessários atribuição de pesos a cada caráter, sendo que estes pesos expressam a importância que este caráter possui, sendo possível atribuir valores a estes pesos de acordo com o interesse do melhorista ou levando em consideração parâmetros genéticos.

Com a atribuição de pesos é possível também diferenciar os índices, pois para estimar os pesos dado em cada caráter, alguns índices são preferíveis o uso da covariância genética, outros da covariância fenotípica, outros ainda consideram o valor mínimo aceitável para cada caráter, ou até mesmo os índices cujos pesos são obtidos em função da herdabilidade ou resposta desejada. Vários métodos de construção de índices de seleção podem ser utilizados para prever ganhos simultâneos em programas de

melhoramento genético, podendo variar de acordo com o tipo de seleção desejada (SANTIAGO, 2014).

De acordo com SANTOS e ARAÚJO (2001), os maiores problemas com o uso de alguns índices são devido ao estabelecimento da importância de cada caráter e à obtenção de estimativas seguras das variâncias e covariâncias fenotípicas e genotípicas. Os pesos atribuídos aos caracteres devem ser pensados e avaliados utilizando um critério estabelecido previamente pelo melhorista responsável.

Dacal Coan et al. (2012) compararam os índices Smith (1936) e Hazel (1943), Willians (1962), Mulamba e Mock (1978), Cunningham (1970), Tallis (1962), Pesek e Baker (1969) e Subandi et alii (1973) para seleção recorrente em milho pipoca. Para isto utilizaram três conjuntos de pesos, sendo que um destes conjuntos conta com o coeficiente de variação genético como peso para os dois caracteres em estudo, sendo eles capacidade de expansão e rendimento de grãos. Um dos índices que estimou maiores ganhos simultâneos foi Mulamba e Mock (1978) quando utilizado como peso o coeficiente de variação genético e peso igualitário 1 para todos os caracteres.

4. REFERÊNCIAS

AGRIANUAL-ANUÁRIO DA AGRICULTURA BRASILEIRA. São Paulo. Milho. **FNP Consultoria e Comercio**. p. 368, nov. 2013.

AMARAL JÚNIOR, A. T.; SANTOS, A.; GERHARDT, I. F. S.; KUROSAWA, R. N. F.; MOREIRA, N. F.; PEREIRA, M. G.; GRABINA, G. A.; SILVA, F. H. L. Proposal of a super trait for the optimum selection of popcorn progênies based on path analysis. **Genetic and Molecular Research**, v.15, n.4, 2016.

ASSOCIAÇÃO BRASILEIRA DE PRODUTORES DE MILHO – ABRAMILHO. Disponível em: < <http://www.abramilho.org.br/> > Acesso: 15 de fevereiro de 2017.

BORÉM, A.; MIRANDA, G. V.; **Melhoramento de Plantas**, 6. ed., p. 523, 2013.

CABRAL, P. D. S.; AMARAL JÚNIOR, A. T. do; FREITAS, I. L. J.; RIBEIRO, R. M.; SILVA, T. R. C. Relação causa e efeito de caracteres quantitativos sobre a capacidade de expansão do grão em milho-pipoca. **Ciência Agrônômica**, v. 47, n. 1, p. 108-117, 2016.

CARPENTIERI-PÍPOLO, V.; TAKAHASHI, H. W.; ENDO, R. M.; PETEK, M. R.; SEIFERT, A. L. Correlações entre caracteres quantitativos em milho pipoca. **Horticultura Brasileira**, v. 20, n. 4, p. 551-554, dez. 2002.

CARVALHO, A. D. F.; SOUZA, J. C.; RIBEIRO, P. H. Desempenho de híbridos de linhagens parcialmente endogâmicas de milho em regiões dos Estados de Roraima e Minas Gerais. **Ciência e Agrotecnologia**, v.27, n.8, p.985-990, 2003.

CUNNINGHAM, E. P.; MOEN, R. A.; GJEDREM, T.; Restriction of selection indexes. **Biometrics**, v.26, p.67-74, 1970.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético. Vol 1**. Viçosa: UFV, p.480, 2004.

CRUZ, C. D. **Programa Genes - Biometria**; p. 382, 2006.

CRUZ, C. D.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético. Vol 2**. Viçosa: UFV, 2006.

DACAL COAN, M. M; SABADIN, F.; VIEIRA, R. A.; ROMANI, I.; ROCHA, R.; VIDAL, R. L.; MARCON, J. R. S.; MATERA, T. C. Comparação de índices de seleção na seleção recorrente: um exemplo no melhoramento de milho pipoca. XXIX Congresso Nacional de Milho e Sorgo, **Anais 3048-3054**, Águas de Lindóia, ago. 2012.

DAROS, M.; AMARAL JÚNIOR, A. T. do; PEREIRA, M. G.; SANTOS, F. S.; SCAPIM, C. A.; FREITAS JÚNIOR, S. P.; DAHER, R. F.; ÁVILA, M. R. Correlações

entre caracteres agronômicos em dois ciclos de seleção recorrente em milho-pipoca; **Ciência Rural**, v. 34, n. 5, p.1389-1394, out. 2004.

DEOBLEY, J. Molecular evidence for gene flow among *Zea* species; **Bioscience**, v. 40, n. 6, p.443-448, jun. 1990.

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, p.715-718, 1991.

FALCONER, D. S. **Introduction to quantitative genetics**. New York: Ronald Press, p.365, 1964.

FARIA, L. A.; PELUZIO, J. M.; AFFÉRI, F. S.; CARVALHO, E. V. de; DOTTO, M. A.; FARIA, E. A. Análise de trilha para crescimento e rendimento de genótipos de milho sob diferentes doses nitrogenadas. **Bio Energy and Food Science**, p. 1-11, mar. 2015.

FEHR, W. R. **Principles of cultivar development**. New York: Macmillan Publishing Company, p.536, 1993.

FREITAS JÚNIOR, S. P.; AMARAL JÚNIOR, A. T.; RANGEL, R. M.; VIANA, A. P. Predição de ganhos genéticos na população de milho pipoca UNB- 2U sob seleção recorrente utilizando-se diferentes índices de seleção. **Ciências Agrárias**, v. 30, n. 4, p.803-814, dez. 2009.

GONÇALVES, M. C.; FRITSCHÉ-NETO, R. **Tópicos especiais de biometria no melhoramento de plantas**, p.22-229, 2012.

HALLAUER, A. R.; CARENA, M. J.; MIRANDA FILHO, J. B. **Quantitative genetics in maize breeding**, p.33-69, 2010.

HAZEL, L. N. The genetic basis for constructing selection indexes. **Genetics, Austin**, v.28, p.476-490, 1943.

INSTITUTO BRASILEIRO DE GEOGRAFIA E ESTATÍSTICA IBGE; Disponível em: <http://www.ibge.gov.br/home/default.php>. Acesso em 22 de Novembro de 2016.

KUREK, A. J.; CARVALHO, F.; ASSMANN, I.; MARCHIORI, V.; CRUZ, P. Análise de trilha como critério de seleção indireta para rendimento de grãos em feijão. **Revista Brasileira de Agrociência**, v. 7, n. 1, p.29-32, abr. 2001.

LESSA, L. S.; LEDO, C. A. S.; SANTOS, V. S.; OLIVEIRA e SILVA, S. de; PEIXOTO, C. P. Seleção de híbridos diplóides (AA) de bananeira com base em três índices não paramétricos. **Bragantia**, v. 69, n. 3, p.525-534, 2010.

MINISTÉRIO DA AGRICULTURA, PECUÁRIA E ABASTECIMENTO – MAPA. Disponível em : < <http://www.agricultura.gov.br/> >. Acesso em : 23 de Abril de 2017.

MIRANDA, G. V.; SOUZA, L. V. de; GALVÃO, C.; SANTOS, I. C. dos Genetic variability and heterotic groups of Brazilian popcorn populations. **Euphytica**, n. 162; p.431-440, 2008.

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 Journal of Genetics and Cytology**, v.7, p.40-51, 1978.

NASS, L. L.; VALOIS, A. C. C.; MELO, I. S. de; VALADARES-INGLIS, M. C. **Recursos genéticos e melhoramento**. Rondonópolis: Fundação MT, 1183 p. 2001.

PAES, M. C. D. **Aspectos físicos, químicos e tecnológicos do grão de milho**. Circular técnica 75. Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento, Sete Lagoas, MG; pg. 1-7, dez. 2006.

PATERNIANI, E.; NASS, L.L.; SANTOS, M.X. O valor dos recursos genéticos de milho para o Brasil: uma abordagem história da utilização do germoplasma. In: UDRY, C.W.; DUARTE, W. (Org.) Uma história brasileira do milho: o valor dos recursos genéticos. Brasília: Paralelo 15, p.11-41, 2000.

PEDROZO, C. A.; BENITES, F. R. G.; BARBOSA, M. H. P.; RESENDE, M. D. V. de; SILVA, F. L. da. Eficiência de índices de seleção utilizando a metodologia REML/BLUP no melhoramento da cana-de-açúcar. **Scientia Agraria**, v.10, n.1, p.31-36, 2009.

PELEGRINI, G.; OLIVEIRA, G. H. F.; MORO, G. V.; SAMECIMA-JUNIOR, E. H. Relação de causa e efeito de caracteres do grãos sobre a capacidade de expansão em milho pipoca. **Ciência e Tecnologia**, v. 8, n. 1, p.1-5, fev. 2016.

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

PEREIRA FILHO, I. A.; CRUZ, J. C.; PACHECO, C. A. P.; COSTA, R. V. de; **Árvore do conhecimento: milho pipoca**. Agência Embrapa de Informação Tecnológica, Brasília, nov. 2016.

PESEK, J.; BAKER, R.J. Desired improvement in relation to selection indices. **Canadian Journal of Plant Sciences**, v.1, p.215-274, 1969.

PINTO, R.J.B., KVITSCHAL, M.V., SCAPIM, C.A., FRACARO, M., BIGNOTTO, L.S., Souza Neto, I.L. de. Análise dialéctica parcial de linhagens de milho-pipoca. **Revista Brasileira de Milho e Sorgo**, v.6, n.3, p. 325-337. 2007.

RANGEL, R. M.; AMARAL JÚNIOR, A. T.; FREITAS JÚNIOR, S. P. Associação entre características agronômicas e capacidade de expansão em população de milho pipoca sob seleção recorrente. **Revista Ciência e Agrotecnologia**, v. 35, n. 2, p. 225-233, 2011.

SANTIAGO, S. Predição de ganho genético utilizando índices de seleção em linhagens de milho. 31 p. Dissertação (Mestrado em Produção Vegetal) - Universidade Estadual Paulista Júlio de Mesquita Filho, Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, 2014.

SANTOS, C. A. F.; ARAÚJO, F. P. de. Aplicação de índices para seleção de caracteres agronômicos de feijão-de-corda. **Ciência Agrônômica**, v. 32, n. 1/2, p.78-84, fev. 2001.

SANTOS, F. S.; JÚNIOR, A. T. A.; JÚNIOR, S. P. F.; RANGEL, R. M.; PEREIRA, M. G. Predição de ganhos genéticos por índices de seleção na população de milho-pipoca Unb-2U sob seleção recorrente. **Bragantia**, v.66; n.3; p.389-396; a.2007.

SAWAZAKI, E. **A cultura do milho pipoca no Brasil**. 2001. Disponível em: <http://www.iac.sp.gov.br/publicacoes/agronomico/pdf/11_pipoca.pdf>. Acesso em: 20 nov. 2016.

SCHWARZBACH, E. Einige Anwendungsmöglichkeiten elektronischer Datenverarbeitung (EDV) für die Beurteilung von Zuchtmaterial. **Arb. Tag. Österr. Pflanzengumpenstein**, p.277-287, 1972.

SILVA, V. Q. R. Melhoramento de milho pipoca: capacidade combinatória de linhagens, parametrização heterótica e herança de características agronômicas. 198p. Dissertação (Mestrado em Produção Vegetal) Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, 2009.

SMITH, H. F.; A discriminant function for plant selection. **Annals of Eugenics**, v.7, p.240-250, 1936.

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**, v.13, p. 184-186, 1973.

TALLIS, G. M. A selection index for optimum genotype. **Biometrics**, v.18, p.120-122, 1962.

VASCONCELOS, E. S.; FERREIRA, R. P.; CRUZ, C. D.; MOREIRA, A.; RASSINI, J. B.; FREITAS, A. R. Estimativas de ganho genético por diferentes critérios de seleção em genótipos de alfafa. **Revista Ceres**, v. 57, n. 2, p. 205-210, abr. 2010.

VENCOVSKY, R., BARRIGA, P. **Genética Biométrica aplicada ao Fitomelhoramento**. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, p. 335-486; 1992.

WILLIAMS, J.S. The evaluation of a selection index. **Biometrics**, v.18, p.375-393, 1962.

WRIGHT,S. Systems of mating I. The Biometric relations between parent and offspring. **Genetics**, Bureau of Animal Industry, United States Department of Agriculture, v. 6, n. 111, 1921.

CAPÍTULO I

RELAÇÃO DE CAUSA E EFEITO ENTRE VOLUME DE PIPOCA EXPANDIDA, CAPACIDADE DE EXPANSÃO E PRODUTIVIDADE EM PROGÊNIES DE MILHO PIPOCA

Resumo

O estudo de correlação em milho pipoca tem grande importância, pois os principais caracteres da cultura, capacidade de expansão e produtividade, geralmente apresentam correlação negativa. Com a análise de trilha é possível desdobrar a correlação em efeitos diretos e indiretos, o que possibilita realizar uma seleção mais precisa com possibilidade de ganhos nos dois caracteres simultaneamente. Este trabalho foi realizado com o objetivo de estudar a correlação existente entre capacidade de expansão, produtividade e volume de pipoca expandida por hectare e, por meio da análise de trilha, avaliar as relações de causa e efeito entre esses caracteres, visando à obtenção de ganhos simultâneos com a seleção de progênies de milho pipoca. Foram avaliadas 23 progênies S_2 em três blocos casualizados, em Dourados-MS, sendo mensurados a altura de plantas (AP), altura de espigas (AE), número de plantas acamadas e quebradas (AQ), produtividade (PROD), número de espigas por parcela (NE), massa de 1000 grãos (M1000), capacidade de expansão (CE) e volume de pipoca expandida (VP). A correlação fenotípica entre PROD e VP foi alta e positiva (0,91). Assim como, as correlações genotípicas entre PROD e VP (0,91) e CE com VP (0,42) que também foram positivas. Considerando a CE como caráter principal na análise de trilha verificou-se efeito direto negativo de PROD (-1,84), de forma que a baixa correlação fenotípica entre PROD e CE (-0,02) foi amenizada pelo efeito indireto, positivo e alto, de VP sobre CE (2,00). O mesmo ocorreu quando PROD foi considerada caráter principal, pois o efeito direto de CE sobre este foi negativo (-0,31). Já os caracteres CE e PROD proporcionaram efeito direto positivo em VP, respectivamente 0,37 e 0,92. Assim, o VP poderá ser utilizado como caráter auxiliar para minimizar os efeitos negativos da correlação entre CE e PROD e possibilitar ganhos simultâneos nos dois caracteres com a seleção.

Palavras-chave: *Zea mays L. var. everta*; correlação, análise de trilha.

ABSTRACT

RELATION OF CAUSE AND EFFECT BETWEEN EXPANDED POPCORN VOLUME, POPPING EXPANSION AND GRAIN YIELD IN PROGENIES OF POPCORN

The correlation study in popcorn has great importance, since the main traits of the crop, which are popping expansion and grain yield, have negative correlation. With the study of path analysis it is possible to unfold these correlations in direct and indirect effects, which makes it possible to perform a more precise selection with possibility of gains in more than one trait. Therefore the purpose of this work was to study the correlation between the traits of popping expansion, grain yield and expanded popcorn volume per hectare, and through the path analysis to evaluate the cause and effect relationships between these traits in order to obtain simultaneous gains with the selection of popcorn progenies. 23 progenies (S_2) were evaluated in three randomized blocks in Dourados-MS, being measured plant height (PH), corn cob height (CC), bedded and broken plants (BB), grain yield (GY), number of corn cob per plot (NC), mass of 1000 grains (M1000), popping expansion (PE) and expanded popcorn volume per hectare (PV). The phenotypic correlation between PE and PV (0,911) was high and positive. As well the genotypic correlations between GY and PV (0.91) and PE with PV (0.42) were positive too. Considering PE as the main character on the path analysis there was a negative direct effect of GY (-1.84), so that the low phenotypic correlation between GY and PE (-0.02) was reduced by the indirect positive and high effect of PV on PE (2.00). The same occurs when GY is the main variable, since the direct effect of PE on it is negative (-0,31). The characters PE and GY provided a positive direct on PV respectively 0.37 and 0.92. Thus, the PV can be used as an auxiliary character to minimize the negative effects of the correlation between PE and GY and to allow simultaneous gains in the two characters with the selection.

Key words: *Zea mays L. var. everta*; correlation, path analysis.

Introdução

Em programas de melhoramento genético vegetal é fundamental estimar a magnitude da associação entre os caracteres de importância da cultura, a fim de verificar a possibilidade de se obter ganhos em dois caracteres simultaneamente, possibilitando dessa forma que um caráter de baixa herdabilidade ou de difícil mensuração seja beneficiado por meio da seleção indireta.

A principal causa das correlações genéticas é a pleiotropia, sendo que quando os caracteres possuem uma correlação genética favorável, a probabilidade de se obter ganhos com a seleção indireta é maior. As correlações genéticas também podem ocorrer devido às ligações gênicas transitórias, que ocorrem principalmente em cruzamentos entre linhagens divergentes (CRUZ et al., 2004).

Na cultura do milho pipoca os dois principais caracteres de interesse são a produtividade e a capacidade de expansão, sendo que, o alcance de alta produtividade é o principal alvo de interesse do produtor e a boa capacidade de expansão é fundamental para o consumidor do produto final. (SAWAZAKI, 2001). Entretanto, a correlação entre esses caracteres geralmente possuem magnitude negativa, pois, na medida em que a seleção contribui para elevar a expressão de uma, reduz a expressão da outra. Carpentieri-Pípolo et al. (2002) observaram correlação fenotípica e genotípica negativas para os caracteres capacidade de expansão e massa de grãos. Vilarinho et al. (2002) estudou a correlação entre os ciclos S_1 e S_2 de milho pipoca e obteve valores negativos de correlação genotípica entre capacidade de expansão e rendimento de grãos.

Apesar do estudo da correlação entre caracteres ser importante, é fundamental que se concentrem maiores estudos sobre os efeitos de um caráter sobre outro, a fim de explicar ao que se deve o coeficiente de correlação obtido. O desdobramento das correlações é obtido por meio da análise de trilha a qual estuda os efeitos diretos e indiretos dos caracteres sobre uma variável principal, sendo que as estimativas destes efeitos são obtidas por equações de regressão, onde as variáveis são previamente padronizadas (CRUZ et al., 2004). A regressão é feita para cada variável principal no modelo como uma dependente de outra indicando então as causas. Assim, os coeficientes de regressão preditos pelo modelo são comparados com a matriz de correlação observada (GARSON, 2002). De acordo com Wright (1921), o coeficiente de trilha é um método que analisa um sistema de múltiplas variáveis, que estão

relacionadas de modo linear e inclui assim todos os fatores básicos responsáveis pelas causas e suas variáveis resultantes são os efeitos.

Devido à dificuldade de seleção de genótipos de milho pipoca com elevada produtividade e capacidade de expansão simultaneamente, espera-se que o estudo de novas associações e consequentes relações de causa e efeito entre caracteres de importância auxiliem os trabalhos de melhoramento desta cultura. Caracteres que reúnam em um mesmo caráter efeitos de produção e de qualidade poderão auxiliar a suavizar ou mesmo quebrar a correlação negativa entre produtividade e capacidade de expansão. O caráter volume de pipoca expandida por hectare proposto por Amaral Júnior et al. (2016) consiste na multiplicação entre a produtividade obtida em kg ha^{-1} e a capacidade de expansão expressa em ml g^{-1} . Os autores observaram relação de causa e efeito do volume de pipoca expandida tanto em produtividade quanto em capacidade de expansão, o que segundo os autores pode favorecer a obtenção de ganhos simultâneos em características de interesse econômico e comercial da cultura.

Diante do exposto, este trabalho foi realizado com o objetivo de estudar a correlação entre caracteres agrônômicos, de produtividade e de qualidade da pipoca, e avaliar as relações de causa e efeito entre esses caracteres por meio da análise de trilha visando à obtenção de ganhos simultâneos em produtividade e capacidade de expansão com a seleção de progênies de milho pipoca.

Materiais e Métodos

O experimento foi conduzido no período correspondente à safra 2014/2015, na Fazenda Experimental de Ciências Agrárias (FAECA) da Universidade Federal da Grande Dourados (UFGD), Dourados-MS. A FAECA está localizada a $22^{\circ} 13' 59.7''$ S de latitude, $54^{\circ} 59' 14.7''$ W de longitude e 452 metros de altitude. O clima da região de Dourados, segundo a classificação de Köppen é do tipo Cwa, com verões quentes e invernos secos, temperaturas máximas durante os meses de dezembro e janeiro e as temperaturas mínimas entre maio e agosto (FIETZ e FISCH, 2008).

Antes do plantio, as sementes foram tratadas com dois inseticidas, Fipronil 800 e Semevin, juntamente com o fungicida Tiofanato Metílico, utilizados 20 ml por quilo de semente. O solo foi preparado de forma convencional com uma gradagem. Em 24 de setembro de 2014 foram semeadas 23 progênies S_2 (2ª geração de autofecundação) de milho pipoca, provenientes do banco de germoplasma do Grupo de Melhoramento e Biotecnologia Vegetal da UFGD, em delineamento de blocos ao acaso, com três

repetições. As parcelas foram constituídas de duas linhas de três metros de comprimento, espaçadas entre si de 0,90 m e entre plantas 0,20 m. Para a adubação de plantio foram utilizados 300 kg ha⁻¹ de N-P-K do formulado 8-20-20. Aos 30 dias após a semeadura, para a obtenção do estande final de 30 plantas, foi realizado um desbaste, deixando apenas uma planta por cova, para obtenção de 5 plantas por metro.

Aos 60 dias após a semeadura, antes da liberação do estilo-estigma (parte feminina da planta), iniciaram-se os trabalhos de proteção, cobrindo com saco plástico a espiguetta localizada mais próxima ao pendão. No momento em que os pendões (parte masculina da planta) apresentavam um terço das anteras abertas e emitindo pólen, eram cobertos com saco de papel kraft. Quando necessário foram feitos cortes na extremidade superior da espiga com o auxílio de um canivete, a fim de estimular a exposição do estilo-estigma facilitando então a autopolinização.

No dia seguinte da cobertura dos pendões realizava-se a autofecundação propriamente dita. Para tanto, agitava-se o saco de papel kraft para estimular a liberação do pólen dentro do mesmo. Então, o saco plástico que protege a espiga era removido e na espiga da mesma planta, depositado o pólen recolhido no papel kraft. O mesmo papel kraft era então grampeado a fim de cobrir a espiga e continuar protegendo de pólen exógeno até o momento da colheita. As espigas colhidas dessas autofecundações constituíram a terceira geração de autofecundação das progênies (S₃).

Os caracteres morfoagronômicos mensurados em campo foram altura de plantas (AP), altura de inserção da primeira espiga (AE), número de plantas acamadas e quebradas (AQ) e o número total de espigas de cada parcela (NE). A altura de plantas e da inserção da primeira espiga foram obtidas em centímetros, com auxílio de uma régua milimétrica, mensuradas em dez plantas aleatórias tomadas ao acaso dentro da parcela, considerando, respectivamente, a distância do solo até a inserção da folha-bandeira e a distância do solo até o ponto de inserção da espiga superior, respectivamente. O número de plantas quebradas e acamadas de cada parcela foi obtido no estágio de pré-colheita por meio de observação dos colmos. Colmo quebrado abaixo da inserção da espiga foi contabilizado como quebrado e colmo formando um ângulo maior que 20 graus com a vertical foi contabilizado como acamado. Para número de espigas por parcela foram contabilizadas todas as espigas de todas as plantas dentro da parcela.

Posteriormente foram realizadas no laboratório de Melhoramento Vegetal da Faculdade de Ciências Biológicas e Ambientais da UFGD os caracteres pós-colheita: produtividade de grãos, em kg ha⁻¹ (PROD); massa de 1000 grãos de cada parcela, em

gramas (M1000); capacidade de expansão, em ml g⁻¹ (CE) das progênies e volume de pipoca por hectare, em m³ ha⁻¹ (VP), obtido pelo produto da multiplicação dos valores de produtividade e capacidade de expansão. Para análise estatística a produtividade foi corrigida para umidade uniforme de 13,0%, utilizando-se a metodologia da covariância média proposta por Vencovsky e Barriga (1992) por meio da expressão:

$$PROD = \frac{P(1 - U)}{(1 - 0,13)}$$

Onde,

PROD = produtividade corrigida para a umidade ideal de 13%;

P = produtividade observada;

U = umidade observada.

Para a capacidade de expansão foram realizadas duas repetições para cada parcela, em que foram pesadas amostras de 30 gramas de grãos de milho pipoca colhidos de cada progênie, os quais foram colocados em saco kraft especial. Com o auxílio de um forno microondas com potência de 1.000 watts os grãos foram estourados por aproximadamente 2 minutos, em seguida, o volume de pipoca produzido foi mensurado em proveta de 1000 ml. A capacidade de expansão foi expressa pela razão entre o volume de pipoca produzido (ml) e a massa dos grãos (g).

Após verificação da normalidade dos erros por meio do teste de Lilliefors, os dados de todos os caracteres foram submetidos à análise de variância, de acordo com o seguinte modelo:

Tabela 1. Esquema de análise de variância dos caracteres X, Y e de sua soma X+Y, para experimentos em blocos casualizados (CRUZ et al., 2004).

FV	GL	Quadrado médio (QM)		
		X	Y	X+Y
Blocos	r-1			
Tratamentos	g-1	QMT _x	QMT _y	QMT _{x+y}
Resíduo	(r-1)(g-1)	QMR _x	QMR _y	QMR _{x+y}

Para obter os produtos médios associados aos tratamentos e resíduo, as expressões utilizadas são:

$$PMT_{xy} = (QMT_{x+y} - QMT_x - QMT_y) / 2$$

e

$$PMR_{xy} = (QMR_{x+y} - QMR_x - QMR_y) / 2$$

Em seguida, foram estimados os coeficientes de correlação fenotípico, genotípico e ambiental entre todos os caracteres avaliados por meio das expressões:

a) Coeficiente de correlação fenotípica:

$$r_f = \frac{PMT_{xy}}{\sqrt{QMT_x \cdot QMT_y}}$$

b) Coeficiente de correlação ambiental:

$$r_e = \frac{PMR_{xy}}{\sqrt{QMR_x \cdot QMR_y}}$$

c) Coeficiente de correlação genotípico:

$$r_g = \frac{\sigma_{gxy}}{\sqrt{\sigma^2_{gx} \cdot \sigma^2_{gy}}}$$

Onde,

$$\sigma_{gxy} = PMT_{xy} - PMR_{xy} / r ;$$

$$\sigma^2_{gx} = QMT_x - QMR_x / r ;$$

$$\sigma^2_{gy} = QMT_y - QMR_y / r .$$

A significância das correlações foram estimadas pelo teste t de student por meio do modelo matemático:

$$t_c: \frac{r\sqrt{n-2}}{\sqrt{1-r^2}}$$

Onde:

r : correlação obtida;

n : total de tratamentos.

Posteriormente, os coeficientes de correlação entre os caracteres avaliados foram desdobrados em efeitos diretos e indiretos. Para isso foram realizadas três análises de trilha com uma cadeia, com diferentes caracteres como variáveis principais, sendo estes CE, PROD e VP, utilizando para isso as correlações fenotípicas de acordo com a metodologia elaborada por Cruz e Carneiro (2006). Anteriormente, foi realizado o diagnóstico de multicolinearidade segundo Montgomery & Peck (1981). Todas as análises estatísticas foram realizadas com o auxílio do software GENES (CRUZ, 2013).

Resultados e Discussão

De acordo com a análise de variância foi possível observar que para todos os caracteres avaliados houve diferença estatística significativa entre as progênies, sendo possível afirmar que existe variabilidade fenotípica (Tabela 2).

Os coeficientes de variação (CV) obtidos para os caracteres AP e AE foram 6,37% e 10,49% (Tabela 2), respectivamente, ou seja, são considerados baixos (PIMENTEL-GOMES e GARCIA, 2002), indicando elevada precisão experimental. Para o caráter CE, o CV obtido foi de 15,37%, e de acordo com Pimentel-Gomes e Garcia (2002) é considerado um valor mediano. Porém, é comum encontrar na literatura CVs dessa magnitude para CE em experimentos com milho pipoca. Miranda et al. (2008) observaram CV de 12% em híbridos desta cultura e Vilarinho et al. (2002) observaram CV de 16,38% e 14,91% em linhagens S₂ e S₃ de milho pipoca.

Tabela 2. Quadrado médio estimado pela análise de variância para 23 progênies S₂ de milho pipoca em Dourados (MS) na safra 2014/2015.

Fonte de variação	GL	¹ AP	AE	AQ	PROD
Blocos	2	3,89	110,37	12,88	393586,45
Progênies	22	347,47*	260,82**	31,32**	480654,58**
Resíduo	44	103,48	78,95	9,26	117114,42
Média	-	159,56	84,66	8,81	819,86
CV %	-	6,37	10,49	34,53	41,74
Fonte de Variação	GL	NE	M1000	CE	VP
Blocos	2	22,62	2041,76	9,60	111490053,38
Progênies	22	21,75**	2572,19**	41,62**	195050674,54**
Resíduo	44	8,15	674,91	9,23	59490645,08
Média	-	8,81	132,65	19,76	16011,54
CV %	-	32,40	19,58	15,37	48,17

** e * significativo a 1% e 5% de probabilidade pelo teste F. ¹AP= altura de plantas, em cm, AE= altura de inserção da primeira espiga, em cm, AQ= número de plantas acamadas e quebradas, PROD= produtividade, em kg ha⁻¹, NE= número de espigas por parcela, M1000= massa de 1000 grãos, em g, CE= capacidade de expansão, em ml g⁻¹ e VP= volume de pipoca por hectare, em m³ ha⁻¹.

Para os demais caracteres, AQ, PROD, NE, M1000 e VP, os CVs encontrados são superiores a 20% (Tabela 2). Scapim et al. (2010) observaram CV de 31,23% para o caráter produtividade de grãos em híbridos de milho pipoca, e admitiram que este valor está associado a variabilidade existente entre as repetições da mesma parcela, mas sobretudo devido à este caráter ser quantitativo, sendo então mais sensível aos efeitos de

ambiente. Já Rangel et al. (2011), obtiveram CV de 19% para rendimento em progênies de irmãos-completos em quinto ciclo de seleção recorrente. No caso das 23 progênies avaliadas nesse trabalho acredita-se que os valores altos de CV estejam associadas a alta variabilidade entre as progênies, que ainda estão na segunda geração de autofecundação, e por essa razão apresentam alta segregação tanto dentro quanto entre as linhas.

Para a maioria das associações entre os caracteres foram observados coeficientes de correlação genotípicos maiores que os ambientais (Tabela 3). Isso indica que a maior parte da correlação se deve aos efeitos genéticos aumentando, assim, as chances de ganhos indiretos com a seleção nas próximas gerações para os caracteres correlacionados.

Tabela 3. Correlações fenotípicas (F), genotípicas (G) e ambientais (E) para 23 progênies S₂ de milho pipoca em Dourados (MS) na safra 2014/2015.

Correlação		AP	AE	AQ	PROD	NE	M1000	CE	VP
AP	F	1	0,743**	0,421*	0,312	0,051	0,520**	0,132	0,302
	G	1	0,746**	0,462*	0,315	0,052	0,719**	0,224	0,353
	E	1	0,735**	0,324	0,307	0,050	0,007	-0,130	0,186
AE	F		1	0,627**	0,270	0,012	0,468**	0,178	0,341
	G		1	0,730**	0,253	-0,033	0,600**	0,280	0,400
	E		1	0,387	0,317	0,101	0,133	-0,109	0,205
AQ	F			1	0,412*	0,306	0,426*	-0,174	0,353
	G			1	0,481	0,409	0,652**	-0,198	0,451*
	E			1	0,227	0,104	-0,158	-0,107	0,126
PROD	F				1	0,747**	0,702**	-0,027	0,911**
	G				1	0,810**	0,839**	0,013	0,913**
	E				1	0,629**	0,299	-0,159	0,914**
NE	F					1	0,244	-0,041	0,691**
	G					1	0,313	0,068	0,775**
	E					1	0,100	-0,309	0,532**
M1000	F						1	-0,297	0,514**
	G						1	-0,330	0,608**
	E						1	-0,193	0,281
CE	F							1	0,357
	G							1	0,429*
	E							1	0,157
VP	F								1
	G								1
	E								1

** e * significativos a 1% e 5% de probabilidade pelo teste t. AP= altura de plantas, em cm, AE= altura de inserção da primeira espiga, em cm, AQ= número de plantas acamadas e quebradas, PROD= produtividade, em kg ha⁻¹, NE= número de espigas por parcela, M1000= massa de 1000 grãos, em g, CE= capacidade de expansão, em ml g⁻¹ e VP= volume de pipoca por hectare, em m³ ha⁻¹.

Para o par de caracteres AP x AE, foi verificada correlações fenotípica, genotípica e ambiental significativas e acima de 0,73 (Tabela 3). Isso pode ser explicado devido à própria fisiologia da planta, pois quanto mais alta é a planta maior tende a ser a altura da inserção da espiga no colmo. Além disso, é também um caráter muito influenciado pelo

ambiente, pois a estrutura da planta não depende apenas do efeito genético herdado dos parentais, mas também do ambiente no qual as plantas estão inseridas e as condições deste durante seu desenvolvimento.

Os coeficientes de correlações fenotípicos e genotípicos para AP x M1000 (0,52 e 0,71, respectivamente) e AE x M1000 (0,46 e 0,60, respectivamente) foram significativos, o que demonstra que a seleção das progênies mais altas e com maior altura de inserção de espiga tendem a possuir grãos com maior massa (Tabela 3).

Tanto o caráter AP quanto AE, quando correlacionados com AQ tiveram valores significativos para os coeficientes de correlações fenotípicos (0,42 e 0,62, respectivamente) e genotípicos (0,46 e 0,73, respectivamente). Plantas de porte e inserção de espigas altas tendem a acamar e ou quebrar com maior facilidade. É possível observar ainda que os coeficientes obtidos para as correlações fenotípicas (0,74), genotípicas (0,81) e ambientais (0,62) entre os caracteres PROD x NE foram significativos e positivos o que indica que quanto maior o número de espigas de uma parcela maior será a produtividade.

As correlações fenotípica e genotípica entre o par PROD x M1000, 0,70 e 0,84 respectivamente, foram significativas. De forma que, quanto mais pesado o grão for, maior será a produtividade da parcela. Entretanto, para a correlação fenotípica entre PROD x CE, observa-se ausência de correlação linear, porém o valor obtido expressa uma tendência de correlação fenotípica negativa (-0,02). Rangel et al. (2011) realizaram trabalho de correlação entre caracteres com a população UNB-2U de milho pipoca sob seleção recorrente e também não observaram associação linear entre capacidade de expansão e produtividade de grãos, sendo a correlação fenotípica de -0,02 e genotípica de -0,06. Já Carpetieri-Pípolo et al. (2002) verificaram correlações genotípica e fenotípica negativas entre capacidade de expansão e os caracteres relacionados a produtividade.

Dofing et al. (1991) e Pereira e Amaral Júnior (2001), demonstraram que a CE possui em sua maior parte, efeitos genéticos aditivos, o que indica que esse caráter possui maiores chances de estar presente na próxima geração após a seleção. Já para a produtividade, a herança é de dominância, possivelmente devido a isso é que se verifica a correlação negativa entre esses dois caracteres. O efeito acumulativo da herança aditiva tende a ser ressaltado com o passar das gerações, portanto é possível que a correlação observada entre CE x PROD (-0,02) aumente sua magnitude em futuros ciclos de seleção.

Os coeficientes de correlações fenotípico (-0,29), genotípico (-0,33) e ambiental (-0,19) negativos entre M1000 x CE foram não significativos, indicando a ausência de relação linear entre esses caracteres. Cabral et al. (2016) observaram correlação negativa entre massa de 100 grãos e capacidade de expansão, sendo os coeficientes de correlação fenotípico, -0,53, genotípico, -0,58, e ambiental, -0,64.

Já os coeficientes de correlações obtidos entre PROD e M1000 com VP foram positivos, sendo que para PROD x VP as correlações fenotípicas, genotípicas e ambientais foram aproximadamente 0,911. Esses resultados indicam que o caráter VP pode favorecer os ganhos com a seleção indireta em diferentes caracteres de produção em milho pipoca, assim como pode proporcionar ganhos em CE, pois a correlação fenotípica obtida entre VP x CE foi positiva (0,429) e significativa a 5% de probabilidade.

Os coeficientes de correlação fenotípica foram desdobrados em efeitos diretos e indiretos por meio da análise de trilha. Considerando a análise de trilha com a capacidade de expansão como caráter principal (Tabela 4), o coeficiente de determinação (R^2) obtido, indica que 91% do caráter capacidade de expansão pode ser explicado pelos efeitos diretos e indiretos das demais características em análise. Cruz et al. (2004), recomenda o mínimo de 80% de ajuste para confiabilidade do modelo da trilha.

Tabela 4. Análise de trilha de uma cadeia considerando o caráter principal capacidade de expansão (CE) em 23 progênies S_2 de milho pipoca em Dourados (MS) na safra 2014/2015.

Efeito	Caráter						
	AP	AE	AQ	PROD	NE	M1000	VP
Direto em CE	0,262	-0,124	-0,132	-1,845	-0,120	-0,123	2,196
Indireto AP	-	0,194	0,110	0,081	0,013	0,136	0,076
Indireto AE	-0,092	-	-0,078	-0,033	-0,001	-0,058	-0,042
Indireto AQ	-0,055	-0,083	-	-0,054	-0,040	-0,056	-0,046
Indireto PROD	-0,576	-0,498	-0,762	-	-1,380	-1,296	-1,682
Indireto NE	-0,006	-0,001	-0,036	-0,090	-	-0,029	-0,083
Indireto M1000	-0,063	-0,057	-0,052	-0,086	-0,030	-	-0,063
Indireto VP	0,665	0,749	0,777	2,001	1,518	1,130	-
Correlação (r_f)	0,132	0,178	-0,174	-0,027	-0,041	-0,297	0,357

Coefficiente de Determinação (R^2): **0,91**

Efeito Residual: **0,29**

AP= altura de planta, em cm, AE= altura de inserção da primeira espiga, em cm, AQ= número de plantas acamadas e quebradas, PROD= produtividade em $kg\ ha^{-1}$, NE= número de espigas por parcela, M1000= massa de 1000 grãos, em g, CE= capacidade de expansão, em $ml\ g^{-1}$ e VP= volume de pipoca por hectare, em $m^3\ ha^{-1}$.

Foi possível observar que exceto para AP e VP, todos os outros caracteres exerceram um efeito direto negativo sobre a CE. O efeito direto da PROD sobre CE foi negativo (-1,845) e o mais expressivo dentre todos os efeitos diretos sobre CE (Tabela

4), evidenciando a correlação negativa existente entre esses dois caracteres, que não foi expressa na correlação fenotípica (-0,027) observada na Tabela 3. Isso ocorreu devido ao efeito indireto positivo e alto de VP via PROD sobre CE (2,001), evidenciando a importância desse caráter em estudos de correlação que poderão direcionar a seleção simultânea de PROD e CE em milho pipoca.

Essa constatação também pode ser evidenciada no efeito indireto de VP (1,130) via M1000 sobre CE. A correlação fenotípica (r_f) entre CE e M1000 foi baixa, porém negativa, e mesmo com o efeito positivo indireto de VP via M1000 sobre CE, os demais efeitos indiretos via M1000 não foram suficientes para reduzir a correlação negativa entre CE e M1000.

Cabral et al. (2016), realizaram análise de trilha em caracteres de importância em linhagens de milho pipoca e também observaram efeito direto de massa de 100 grãos negativo sobre a capacidade de expansão (-0,365). Já Amaral Junior et al. (2016) verificou efeito direto positivo (0,065) de massa de 100 grãos em CE.

Considerando a PROD como caráter principal (Tabela 5) foi observado um coeficiente de determinação de 98%, indicando que os caracteres utilizados na análise explicaram o efeito sobre a produtividade de grãos.

Tabela 5. Análise de trilha de uma cadeia considerando o caráter principal produtividade de grãos (PROD) em 23 progênies S_2 de milho pipoca em Dourados (MS) na safra 2014/2015.

Efeito	Caráter						
	AP	AE	AQ	NE	M1000	CE	VP
Direto em PROD	0,092	-0,110	-0,013	0,057	0,119	-0,319	0,938
Indireto AP	-	0,068	0,039	0,004	0,048	0,012	0,028
Indireto AE	-0,082	-	-0,069	-0,001	-0,051	-0,012	-0,037
Indireto AQ	-0,005	-0,008	-	-0,004	-0,005	0,002	-0,004
Indireto NE	0,002	0,0006	0,017	-	0,013	-0,002	0,039
Indireto M1000	0,062	0,055	0,050	0,029	-	0,035	0,061
Indireto CE	-0,042	-0,056	0,055	0,013	0,094	-	-0,113
Indireto VP	0,284	0,320	0,332	0,648	0,483	0,335	-
Correlação (r_f)	0,312	0,270	0,412	0,747	0,702	-0,027	0,911

Coeficiente de Determinação (R^2): **0,98**

Efeito Residual: **0,12**

AP= altura de plantas, em cm, AE= altura de inserção da primeira espiga, cm, AQ= número de plantas acamadas e quebradas, PROD= produtividade, em kg ha^{-1} , NE= número de espigas por parcela, M1000= massa de 1000 grãos, em g, CE= capacidade de expansão, em ml g^{-1} e VP= volume de pipoca por hectare, em $\text{m}^3 \text{ha}^{-1}$.

O caráter AP apresentou efeito direto positivo sobre a PROD, assim como NE, M1000 e VP. Já o efeito direto dos caracteres AE, AQ e CE sobre a PROD foram negativos. O coeficiente de correlação fenotípico entre CE e PROD foi negativo (-

0,027), porém não significativo, pois o efeito direto negativo de CE em PROD (-0,319) foi subestimado pelo efeito indireto via VP, que é positivo (0,335) e maior do que o efeito direto, reduzindo a magnitude dessa associação (Tabela 5). Resultados semelhantes foram obtidos por Amaral Junior et al. (2016) que também verificaram efeito direto negativo da CE em PROD (-0,334), em análise de trilha na população UENF-14 de milho pipoca. Nesse mesmo trabalho a correlação fenotípica positiva entre CE x PROD (0,208) foi obtida devido o efeito positivo indireto do volume de pipoca expandida via capacidade de expansão sobre produtividade.

Analisando o caráter M1000 em relação à PROD, observou-se coeficiente de correlação fenotípico positivo (0,702), porém o efeito direto do M1000 em PROD foi baixo (0,119). A maior parte da correlação fenotípica nesse caso foi devido ao efeito indireto de VP via M1000 (0,483). Assim como é possível observar que o efeito indireto do VP em todos os caracteres foi elevado, sendo que para AP, AE, AQ e NE, a maior parte da correlação fenotípica verificada é devido ao efeito indireto do caráter VP.

Na Tabela 6 está apresentada a análise considerando VP como caráter principal. O coeficiente de determinação indica que 98% do VP pode ser explicado pelos caracteres escolhidos para avaliação.

Tabela 6. Análise de trilha de uma cadeia considerando o caráter principal volume de pipoca por hectare (VP) em 23 progênies S₂ de milho pipoca em Dourados (MS) na safra 2014/2015.

Efeito	Caráter						
	AP	AE	AQ	PROD	NE	M1000	CE
Direto em VP	-0,107	0,103	0,024	0,924	0,020	-0,031	0,373
Indireto AP	-	-0,079	-0,045	-0,033	-0,005	-0,055	-0,014
Indireto AE	0,077	-	0,065	0,028	0,001	0,048	0,018
Indireto AQ	0,010	0,015	-	0,010	0,007	0,010	-0,004
Indireto PROD	0,288	0,249	0,381	-	0,691	0,649	-0,024
Indireto NE	0,001	0,0002	0,006	0,015	-	0,004	-0,0008
Indireto M1000	-0,016	-0,014	-0,013	-0,022	-0,007	-	0,009
Indireto CE	0,049	0,066	-0,065	-0,010	-0,015	-0,110	-
Correlação (r_r)	0,030	0,341	0,353	0,911	0,691	0,514	0,357

Coeficiente de Determinação (R²): **0,98**

Efeito Residual: **0,12**

AP= altura de plantas, cm, AE= altura de inserção da primeira espiga, em cm, AQ= número de plantas acamadas e quebradas, PROD= produtividade, em kg ha⁻¹, NE= número de espigas por parcela, M1000= massa de 1000 grãos, em g, CE= capacidade de expansão, em ml g⁻¹ e VP= volume de pipoca por hectare, em m³ ha⁻¹.

Os maiores efeitos diretos e positivos observados em VP foram proporcionados pelos caracteres PROD (0,924) e CE (0,373), justificado pela própria expressão de cálculo para obtenção do VP. Constatou-se ainda que os coeficientes de correlação fenotípicos entre VP e PROD (0,911) e VP e CE (0,357) foram quase que

exclusivamente devido aos efeitos diretos desses dois caracteres sobre VP. Assim, no caso da CE mesmo sendo uma correlação considerada baixa, a seleção por meio do caráter VP poderá propiciar ganhos tanto em CE quanto na PROD. Amaral Junior et al. (2016) em trabalho pioneiro com a característica VP como principal na análise de trilha também verificaram efeito direto positivo de capacidade de expansão (0,335) e produtividade (0,824).

Considerando o caráter M1000, apesar do efeito direto em VP ser praticamente nulo (-0,031), o coeficiente de correlação fenotípico entre M1000 e VP é positivo e relativamente alto (0,514) devido ao efeito indireto de PROD (0,649) via M1000, resultado este também verificado por Amaral Junior et al. (2016).

Os resultados observados nesse trabalho e no trabalho realizado por Amaral Junior et al. (2016) evidenciam a importância do estudo da relação de causa e efeito nas correlações entre os componentes de produção, produtividade e capacidade de expansão na cultura do milho pipoca a fim de conhecer os efeitos que contribuem para o coeficiente de correlação observado. A partir disso, surge a expectativa de que as seleções realizadas com base no caráter VP possam proporcionar ganhos simultâneos, mesmo que por via indireta, tanto na produtividade quanto na capacidade de expansão.

Conclusões

Não foi verificada correlação entre os caracteres produtividade e capacidade de expansão.

Foi verificada correlação genética positiva entre o caráter volume de pipoca expandida por hectare com capacidade de expansão e produtividade.

Por meio da análise de trilha foi verificado que a utilização do caráter volume de pipoca expandida por hectare como principal foi a melhor opção para possibilitar a obtenção de ganhos simultâneos em capacidade de expansão e produtividade com a seleção, uma vez que o efeito direto de ambos os caracteres sobre o volume de pipoca expandida por hectare foi positivo.

Referências

AMARAL JÚNIOR, A. T.; SANTOS, A.; GERHARDT, I. F. S.; KUROSAWA, R. N. F.; MOREIRA, N. F.; PEREIRA, M. G.; GRABINA, G. A.; SILVA, F. H. L.

Proposal of a super trait for the optimum selection of popcorn progênies based on path analysis. **Revista Genetic and Molecular Research**, v.15, n.4, 2016.

CABRAL, P. D. S.; AMARAL JÚNIOR, A. T.; FREITAS, I. L. J.; RIBEIRO, R. M.; SILVA, T. R. C. Relação causa e efeito de caracteres quantitativos sobre a capacidade de expansão do grão em milho-pipoca. **Revista Ciência Agronômica**, v. 47, n. 1, p. 108-117, 2016.

CARPENTIERI-PÍPOLO, V.; TAKAHASHI, H.W.; ENDO, R.M.; PETEK, M.R.; SEIFERT, A.L. Correlações entre caracteres quantitativos em milho pipoca. **Horticultura Brasileira**, v. 20, n. 4, p. 551-554, 2002.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Vol 1. Viçosa: UFV ; v.1, p.480, 2004.

CRUZ, C. D.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Vol 2. p. 506, Viçosa: UFV, 2006.

CRUZ, C. D.; GENES - A software package for analysis in experimental statistics and quantitative genetics. **Acta Scientiarum**, v.35, n.3, p.271-276, 2013.

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**, Madison, v.31, p.715-718, 1991.

FIETZ, R. C.; FISCH, G. F.; **O clima da região de Dourados, MS**. Documentos: Embrapa Agropecuária Oeste, ISSN 1679-043X, ed.2, p.32, 2008.

GARSON, G. D.; "Path analysis." from **Statnotes: Topics in Multivariate Analysis**. Retrieved; p.368, 2002.

MIRANDA, G. V.; SOUZA, L. V. de; GALVÃO, J. C. C.; GRUIMARÃES, L. J. M.; MELO, A. V. de; SANTOS, I. C. dos Genetic variability and heterotic groups of Brazilian popcorn populations. **Euphytica**, n. 162; p.431-440, 2008.

MONTGOMERY, D.C.; PECK, E.A. **Introduction to linear regression analysis**. New York: John Wiley, p.504, 1981.

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

PIMENTEL-GOMES, F.; GARCIA, C. H. **Estatística aplicada a experimentos agronômicos e florestais**. Piracicaba: FEALQ, p.309, 2002.

RANGEL, R. M.; AMARAL JÚNIOR, FREITAS JÚNIOR, S. P. Associação entre características agronômicas e capacidade de expansão em população de milho pipoca sob seleção recorrente; **Revista Ciência Agrotécnica**, v.35, n.2, p.225-233, 2011.

SAWAZAKI, E. **A cultura do milho pipoca no Brasil**. 2001. Disponível em: <http://www.iac.sp.gov.br/publicacoes/agronomico/pdf/11_pipoca.pdf>. Acesso em: 20 nov. 2016.

SCAPIM, C. A.; AMARAL JÚNIOR, A. J.; VIEIRA, R. A.; MOTERLE, L. M.; TEIXEIRA, L. R.; VIGANÓ, J.; SANDOVAL JÚNIOR, G. B. Novos compostos de milho-pipoca para o Brasil; **Semina: Ciências Agrárias**, v.31, n.2, p.321-330, 2010.

VENCOVSKY, R., BARRIGA, P. **Genética Biométrica aplicada ao Fitomelhoramento**. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, p.335-486, 1992.

VILARINHO, A. A.; VIANA, J. M. S.; CÂMARA, T. M. M.; SANTOS, J. F. dos. Seleção de progênies endogâmicas S1 e S2 em um programa de melhoramento intrapopulacional de milho pipoca. **Acta Scientiarum**, v.24, n.5, 2002.

WRIGHT, S. Systems of mating I. The Biometric relations between parent and offspring; **Genetics**, Bureau of Animal Industry, United States Department of Agriculture, v. 6, n. 111, 1921.

CAPITULO II

PREDIÇÃO DE GANHOS GENÉTICOS EM PRODUTIVIDADE, CAPACIDADE DE EXPANSÃO E VOLUME DE PIPOCA EXPANDIDA EM MILHO PIPOCA POR DIFERENTES ÍNDICES DE SELEÇÃO

Resumo

A correlação negativa existente entre produtividade e capacidade de expansão constitui-se em um dos entraves no melhoramento do milho pipoca, pois dificulta a obtenção de ganhos simultâneos nesses caracteres com a seleção. Uma alternativa para minimizar os efeitos dessa correlação seria utilizar na composição dos índices de seleção um caráter que de alguma forma incorpore componentes de produção e qualidade. Este trabalho foi realizado com o objetivo de prever os ganhos genéticos com a seleção de progênies de milho pipoca baseado em caracteres morfológicos, de produção, capacidade de expansão e volume de pipoca expandida utilizando diferentes metodologias de índices de seleção e pesos econômicos. Foram avaliadas 23 progênies S₂ de milho pipoca em três blocos casualizados em Dourados-MS, sendo mensurados os caracteres altura de plantas (AP), altura de espigas (AE), número de plantas acamadas e quebradas (AQ), produtividade (PROD), número de espigas por parcela (NE), massa de 1000 grãos (M1000), capacidade de expansão (CE) e volume de pipoca expandida por hectare (VP). Foram utilizados os índices de seleção propostos por Mulamba e Mock (1978), Smith (1936) e Hazel (1943), Pesek e Baker (1969), Williams (1962) e distância genótipo-ideótipo, com a herdabilidade e pesos atribuídos arbitrariamente como peso econômico. A utilização de diferentes índices de seleção permitiu a predição de ganhos simultâneos em todos os caracteres, porém a seleção realizada com base no índice de Mulamba e Mock (1978) e Genótipo-ideótipo previu os maiores ganhos simultâneos em CE e PROD. Os pesos atribuídos por tentativa demonstraram melhores possibilidades de ganhos para todos os índices. A utilização do caráter volume de pipoca expandida como critério na composição dos índices de seleção avaliados possivelmente favoreceu a predição de ganhos simultâneos em capacidade de expansão e produtividade.

Palavras-chave: *Zea mays L. var. everta*; índices de seleção; volume de pipoca expandida por hectare

ABSTRACT

PREDICTION OF GENETIC EFFECTS IN GRAIN YIELD, POPPING EXPANSION AND EXPANDED POPCORN VOLUME IN POPCORN BY DIFFERENT SELECTION INDEXES

The negative correlation between grain yield and popping expansion consists of a set of elements that do not belong to a group of producers. An alternative to minimize the effects of this correlation can be used in the composition of selection indexes a feature that somehow incorporates yield and quality components. This work has been carried out with the objective to design for genetic gains with a selection of progenies of popcorn based on morphological traits, yield, popping expansion and expanded popcorn volume using different methodologies of selection indexes and economic weights. 23 progenies (S_2) of popcorn were evaluated in three randomized blocks in Dourados-MS, being measured plant height (PH), corn cob height (CC), bedded and broken plants (BB), grain yield (GY), number of corn cob per plot (NC), mass of 1000 grains (M1000), popping expansion (PE) and expanded popcorn volume per hectare (PV). Were used the selection index proposed by Mulamba and Mock (1978), Smith (1936) and Hazel (1943), Pesek and Baker (1969), Williams (1962) and genotype-ideotype distance, with heritability and weights arbitrarily assigned as economic weight. The use of different selection indexes allowed a prediction of simultaneous gains in all its traits, on the one hand the selection made on the basis of the Mulamba e Mock and genotype-ideotype distance indexes allowed the highest simultaneous gains in CE and PROD. The weights assigned by trial have shown better earning possibilities for all indexes. The use of expanded popcorn volume how criterion in the composition of selection indexes make possible to predict the simultaneous gains in the popping expansion and grain yield.

Key words: *Zea mays L. var. Everta*; selection indexes; expanded popcorn volume per hectare.

Introdução

O desenvolvimento de novas cultivares de milho pipoca por meio dos programas de melhoramento genético é dificultado, entre outros fatores, pela correlação negativa existente entre os dois principais caracteres de interesse da cultura, a capacidade de expansão e a produtividade (DAROS et al., 2004). Diversos estudos já foram realizados e a maioria observa redução da produtividade quando se realiza seleção baseada em capacidade de expansão ou redução na capacidade de expansão quando selecionadas plantas por meio do caráter produtividade. Carpentieri-Pípolo et al. (2002) verificaram correlação negativa entre a produtividade de grãos e a capacidade de expansão em genótipos de milho pipoca, assim como Pelegrini et al. (2016) que obtiveram correlação negativa de -0,39 para os caracteres massa de 50 grãos e capacidade de expansão.

Dessa forma, um dos principais desafios dos melhoristas envolvidos com a cultura é encontrar uma forma de minimizar ou neutralizar a correlação negativa entre esses caracteres para que seja possível a obtenção de ganhos simultâneos com a seleção. Um caráter que contenha em sua composição componentes de produção e qualidade, pode contribuir para isso quando se utiliza os índices de seleção. Nesse sentido o caráter volume de pipoca expandida por hectare proposto por Amaral Junior et al. (2016) que consiste no efeito multiplicativo entre a produtividade (kg ha^{-1}) e a capacidade de expansão (ml g^{-1}) pode ser uma alternativa. Os autores verificaram relação de causa e efeito entre esse caráter tanto com produtividade quanto com capacidade de expansão, o que pode favorecer a obtenção de ganhos simultâneos nesses dois caracteres com a seleção utilizando o volume de pipoca expandida.

A principal finalidade da seleção utilizando os índices é prever os ganhos com a seleção por meio de combinações lineares de caracteres. Para seleção dos melhores genótipos, o melhorista deve considerar diversos caracteres e definir a prioridade que cada uma terá de acordo com os objetivos e a fase do programa de melhoramento. Assim, o uso dos índices de seleção para verificar a possibilidade de ganhos simultâneos em produtividade, capacidade de expansão e outros caracteres morfoagronômicos importantes para a cultura são fundamentais. De acordo com Cruz e Carneiro (2006) a maioria dos caracteres de importância econômica tem natureza quantitativa, por esse motivo possuem base genética bastante complexa, podendo ser fortemente influenciados pelo ambiente.

Foram desenvolvidas diversas metodologias de índices de seleção, sendo que cada uma possui uma particularidade estatística para a composição do índice. Entre os mais utilizados estão as metodologias propostas por Smith (1936) e Hazel (1943), Williams (1962), Pesek e Baker (1969), Mulamba e Mock (1978) e proposto por Schwarzbach (1972), baseado na distância genótipo-ideótipo. Para a realização das análises de índices é necessário atribuir pesos a cada caráter em avaliação, de forma que expressem a importância de cada um para a cultura, naquele momento da seleção. Os pesos podem ser atribuídos arbitrariamente de acordo com o conhecimento intrínseco do melhorista ou como é muito comum utilizar-se de parâmetros genéticos como a herdabilidade obtida para cada caráter para esse fim.

Este trabalho foi realizado com o objetivo de prever os ganhos genéticos com a seleção de progênies de milho pipoca baseado em caracteres morfológicos, de produção, capacidade de expansão e volume de pipoca expandida por hectare utilizando diferentes metodologias de índices de seleção e pesos econômicos.

Materiais e Métodos

O experimento foi conduzido no período correspondente à safra 2014/2015, na Fazenda Experimental de Ciências Agrárias (FAECA) da Universidade Federal da Grande Dourados (UFGD), localizada em Dourados-MS. A FAECA está localizada a 22° 13' 59.7" S de latitude e 54° 59' 14.7" W de longitude e 452 metros de altitude. O clima da região de Dourados, segundo a classificação de Köppen é do tipo Cwa, com verões quentes e invernos secos, temperaturas máximas durante os meses de dezembro e janeiro e as temperaturas mínimas entre maio e agosto (FIETZ e FISCH, 2008).

Antes da semeadura, as sementes foram tratadas com dois inseticidas, Fipronil 800 e Semevin, juntamente com o fungicida Tiofanato Metílico, utilizados 20 ml por quilo de semente. O solo foi preparado de forma convencional, com uma gradagem. Em 24 de setembro de 2014 foram semeadas 23 progênies S₂ de milho pipoca, provenientes do banco de germoplasma do Grupo de Melhoramento e Biotecnologia Vegetal da UFGD, em delineamento de blocos ao acaso, com três repetições. As progênies selecionadas já foram submetidas a dois ciclos de autofecundação, devido a isso são denominadas progênies S₂.

As parcelas foram constituídas de duas linhas de três metros de comprimento, espaçadas entre si de 0,90 m e entre plantas 0,20 m. Para a adubação, foram utilizados

300 kg ha⁻¹ de N-P-K do formulado 8-20-20. Aos 30 dias após a semeadura, para a obtenção do estande recomendado de 30 plantas por parcela, foi realizado um desbaste, deixando-se apenas uma planta por cova semeada, para obtenção de 5 plantas por metro linear.

Por volta dos 65 dias após a semeadura, quando começou a surgir a parte feminina das plantas, iniciaram-se aos trabalhos de proteção do estilo-estigma, cobrindo-se a espiga mais próxima ao pendão com saco plástico para que não ocorresse contaminação com pólen exógeno. Quando necessário foram feitas estimulações na espiga com o auxílio de um canivete, por meio de um corte realizado na extremidade superior da espiga, a fim de expor seu estilo-estigma. Quando os pendões das plantas começaram emitir pólen, a parte masculina das plantas foi coberta com um saco de papel kraft, sendo que para que houvesse essa cobertura, pelo menos 30% do pendão deveria estar emitindo pólen viável à fecundação.

No dia seguinte ao cobrimento dos pendões realizava-se a autofecundação propriamente dita, para isso era realizada uma agitação do pólen dentro do kraft para estimular a liberação e deposição do mesmo, então removeu-se o saco plástico que protegia o estilo-estigma e na espiga da mesma planta se depositava o pólen recolhido. Posteriormente, o papel kraft foi grampeado a fim de cobrir a espiga e continuar protegendo-a de pólen exógeno. Aguardou-se então, o encerramento do ciclo destas plantas e as espigas colhidas constituíram a terceira geração de autofecundação das progênies (S₃).

Os caracteres morfoagronômicos mensurados em campo foram altura de plantas (AP) em centímetros, do solo até a folha bandeira, de 10 plantas aleatórias dentro da parcela; altura de inserção da espiga superior (AE) mensurada, em centímetros, do solo até a espiga superior de 10 plantas aleatórias dentro da parcela; número de plantas acamadas e quebradas (AQ) que foram avaliados no período pré-colheita, sendo consideradas quebradas as plantas com colmo quebrado abaixo da inserção da espiga e colmo formando um ângulo maior que 20 graus com a vertical, contabilizado como acamado e o número total de espigas colhidas (NE) de cada parcela.

Posteriormente, no laboratório de Melhoramento Vegetal da Faculdade de Ciências Biológicas e Ambientais da UFGD foram mensurados os caracteres produtividade de grãos (PROD), em kg ha⁻¹, massa de 1000 grãos (M1000) de cada parcela, em gramas, capacidade de expansão (CE), em ml g⁻¹, sendo duas repetições por parcela. Para isso, foram pesadas amostras de 30 gramas de grãos de milho pipoca colhidos de cada

parcela, os quais foram colocados em saco kraft especial e com o auxílio de um aparelho micro-ondas com potência de 1.000 watts os grãos foram estourados por aproximadamente 2 minutos, em seguida, o volume de pipoca produzido foi mensurado em proveta de 1000 ml.; e volume de pipoca por hectare (VP), obtido pelo produto da multiplicação dos valores de PROD e CE. Para análise estatística a produtividade foi corrigida para umidade uniforme de 13,0%, utilizando-se a metodologia da covariância média proposta por Vencosky e Barriga (1992) por meio da expressão:

$$PROD = \frac{P(1 - U)}{(1 - 0,13)}$$

Onde,

PROD = produtividade corrigida para a umidade ideal de 13%;

P = produtividade observada;

U = umidade observada.

Após verificação da normalidade dos erros por meio do teste de Lilliefors foi realizada a análise de variância e estimados os parâmetros genéticos:

1. Variância fenotípica:

$$S_f^2 = \frac{QMG}{K}$$

Onde,

S_f^2 : variância fenotípica;

QMG: Quadrado médio dos genótipos (tratamentos);

K: número de blocos.

2. Variância genotípica:

$$S_g^2 = \frac{QMG - QMR}{K}$$

Onde,

S_g^2 : variância genotípica;

QMG: quadrado médio dos genótipos (tratamentos);

QMR: quadrado médio do resíduo;

K: número total de blocos.

3. Variância ambiental:

$$S_e^2 = \frac{QMR}{K}$$

Onde,

S_e^2 : variância ambiental;

QMR : quadrado médio do resíduo;

K : número de blocos.

4. Herdabilidade média no sentido amplo:

$$h^2 = \frac{S_g^2}{S_f^2}$$

Onde,

S_f^2 : variância fenotípica;

S_g^2 : variância genotípica.

5. Coeficiente de variação genético:

$$CV_g \% = \frac{(100\sqrt{S_g^2})}{m_g}$$

Onde,

S_g^2 : variância genotípica;

m_g : média geral dos genótipos.

6. Razão entre os coeficientes de variação genético e experimental:

$$CV_g / CV_e = \sqrt{\frac{S_g^2}{S_e^2}}$$

Os índices de seleção empregados para predizer os ganhos foram o de Mulamba e Mock (1978), o índice Clássico de Smith (1936) e Hazel (1943), o proposto por Pesek e Baker (1969), o índice de Williams (1962) e o índice proposto por Schwarzbach (1972), baseado na distância Genótipo-Ideótipo.

Foram atribuídos dois pesos econômicos sendo estes os valores de herdabilidade (h^2) obtidos para cada caráter e pesos arbitrários por tentativa (PT) sendo 1, 1, 2, 20, 2, 4, 40 e 30 para os caracteres AP, AE, AQ, PROD, NE, M1000, CE e VP, respectivamente. Os PTs se referem aos valores ótimos para obtenção de ganhos para a totalidade dos caracteres e estes foram obtidos, após atribuição de diversas grandezas.

Em todas as metodologias, foram selecionadas 34% das progênies, ou seja, oito de 23 progênies. Todas as análises estatísticas foram realizadas com o auxílio do software GENES (CRUZ, 2013).

Resultados e Discussão

A análise de variância (dados não apresentados) demonstrou que as progênies avaliadas apresentaram variabilidade fenotípica, uma vez que todos os caracteres

mensurados apresentaram diferença estatística significativa de acordo com o teste F tanto a 5% quanto a 1% de probabilidade.

Na Tabela 1 estão apresentados os parâmetros genéticos estimados para os oito caracteres avaliados em 23 progênies S₂ de milho pipoca. Observou-se que as variâncias genéticas de todos os caracteres foram maiores do que as variâncias ambientais, o que indica que a maior parte da variação fenotípica observada foi devida as diferenças entre as progênies e não a efeitos de ambiente. As herdabilidades de todos os caracteres foram superiores a 60% (Tabela 1).

Tabela 1 Estimativas da variância fenotípica (S^2_p), variância de ambiente (S^2_e), variância genética (S^2_g), herdabilidade média no sentido amplo (h^2_a), coeficiente de variação genética (CV_g), e a razão entre os coeficientes de variação genética e de ambiente (CV_g/CV_e) de 23 progênies S₂ de milho pipoca em Dourados (MS) na safra 2014/2015.

Parâmetros	AP (cm)	AE (cm)	AQ	PROD (kg ha ⁻¹)
S^2_p	115,825	86,943	10,442	160218,195
S^2_e	34,496	26,319	3,087	39098,140
S^2_g	81,329	60,623	7,355	121180,055
h^2_a (%)	70,217	69,727	70,432	75,623
CV_g (%)	5,651	9,196	30,777	42,459
CV_g/CV_e	0,886	0,876	0,891	1,017

Parâmetros	NE	M1000 (g)	CE (ml g ⁻¹)	VP (m ³ ha ⁻¹)
S^2_p	7,250	857,397	13,875	65016891,51
S^2_e	2,717	224,973	3,077	19830215,02
S^2_g	4,532	632,424	10,797	45186676,48
h^2_a (%)	62,516	73,760	77,817	69,49
CV_g (%)	24,162	18,956	16,622	41,98
CV_g/CV_e	0,745	0,968	1,081	0,8715

AP= altura de plantas, AE= altura de inserção da primeira espiga, AQ= número de plantas acamadas e quebradas, PROD= produtividade, NE= número de espigas por parcela, M1000= massa de 1000 grãos, CE= capacidade de expansão e VP= volume de pipoca por hectare.

Para os caracteres PROD, CE e VP, os coeficientes de herdabilidade foram 75,6%, 77,8% e 69,4%, respectivamente, indicando possibilidade de obtenção de ganho com a seleção das melhores progênies. Esses resultados associados ao CV_g/CV_e acima de 1,0 para PROD e CE indicam que esses caracteres podem ser priorizados na seleção, uma vez que a variação genotípica foi superior a variação ambiental.

Barreto et al. (2012) realizaram um trabalho com linhagens de milho pipoca e obtiveram herdabilidade de 76% para PROD e 73% para CE. Arnhold et al. (2009) também observou herdabilidades semelhantes em híbridos de milho pipoca, sendo 62% para PROD e 74% para CE. A herdabilidade elevada obtida para o caráter produtividade pode com o avanço dos ciclos de autofecundação e seleção, diminuir por tratar-se de um caráter em que a herança de dominância predomina. Entretanto, para a capacidade de

expansão, por ser governada por efeito aditivo de múltiplos *locus* (PEREIRA e AMARAL JUNIOR, 2001), a herdabilidade tende a permanecer alta com a seleção. É importante ressaltar que a produtividade diminuída pelo efeito da depressão por endogamia podendo ser restaurada no híbrido, pela heterose, por meio de cruzamentos entre as linhagens endogâmicas,

Na Tabela 2 estão apresentados as predições dos ganhos estimados com os índices Smith (1936) e Hazel (1943), Mulamba e Mock (1978), Williams (1962), Pesek e Baker (1969) e genótipo-ideótipo utilizando pesos empíricos atribuídos por tentativa (PT). Foi possível observar que os ganhos estimados pelas metodologias de Mulamba e Mock (1978) e genótipo-ideótipo foram iguais.

Tabela 2. Estimativas de ganho para diferentes caracteres morfoagronômicos utilizando os pesos atribuídos por tentativa para os índices Smith (1936) e Hazel (1943), Mulamba e Mock (1978), Williams (1962), Pesek e Baker (1969) e distância Genótipo-Ideótipo, em 23 progênies S₂ de milho pipoca em Dourados (MS) na safra 2014/2015.

Índice	Smith (1936) e Hazel (1943)		Mulamba e Mock (1978)		Williams (1962)		Pesek e Baker (1969)		Genótipo-ideótipo	
	Δg	Δg%	Δg	Δg%	Δg	Δg%	Δg	Δg%	Δg	Δg%
AP	1,19	0,75	2,58	1,62	2,48	1,56	4,09	2,57	2,58	1,62
AE	1,49	1,77	3,57	4,22	2,39	2,83	1,45	1,72	3,57	4,22
AQ	0,80	9,17	0,66	7,5	0,89	10,17	-0,36	-4,16	0,66	7,5
PROD	249,06	30,38	210,28	25,65	282,28	34,43	76,02	9,27	210,28	25,65
NE	1,13	12,87	0,84	9,61	1,08	12,27	0,19	2,22	0,84	9,61
M1000	13,30	9,28	9,44	7,12	13,90	10,48	6,29	4,74	9,44	7,12
CE	0,86	4,36	2,09	10,62	1,15	5,83	0,63	3,24	2,09	10,62
VP	4815,87	30,08	5493,26	34,31	5942,65	37,11	2094,08	13,08	5493,26	34,31
ΔT	5082,73	98,66	5722,77	100,65	6246,84	114,68	2782,42	32,68	5722,77	100,65
PS	9;17;11;15;1;18;3; 22		17;3;15;21;9;5;1;18		17;9;15;3;21;11;5; 1		21;15;3;19;12;9;5; 16		17;15;3;21;5;1; 9;18	

AP: altura de planta, em cm; AE: altura da inserção da primeira espiga, em cm; AQ: número de plantas acamadas e quebradas; PROD: produtividade de grãos, em kg ha⁻¹; NE: número de espigas por parcela; M1000: massa de mil grãos, em g; CE: capacidade de expansão, em ml g⁻¹; VP: volume de pipoca por hectare, em m³ ha⁻¹; h²: herdabilidade; ΔT: ganho total; PS: progênies selecionadas; Δg: ganho em unidade; Δg%: ganho em porcentagem. Pesos utilizados: 1, 1, 2, 20, 2, 4, 40 e 30 para os caracteres AP, AE, AQ, PROD, NE, M1000, CE e VP, respectivamente.

Provavelmente, isso ocorreu pelo fato das duas metodologias considerarem a melhor progênie em relação aos caracteres utilizados e classificar as demais em relação a esta. No índice de Mulamba e Mock (1978) é realizado um ranqueamento que vai das melhores progênies até as piores e no índice genótipo-ideótipo uma progênie é idealizada, e posteriormente calcula-se e classifica a distância de cada progênie em relação à progênie ideal.

Para o índice de Smith (1936) e Hazel (1943) foi possível observar que a possibilidade de ganhos em PROD é de 249,06 kg ha⁻¹ e em VP de 4815,87 m³ ha⁻¹, totalizando a possibilidade de incremento de 60,46% nesses dois caracteres. Entretanto

o ganho estimado para CE foi pequeno ($0,86 \text{ ml g}^{-1}$), cerca de 4% do ganho total. Ainda considerando o índice de Smith (1936) e Hazel (1943) foi previsto possibilidade de aumento de plantas quebradas e acamadas (9,17%), caráter não desejado. Dessa forma, a utilização dessa metodologia para a seleção das progênies em estudo não se constituiu como melhor opção.

O índice de Williams (1962) apontou a maior predição de ganho total, sendo 34,43% para PROD, 37,11% para VP e 5,83% para CE. Entretanto, assim como a metodologia de Smith (1936) e Hazel (1943), este índice prevê possíveis ganhos em plantas acamadas e quebradas AQ, (10,17%) (Tabela 2).

Apesar de não prever a redução das plantas quebradas e acamadas com a seleção, o índice de Pesek e Baker (1969) apresentou o menor ganho total de 32,84% (Tabela 2). A possibilidade de ganho em REND, CE e VP, foram respectivamente de 9,27%, 3,24% e 13,08%.

Granate et al. (2002) utilizaram os índices de Elston, o índice Clássico de Smith (1936) e Hazel (1943), Pesek e Baker (1969) e Williams (1962). Os autores observaram que quando houve predição de ganho em produção para o índice de Smith (1936) e Hazel (1943) e o de Williams (1962), foram obtidos valores negativos para o caráter capacidade de expansão. Já no índice Pesek e Baker (1969) os ganhos foram positivos para capacidade de expansão e negativos para produção, e pelo índice de Elston os autores obtiveram a possibilidade de ganhos simultâneos para os dois caracteres.

A seleção das progênies utilizando o índice de Mulamba e Mock (1978) proporcionará ganhos simultâneos em todos os caracteres. O possível ganho apontado para PROD será de $210,28 \text{ kg ha}^{-1}$, constituindo 25,65% do ganho total, já para CE o ganho apontado por este índice é de $2,09 \text{ ml g}^{-1}$, correspondendo a 10,62%, considerado satisfatório tendo em vista que aumentar a capacidade de expansão é fundamental em etapas iniciais de um programa de melhoramento dessa cultura.

Vilarinho et al. (2002) ao avaliar progênies S_1 e S_2 de milho pipoca, utilizaram vários índices e diferentes critérios de pesos, e ao final obtiveram os melhores ganhos com o índice de Mulamba e Mock (1978), com pesos iguais para CE e PROD, possibilitando a predição de ganho para CE de $0,64 \text{ ml g}^{-1}$. Utilizando os pesos 1 e 10 foram preditos ganhos para CE de $1,08 \text{ ml g}^{-1}$, sendo estes ainda inferiores ao obtidos neste trabalho.

Para o caráter AQ foi previsto a possibilidade de 7,5% de aumento, entretanto este valor corresponde, em média, a menos de uma planta por parcela, o que torna os

resultados obtidos para essa metodologia satisfatórios, principalmente para o caráter CE considerando progênies parcialmente endogâmicas (Tabela 2).

Possivelmente, a predição dos ganhos simultâneos em PROD e CE estimados por todos os índices de seleção tenha sido auxiliada pela presença do caráter volume de pipoca expandida, uma vez que a mesma é resultado do efeito multiplicativo destes dois caracteres, amenizando a correlação negativa entre elas. Para este trabalho, a ênfase em ganhos está voltada aos caracteres capacidade de expansão e produtividade, portanto é preferível a escolha do índice que favoreça maiores ganhos simultâneos em ambos.

Para o índice de Mulamba e Mock (1978) utilizando como peso a h^2 (Tabela 3), a possibilidade de ganho total é maior do que o obtido por meio de pesos atribuídos por tentativa, sendo que 30,41% provem do caráter PROD, 36,54% se deve ao VP e 7,88% pertencem a CE. Já a estimativa de ganho para CE foi maior (10,62%) no índice Mulamba e Mock (1978) quando levado em consideração os pesos atribuídos por tentativa (Tabela 2). É importante a observação da possibilidade de ganhos em cada caráter individualmente, pois muitas vezes a estimativa de ganho total pode ser elevada, mas a distribuição dos ganhos pode não favorecer o objetivo do melhorista.

Tabela 3. Estimativas de ganho para diferentes caracteres morfoagronômicos utilizando a herdabilidade (h^2) como peso para os índices Smith (1936) e Hazel (1943), Mulamba e Mock (1978), Williams (1962), Pesek e Baker (1969) e distância Genótipo-Ideótipo, em 23 progênies S_2 de milho pipoca em Dourados (MS) na safra 2014/2015.

Índice	Smith (1936) e Hazel (1943)		Mulamba e Mock (1978)		Williams (1962)		Pesek e Baker (1969)		Genótipo-ideótipo	
	Δg	$\Delta g\%$	Δg	$\Delta g\%$	Δg	$\Delta g\%$	Δg	$\Delta g\%$	Δg	$\Delta g\%$
AP	1,19	0,75	3,25	2,04	2,48	1,56	4,09	2,57	3,64	2,28
AE	1,49	1,77	3,61	4,28	2,39	2,83	1,45	1,72	3,96	4,69
AQ	0,80	9,17	0,89	10,17	0,89	10,17	-0,36	-4,16	1,27	14,49
PROD	249,06	30,38	249,35	30,41	282,28	34,43	76,02	9,27	249,73	30,46
NE	1,13	12,87	1,02	11,68	1,08	12,27	0,19	2,22	1,21	13,75
M1000	13,30	9,28	9,48	7,15	13,90	10,48	6,29	4,74	10,03	7,56
CE	0,86	4,36	1,55	7,88	1,15	5,83	0,63	3,24	0,92	4,66
VP	4815,87	30,08	5850,04	36,54	5942,65	37,11	2094,08	13,08	5194,56	32,44
ΔT	5082,73	98,66	6119,24	110,15	6246,84	114,68	2782,42	32,68	5465,35	110,33
PS	9;17;11;15;1;18;3 22		3;9;5;21;15;1;17;2		9;17;15;3;21;11;5;1		21;15;3;19;12;9;5; 16		9;5;1;3;15;17;2;22	

AP: altura de planta, cm; AE: altura da inserção da primeira espiga, em cm; AQ: número de plantas acamadas e quebradas; PROD: produtividade de grãos, em $kg\ ha^{-1}$; NE: número de espigas por parcela; M1000: massa de mil grãos, em g; CE: capacidade de expansão, em $ml\ g^{-1}$; VP: volume de pipoca por hectare, em $m^3\ ha^{-1}$; h^2 : herdabilidade; PT: peso atribuído por tentativa; ΔT : ganho total; PS: progênies selecionadas; Δg : ganho em unidade; $\Delta g(\%)$: ganho em porcentagem.

O índice de Pesek e Baker (1969) apresentado na Tabela 3 com h^2 como peso apresentou a mesma previsão de ganho desse índice considerando os pesos empíricos

(Tabela 2). O mesmo foi observado para o índice Smith (1936) e Hazel (1943). Os resultados foram idênticos aos obtidos com os pesos empíricos (PT) (Tabela 2).

A utilização da h^2 como peso econômico para o índice de Williams (1962) também não alterou as estimativas de ganho em relação aos apresentados com PT (Tabela 2), ou seja, independente da mudança dos pesos, os ganhos previstos foram os mesmo. Santos et al. (2007) também obtiveram previsão de ganho iguais em milho pipoca considerando diferentes pesos, tanto para o índice de Williams (1962), quanto para Pesek e Backer (1969), Mulamba e Mock (1978) e Smith (1936) e Hazel (1943).

Na Tabela 3 também é apresentado o índice da distância genótipo-ideótipo e é possível observar que a estimativa de ganho total para este índice é semelhante a prevista pelo índice de Mulamba e Mock (1978). Entretanto, a estimativa de ganhos para os caracteres individualmente é diferente. Para os caracteres CE e VP as estimativas de ganho previstas pelo índice genótipo-ideótipo foram menores, sendo 4,66% e 32,44%, respectivamente, enquanto que pelo índice de Mulamba e Mock (1978), foram de 7,88% e 36,54% respectivamente. As progênies 1,2,3,5, 9, 15 e 17 selecionadas por estes dois índices diferem nas posições. Além disso, pelo índice de Mulamba e Mock (1978) a progênie 21 foi selecionada, já para o índice genótipo-ideótipo a progênie selecionada foi a 22, quando o peso utilizado para as características foi baseado na herdabilidade.

Freitas Júnior et al. (2009) trabalharam com famílias de irmãos-completos de milho pipoca a fim de prever ganhos no quarto ciclo de seleção recorrente, e para isso utilizaram os índices Mulamba e Mock (1978), Smith (1936) e Hazel (1943), Pesek e Baker (1969) e Williams (1962), e constaram a que os melhores ganhos obtidos em CE e PROD, foram com o índice Mulamba e Mock (1978). Assim como, Freitas et al. (2013) que compararam quatro índices de seleção aplicados à 200 progênies de irmãos-completos a fim de selecionar as 30 progênies superiores, utilizando Smith (1936) e Hazel (1943), Williams (1962), Pesek e Baker (1969) e Mulamba e Mock (1978), e observaram que o índice de Mulamba e Mock (1978) previu os melhores resultados para a seleção.

Neste trabalho, considerando os pesos empíricos atribuídos para cada caráter, os índices Mulamba e Mock (1978) e genótipo-ideótipo foram os que previram maiores ganhos simultâneos em PROD, CE e VP. As progênies selecionadas nas diferentes metodologias foram divergentes, sendo que apenas as progênies 3, 9 e 15 foram selecionadas por todos os índices.

Quando levado em consideração os pesos utilizando a h^2 , as estimativas de ganho em capacidade de expansão foram inferiores aos obtidos utilizando pesos empíricos para todos os índices, isso pode ter ocorrido, pois, os pesos empíricos são pesos idealizados pelo melhorista, então exploram mais ou menos determinados caracteres, favorecendo o aumento ou redução de cada um individualmente.

Conclusões

A utilização dos diferentes índices de seleção permitiu a predição de ganhos simultâneos em produtividade, capacidade de expansão e volume de pipoca expandida.

A seleção das progênies 1, 3, 5, 9, 15, 17, 18 e 21 realizada com base no índice de Mulamba e Mock (1978) e genótipo-ideótipo, com pesos atribuídos por tentativa possivelmente proporcionará maiores ganhos simultâneos nos caracteres de interesse.

A utilização do caráter volume de pipoca expandida como auxílio na composição dos índices de seleção avaliados possivelmente favoreceu a predição de ganhos simultâneos em capacidade de expansão e produtividade.

Referências

AMARAL JÚNIOR, A. T.; SANTOS, A.; GERHARDT, I. F. S.; KUROSAWA, R. N. F.; MOREIRA, N. F.; PEREIRA, M. G.; GRABINA, G. A.; SILVA, F. H. L. Proposal of a super trait for the optimum selection of popcorn progênies based on path analysis. **Revista Genetic and Molecular Research**; v.15, n.4, 2016.

ARNHOLD, E.; VIANA, J. M. S.; SILVA, R. G. Associação de desempenho entre famílias S3 e seus híbridos topcross de milho-pipoca. **Ciência Agrônômica**, v. 40, n.3, p.396-399, 2009.

BARRETO, R. R.; SCAPIM, C. A.; AMARAL JÚNIOR, A. T.; RODOVALHO, M. A.; VIEIRA, R. A.; SCHUELTER, A. R. Avaliação da capacidade de combinação de famílias S2 de milho-pipoca por meio de diferentes testadores. **Ciências Agrárias**, v.33, n.3, p.873-890, 2012.

CARPENTIERI-PÍPOLO, V.; TAKAHASHI, H. W.; ENDO, R. M.; PETEK, M. R.; SEIFERT, A. L. Correlações entre caracteres quantitativos em milho pipoca. **Horticultura Brasileira**, v. 20, n. 4, p. 551-554, 2002.

CRUZ, C. D.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Vol 2., p.506, Viçosa: UFV, 2006.

CRUZ, C. D.; GENES - A software package for analysis in experimental statistics and quantitative genetics. **Acta Scientiarum**, v.35, n.3, p.271-276, 2013.

DAROS, M.; AMARAL JÚNIOR, A. T. do; PEREIRA, M. G.; SANTOS, F. S.; SCAPIM, C. A.; FREITAS JÚNIOR, S. P.; DAHER, R. F.; ÁVILA, M. R. Correlações entre caracteres agronômicos em dois ciclos de seleção recorrente em milho-pipoca; **Ciência Rural**, v. 34, n. 5, p.1389-1394, 2004.

FIETZ, R. C.; FISCH, G. F.; **O clima da região de Dourados, MS**. Documentos: Embrapa Agropecuária Oeste, ISSN 1679-043X, ed.2, p.32, 2008.

FREITAS JÚNIOR, S. P.; AMARAL JÚNIOR; A. T.; RANGEL, R. M.; VIANA, A. P. Predição de ganhos genéticos na população de milho pipoca UNB- 2U sob seleção recorrente utilizando-se diferentes índices de seleção. **Ciências Agrárias**, v. 30, n. 4, p.803-814, 2009.

FREITAS, I. L. J.; AMARAL JUNIOR, A. T.; VIANA, A. P.; PENA, G. F.; CABRAL, P. S.; VITTORAZZI, C.; SILVA, T. R. C. Ganho genético avaliado com índices de seleção e com REML/Blup em milho-pipoca. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.48, n.11, p.1464-1471, 2013.

GRANATE, M. J.; CRUZ, C. D.; PACHECO, C. A. P. Predição de ganho genético com diferentes índices de seleção no milho pipoca CMS-43; **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.37, n.7, p.1001-1008, 2002.

HAZEL, L.N.; The genetic basis for constructing selection indexes; **Genetics, Austin**, v.28, p.476-490, 1943.

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 Journal of Genetics and Cytology**, v.7, p.40-51, 1978.

PELEGRINI, G.; OLIVEIRA, G. H. F.; MORO, G. V.; SAMECIMA JÚNIOR, E. H. Relação de causa e efeito de caracteres do grão sobre a capacidade de expansão em milho pipoca. **Ciência e Tecnologia**, v. 8, n. 1, p.1-5, fev. 2016.

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

PESEK, J.; BAKER, R.J. Desired improvement in relation to selection indices. **Canadian Journal of Plant Sciences**, v.1, p.215-274, 1969.

SANTOS, F. S.; AMARAL JÚNIOR, A. T.; FREITAS JÚNIOR, S. P.; RANGEL, R. M.; PEREIRA, M. G. Predição de ganhos genéticos por índices de seleção na população de milho-pipoca UNB-2U sob seleção recorrente. **Bragantia**, v.66, n.3, p.389-396, 2007.

SCHWARZBACH, E. Einige Anwendungsmöglichkeiten elektronischer Datenverarbeitung (EDV) für die Beurteilung von Zuchtmaterial. **Arb. Tag. Österr. Pflanzanz Gumpenstein**, p.277-287, 1972.

SMITH, H. F. A discriminant function for plant selection; **Annals of Eugenics**, London, v.7, p.240-250, 1936.

VENCOVSKY, R., BARRIGA, P. **Genética Biométrica aplicada ao Fitomelhoramento**, Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, v.33, n.5, p.486, 1992.

VILARINHO, A. A.; VIANA, J. M. S.; CÂMARA, T. M. M.; SANTOS, J. F. dos Seleção de progênies endogâmicas S 1 e S 2 em um programa de melhoramento intrapopulacional de milho pipoca. **Acta Scientiarum**, v.24, p.1419-1425, 2002.

WILLIAMS, J.S. The evaluation of a selection index. **Biometrics**, v.18, p.375-393, 1962.

5. CONSIDERAÇÕES FINAIS

As análises de correlação e trilha possibilitaram a compreensão da associação dos caracteres capacidade de expansão e produtividade e demonstraram que o caráter volume de pipoca expandida está correlacionado positivamente com os dois caracteres o que possibilita a obtenção de ganhos simultâneos em capacidade de expansão e produtividade. O uso dos índices de Mulamba e Mock (1978) e genótipo-ideótipo com os pesos atribuídos por tentativas utilizando o caráter volume de pipoca expandida como critério de seleção comprovou essa hipótese.

Dessa forma espera-se que os resultados obtidos com esse trabalho contribuam com o melhoramento genético da cultura do milho pipoca que visa obtenção de cultivares com alta produtividade e qualidade do produto final.

As progênies selecionadas por meio dessas análises poderão ser utilizadas pelo programa de melhoramento genético da UFGD em futuros cruzamentos, seja para avaliação da capacidade de combinação entre as progênies visando à produção de híbridos ou mesmo para obtenção de uma população que poderá ser submetida a um programa de seleção recorrente intrapopulacional visando obtenção de uma população melhorada para os principais caracteres de interesse da cultura.

6. ANEXOS

Anexo 1. Agrupamento de médias utilizando o teste de Scott-Knott à 5% de probabilidade para as características florescimento feminino (FF), florescimento masculino (FM), altura de planta (AP), altura de inserção da primeira espiga (AE), plantas acamadas e quebradas (AQ), rendimento em kg.ha⁻¹ (REND), número de espigas por parcela (NE), peso de 1000 grãos em grama (P1000), capacidade de expansão em mL.g⁻¹ (CE) e volume de pipoca por hectare (VP) das as progênies S₂ de milho pipoca na região de Dourados (MS) na safra de 2014/2015.

Trat	FF (dias)	FM (dias)	AP (cm)	AE (cm)	AQ
1	70,33 a	70,33a	168,16a	90,83a	13,66a
2	73,66a	71,33a	163,83a	89,00a	8,33b
3	71,33a	70,00a	176,50a	97,83a	8,00b
4	72,33a	71,00a	170,16a	88,16a	7,33b
5	72,66a	70,00a	175,16a	102,83a	11,00a
6	69,33a	68,66a	164,66a	93,00a	11,33a
7	75,00a	71,66a	162,66a	82,50b	7,66b
8	77,33a	75,00a	140,95b	69,86b	5,33b
9	77,00a	76,00a	171,33a	86,50a	11,00a
10	71,66a	71,00a	132,16b	63,66b	2,33b
11	74,33a	72,66a	155,00a	75,00b	8,33b
12	70,00a	69,00a	168,50a	77,16b	7,66b
13	71,33a	70,00a	156,00a	73,83b	9,00b
14	72,66a	70,33a	165,50a	96,50a	14,33a
15	73,66a	71,33a	158,33a	79,48b	9,33b
16	74,66a	72,33a	167,71a	90,41a	10,33a
17	73,33a	73,33a	144,83a	88,66a	14,66a
18	73,66a	72,33a	156,18a	88,50a	5,66b
19	74,00a	72,00a	156,16a	76,11b	4,33b
20	71,66a	72,00a	158,66a	85,83a	12,33a
21	75,00a	73,00a	155,50a	83,66a	4,66b
22	72,66a	70,33a	159,83a	87,66a	9,00b
23	74,33a	73,66a	148,16b	80,16b	7,00b

Trat	Rend (kg.ha)	NE	P1000 (g)	CE (mL g ⁻¹)	VP
1	960,89a	9,33b	153,61b	20,94a	19960,71a
2	1016,88a	9,00b	130,71c	19,05b	19162, 83a
3	931,57a	7,66b	145,24b	26,94a	24050,83a
4	642,25b	9,00b	115,62c	22,00a	12931,73b
5	959,17a	8,33b	153,60b	21,05a	20480,91a
6	735,22b	9,33b	118,86c	17,72b	12338,25b
7	550,16b	5,66b	123,92c	24,27a	13268,31b
8	212,33 b	3,66b	107,02c	18,33b	4132,25b
9	1748,19a	12,33a	195,54a	16,83b	29260,54a
10	351,63b	9,66b	85,44c	16,66b	5186,67b
11	1365,19a	9,66b	178,63a	14,88b	20228,75a
12	202,64 b	8,66b	94,76c	20,16a	4067,04b
13	1066,17a	12,33a	123,62c	16,66b	17811,49a
14	849,60a	8,00b	194,39a	13,94b	12100,35b
15	1332,32a	13,66a	134,75c	22,16a	28886,30a
16	417,08b	5,66b	137,63c	12,66b	5286,41b
17	1200,33a	13,66a	109,05c	24,61a	29685,06a
18	603,71b	6,66b	130,34c	24,61a	15055,93b
19	725,11b	7,00b	136,35c	22,33a	16220,92a
20	689,27b	6,33b	108,41c	19,38b	13598,98b
21	1046,97a	9,66b	141,61b	22,55a	23943,93a
22	1051,05a	12,00a	147,55b	16,00b	16398,79a
23	199,09b	5,33b	94,44c	20,83a	4208,76b

* médias seguidas de mesma letra não diferem pelo teste de Scott-knott a 5% de probabilidade.