

**-UNIVERSIDADE ESTADUAL DE MARINGÁ
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM GENÉTICA E MELHORAMENTO**

RENATO DA ROCHA

**Índices de seleção aplicados aos compostos de milho-pipoca UEM-Co1 e
UEM-Co2 sob seleção recorrente**

**MARINGÁ
PARANÁ – BRASIL
AGOSTO - 2014**

RENATO DA ROCHA

Índices de seleção aplicados aos compostos de milho-pipoca UEM-Co1 e UEM-Co2 sob seleção recorrente

Dissertação apresentada à Universidade Estadual de Maringá, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento, para obtenção do título de Mestre.

Orientador: Prof. Dr. Carlos Alberto Scapim.

MARINGÁ
PARANÁ – BRASIL
AGOSTO – 2014

*Se você não se sobressair pela sua
“inteligência”, destaque-se pela sua
dedicação.*

Aos meus pais, Jauri da Rocha e Eliane Moscon da Rocha, pelos ensinamentos transmitidos desde os primeiros dias de vida, fundamentais para a formação de meu caráter e de minha qualificação profissional.

Ao meu irmão, João Victor da Rocha, pela amizade, amor e por ajudar meu pai na minha ausência.

Aos meus avós, João Nelson Moscon (*in memoriam*) e Iracema Moscon e Angelina Orben da Rocha e Renato Gomes da Rocha, pelos ensinamentos de vida e por todo a amor que sempre me dedicaram.

À minha namorada, Joselaine Viganó, pelo amor, carinho e compreensão nos momentos mais difíceis e por todo o auxílio propiciado durante a Pós-Graduação. A todos os agricultores brasileiros que se dedicam à produção de alimentos e que superam as dificuldades encontradas na agricultura brasileira.

Com muito amor e carinho, dedico.

AGRADECIMENTOS

A Deus, pelo dom da vida.

À Universidade Estadual de Maringá (UEM) e ao Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento (PGM), pela oportunidade de desenvolver esta pesquisa.

À Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (Capes), pela concessão da bolsa de estudos.

Ao amigo Rafael Augusto Vieira, por disponibilizar os dados para a elaboração da dissertação, bem como pelas ideias e sugestões para a realização deste trabalho. Além disso, por toda a sua contribuição durante toda a redação deste projeto.

Aos funcionários da Fazenda Experimental de Iguatemi e aos alunos de graduação e pós-graduação que auxiliaram na condução dos experimentos.

Aos funcionários do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento (PGM), pela prestatividade e atenção fornecida durante o Curso de Mestrado.

Aos professores membros da banca, por contribuírem com seu conhecimento e auxílio na correção deste trabalho.

Aos pesquisadores e amigos, doutores Francisco de Assis Franco e Volmir Sérgio Marchioro, pelos conhecimentos científicos e pessoais repassados durante o período de Graduação e Pós-Graduação, fundamentais para minha formação.

À pesquisadora doutora, Priscilla Karen Sabadin, pelo apoio, compreensão e pelas suas importantes ideias na execução deste trabalho.

Ao professor doutor Ronaldo Coimbra, pelos seus ensinamentos fundamentais durante a realização deste trabalho.

Enfim, agradeço a todos que fizeram parte da minha formação pessoal e científica e que de alguma maneira me incentivaram a seguir e concluir este projeto de vida.

Muito obrigado!

BIOGRAFIA

RENATO DA ROCHA, filho de Jauri da Rocha e de Eliane Moscon da Rocha, nasceu em 08 de fevereiro de 1987, em Nova Prata do Iguaçu, estado do Paraná.

Concluiu o Ensino Fundamental, no ano de 1997, no Colégio Estadual Cristo Redentor, em Nova Prata do Iguaçu, e o Ensino Médio, em 2005, no Colégio Master, em Dois Vizinhos, estado do Paraná.

Graduou-se em Engenharia Agrônômica, em setembro de 2011, pela Faculdade Assis Gurgacz (FAG), em Cascavel, estado do Paraná.

Em março de 2012, iniciou o Curso de Mestrado no Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento, na Universidade Estadual de Maringá.

SUMÁRIO

RESUMO.....	viii
ABSTRACT.....	ix
1. INTRODUÇÃO	1
2. REVISÃO DE LITERATURA	5
2.1. Classificação botânica e aspectos gerais do milho	5
2.2. O milho híbrido.....	7
2.3. Importância econômica do milho e do milho-pipoca	8
2.3.1. O milho	8
2.3.2. O milho-pipoca.....	10
2.3.2.1. Milho-pipoca: classificação botânica, histórico e melhoramento genético	13
2.3.2.2. Capacidade de expansão e rendimento de grãos	17
2.4. Índices de seleção	21
2.4.1. Índice proposto por Smith (1936) e Hazel (1943) – Índice clássico	21
2.4.2. Índice base proposto por Williams (1962).....	23
2.4.3. Índice proposto por Tallis (1962)	24
2.4.4. Índice Pesek e Baker (1969) ou índice com base nos ganhos desejados	24
2.4.5. Índice proposto por Cunningham et al. (1970).....	24
2.4.6. Índice proposto por Subandi (1973).....	25
2.4.7. Índice proposto por Mulamba e Mock (1978) ou índice com base em soma de postos (ou “Ranks”)	26
2.4.8. Aplicações dos índices de seleção no melhoramento do milho-pipoca	26
3. MATERIAL E MÉTODOS	29
3.1. Delineamento experimental e coleta de dados	29
3.2. Análise dos dados.....	30
3.3. Desenvolvimento da estatística C_j	31
4. RESULTADOS E DISCUSSÃO	34
5. CONCLUSÕES	66
6. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	67

RESUMO

ROCHA, Renato da. M.Sc. Universidade Estadual de Maringá, agosto de 2014. **Índices de seleção aplicados aos compostos de milho-pipoca UEM-Co1 e UEM-Co2 sob seleção recorrente**. Professor Orientador: Carlos Alberto Scapim. Professores Conselheiros: Ronald José Barth Pinto e Francisco de Assis Franco.

Os índices de seleção são fundamentais por permitir a seleção de caracteres múltiplos, separando genótipos superiores, independentemente da existência ou não de correlações entre as características. Para tanto, foram avaliadas 169 famílias de meio-irmãos, em látice quadrado, 13 x 13, com duas repetições para cada ciclo de seleção nos dois compostos. O presente trabalho teve dois objetivos: o primeiro foi selecionar famílias superiores, por meio da aplicação dos diferentes índices de seleção, para dois compostos de milho-pipoca, *UEM-Co1* e *UEM-Co2*, e em quatro ciclos de seleção recorrente; o segundo objetivo foi propor um novo e abrangente índice de seleção de multicaracterísticas, a estatística F_i , para a seleção de famílias de meio-irmãos, para os mesmos compostos, em dois ciclos de seleção (C_0 e C_1). O emprego dos diferentes índices de seleção nas 169 famílias de meio-irmãos, para os compostos *UEM-Co1* e *UEM-Co2* mostrou-se eficiente, promovendo ganhos genéticos equilibrados para o RG e para a CE. O índice de Subandi et al. (1973), seguido de Mulamba e Mock_(CVg) (1978), foram os mais efetivos para ambos os compostos, de acordo com a estatística C_i . Quanto à indicação de um novo índice de seleção, foi possível verificar que a estatística F_i se mostrou eficiente na seleção de famílias de meio-irmãos, sendo obtidos ganhos elevados para RG e CE, superiores às médias das famílias selecionadas pela seleção direta. Este índice representa, portanto, uma nova possibilidade de seleção, na qual o melhorista tem a oportunidade de atribuir maior importância (importância relativa – IR) às características de seu interesse, possibilitando ganhos superiores em mais de uma característica e podendo superar a média das selecionadas pela seleção direta. O índice proposto pode ser facilmente aplicado em outras culturas, cujo objetivo seja selecionar famílias superiores, com ganhos genéticos para características múltiplas.

Palavras-chave: *Zea mays* L.; seleção de características múltiplas; capacidade de expansão.

ABSTRACT

ROCHA, Renato da. M. Sc. Universidade Estadual de Maringá, August, 2014. **Selection index applied to popcorn compounds *UEM-Co1* and *UEM-Co2* under recurrent selection and new proposal of a selection index.** Adviser: Carlos Alberto Scapim. Committee members: Ronald José Barth Pinto and Francisco de Assis Franco.

The existence of negative correlation between capacity of expansion (CE) and grain yield (GY) has hampered the improvement of popcorn breeding, once the breeder needs to overcome this correlation to achieve his objectives, which consist in obtaining superior genotypes for both traits, CE and GY. However, direct selection may not be satisfactory because it is based on specific attributes of each feature individually. Thus, the selection indexes are the key factor, since they allow the selection of multiple characters, allowing separate superior genotypes, irrespective of the presence or not of correlations between traits. For this, 169 of half-sib families were evaluated in square lattice, 13 x 13, with two replicates for each cycle of selection in the two compounds. The present study had two objectives: the first aim intended to select superior families, through the application of different selection indexes for two compounds of popcorn, *UEM-Co1* and *UEM-Co2*, and in four cycles of recurrent selection. The indexes used were: i) Smith (1936) and Hazel (1943), ii) Williams (1962), iii) Mulamba and Mock (1978), iv) Cunningham et al. (1970), v) Tallis (1962); vi) Pesek and Baker (1969) and vii) Subandi et al. (1973). The second aim was to propose a new and comprehensive selection index of multi-features, the F_i statistics for selection of half-sib families for the same compounds in two cycles of selection (C_0 e C_1). The use of different selection indexes in 169 half-sib families for compounds *UEM-Co1* and *UEM-Co2* was efficient, promoting balanced genetic gains for the CE and GY. Subandi et al. (1973) index, followed by Mulamba and Mock (CV_g) (1978), were the most effective for both compounds according to C_i statistic. Regarding the appointment of a new selection index, it was found that F_i statistic proved to be efficient in selecting half-sib families, having obtained high gains for CE and GY, higher than the average of selected families by direct selection. Therefore, this index represents a new possibility of selection, in which the breeder has the opportunity to attach greater importance (relative importance - RI) in the characteristics of his interest, being possible, obtain higher gains in more than one

feature, which may overcome the average of those selected by direct selection. The proposed index may be easily applied in other cultures, in which you want to select superior families with genetic gains for multiple features.

Keywords: *Zea mays* L., multi-trait selection, popping expansion.

1. INTRODUÇÃO

O milho-pipoca tem presença garantida nas gôndolas dos mais diversos estabelecimentos comerciais do ramo de alimentos, seja nas grandes ou nas pequenas cidades do país. É considerada uma cultura de elevada rentabilidade, seu produto final possui grande aceitação popular e movimentação consideravelmente a economia informal (Rangel et al., 2011).

Apesar de sua importância, como até este ano não havia um padrão específico de classificação da pipoca e ainda não há uma política de preço mínimo de mercado para a cultura no país, muitos produtores ainda temem não conseguir saldar os custos de produção, caso o grão não tenha um bom valor de mercado no momento da comercialização. Tais fatores culminam com a constatação feita por Arnold et al. (2009), que discorrem sobre estudos do Ministério da Agricultura, mencionando que a produção da pipoca ainda é limitada em comparação com o potencial de mercado da cultura. Além disso, o melhoramento do milho-pipoca no país ainda é incipiente em decorrência da menor atenção despendida a este em comparação ao milho comum, fato este constatado pelo número limitado de instituições de pesquisa e melhoristas interessados em pesquisas voltadas ao melhoramento da pipoca (Sawazaki, 1995).

A partir destas considerações, conclui-se que políticas de incentivo à cultura são reduzidas no Brasil e esse fato talvez seja a razão da produção ainda ser mínima, exigindo muitas vezes a importação de grãos para atender à demanda interna. Para contornar tal situação, instituições de pesquisas, especialmente públicas, têm desempenhado importante papel no desenvolvimento de pesquisas com enfoque na obtenção de genótipos superiores de milho-pipoca adaptados às condições edafoclimáticas brasileiras (Vittorazzi et al., 2013). Podem-se citar os programas de melhoramento desenvolvidos em Campinas e Piracicaba, no estado de São Paulo, Sete Lagoas e Viçosa, em Minas Gerais, Londrina e Maringá, no Paraná, e em Campos dos Goytacazes, no estado do Rio de Janeiro (Santos et al., 2008).

Com a finalidade de auxiliar nas pesquisas voltadas ao melhoramento do milho-pipoca, o programa de melhoramento da Universidade Estadual de Maringá (UEM) tem buscado desenvolver genótipos superiores para atender à demanda de

produtores, bem como de consumidores do estado do Paraná e do Brasil, a exemplo de Vendrusculo et al. (2001), Scapim et al. (2002), Simon et al. (2004), Moterle et al. (2006), Ricci (2006), Scapim et al. (2006), Dandolini et al. (2008), Moterle et al. (2008), Pereira et al. (2008), Scapim e Mora (2008), Santos (2008), Munhoz et al. (2009), Resh (2009), Vieira et al. (2009a), Vieira et al. (2009b), Silva et al. (2009), Leal et al. (2010), Sanches et al. (2011), Scapim et al. (2010), Trindade et al. (2010), Vieira et al. (2011), Barreto et al. (2012), Eloi et al. (2012), Franzoni et al. (2012), Moterle et al. (2012), Rodovalho et al. (2012), Silva (2012), Carvalho et al. (2013a) e Saavedra et al. (2013).

Os métodos de melhoramento utilizados para o milho-pipoca são, geralmente, os mesmos empregados ao milho comum (Zinsly e Machado, 1987). De acordo com Carena (2005), os melhoristas de milho têm usado frequentemente métodos de seleção recorrente, com base em famílias de irmãos completos, meio irmãos e progênies S_1 e S_2 . A seleção recorrente visa a aumentar continuamente a frequência dos genes favoráveis, por meio de sucessivos ciclos de seleção, tendo sido primeiramente introduzida por Hull em 1945, com o objetivo de proceder à reSeleção, geração após geração, com intercruzamento dos materiais selecionados, a fim de promover recombinação gênica (Paterniani e Miranda Filho, 1987).

Sabe-se que, para a produção ou para a importação de sementes, as cultivares precisam ser registradas no Registro Nacional de Cultivares (RNC) do Ministério da Agricultura. Em 2001, sete cultivares híbridas estavam registradas no RNC, sendo duas nacionais (IAC 112 e Zélia) e cinco introduzidas. Em 2010, constava no SNPC em torno de 46 cultivares, sendo 8 variedades e 38 híbridos, das quais 6 eram nacionais e 32 introduzidas (Brasil, 2012; Sawazaki, 2013). Apenas três cultivares (RS 20, UFVM2 Barão Viçosa e IAC 125) foram disponibilizadas para a comercialização para a safra 2013/2014. Entretanto, a grande maioria dos registros pertence às empresas empacotadoras que estabelecem acesso restrito de uso com os produtores parceiros (Sawazaki et al., 2001; Vittorazzi et al., 2013). Assim, o desenvolvimento de variedades de polinização livre é de fundamental importância para a agricultura brasileira, uma vez que favorece a inclusão do agricultor no processo produtivo, principalmente para aquele que dispõe de capital reduzido, permitindo a utilização das sementes para as próximas safras (Rangel, 2009).

Durante todas as etapas da pesquisa para a obtenção de genótipos promissores, seja em espécies autógamas como alógamas, a experiência do melhorista é fundamental na seleção de caracteres que culminem com o êxito daquela variedade no mercado, especialmente quando se refere à acirrada competitividade entre os principais centros de pesquisa. Sabendo disto, os pesquisadores buscam selecionar características, muitas vezes, em função de suas correlações positivas. Quanto ao milho-pipoca, suas principais características são a capacidade de expansão e o rendimento de grãos. Entretanto, estas são correlacionadas negativamente na maioria dos trabalhos em que foram avaliadas (Coimbra et al., 2001; Broccoli e Burak, 2004; Daros et al., 2004a).

Realizar seleção com base em poucos caracteres pode levar ao melhorista obter informações por vezes subjetivas quanto à superioridade de determinado material. Assim, o melhoramento utilizando estratégias de seleção com base em múltiplos caracteres (Cruz et al., 2004; Bueno et al., 2006), como é o caso do uso dos índices de seleção, tem sido frequentemente utilizado para culturas distintas (Scheinbergz et al., 1967; Paroda e Joshi, 1970; Kauffmann e Dudley, 1979; Smith et al., 1981; Resende et al., 1990; Cruz et al., 1993; Barbosa e Pinto, 1998; Paula et al., 2002; Costa et al., 2004; Faria, 2005; Ferreira et al., 2005; Gonçalves et al., 2007; Tardin et al., 2007; Oliveira et al., 2008; Jafari et al., 2009; Mendes et al., 2009; Pedrozo et al., 2009; Ajala, 2010; Cunha et al., 2010; Neves et al., 2011; Bhering et al., 2012; DoVale et al., 2012; Freitas et al., 2012; Krause et al., 2012; Marinho, 2012; Sodavadiya et al., 2012; Rocha et al., 2012; Rosado et al., 2012; Teixeira et al., 2012), incluindo o milho-pipoca (Matta, 2000; Granate et al., 2002; Santos et al., 2007; Freitas Júnior et al., 2009; Amaral Júnior et al., 2010; Rangel et al., 2011; Freitas, 2013; Ribeiro et al., 2012; Vittorazzi et al., 2013).

A utilização dos índices de seleção permite ao melhorista a seleção de genótipos que apresentem ganhos balanceados para as características em análise, como é o caso da CE e do RG, que apresentam frequentemente correlações negativas (Carpentieri-Pípolo et al., 2002; Broccoli e Burak, 2004, Faria et al., 2008). Outra vantagem da utilização dos índices de seleção é a possibilidade do pesquisador aplicar pesos econômicos para as características, podendo, assim, eleger as de maior interesse e, neste caso, atribuir valores econômicos maiores, tornando sua seleção mais rigorosa. Dentre os índices mais utilizados para as diferentes culturas, podem ser mencionados Smith (1936) e Hazel (1943) (Índice

clássico), Williams (1962), Mulamba e Mock (1978), Cunningham et al. (1970), Tallis (1962), Pesek e Baker (1969) e Subandi et al. (1973).

Em decorrência da necessidade de se realizar estudos mais aprofundados quanto à seleção recorrente para os compostos *UEM-Co1* e *UEM-Co2*, o presente trabalho foi realizado com o objetivo de comparar os índices de seleção quanto ao rendimento de grãos e a capacidade de expansão, bem como selecionar famílias mais promissoras com base em uma nova metodologia de índice de seleção.

2. REVISÃO DE LITERATURA

2.1. Classificação botânica e aspectos gerais do milho

O milho (*Zea mays* L.) pertence à família Gramineae (Poaceae), subfamília Panicoideae, tribo Maideae. É uma espécie diploide, com 20 cromossomos nas células somáticas, todos autossomais ($2n = 2x = 20$), apresentando, portanto, 10 cromossomos diferentes. É uma planta alógama, ou seja, numa população na qual não se realize controle da polinização, os descendentes são, na grande maioria, decorrentes de polinização cruzada (Zinsly e Machado, 1987; Viana et al., 2009).

O modo de reprodução das espécies alógamas, caracteriza-se por fecundação cruzada ou acasalamento ao acaso, pois o pólen de uma planta tem a mesma probabilidade de fecundar o ovócito de qualquer outra planta da população. A maturação dos gametas em períodos diferentes evita a autofertilização (*inbreeding*), gerando condição pela qual uma população natural é em geral heterogênea. Assim, as plantas alógamas são heterozigotas para a maioria dos locos (Barghini, 2004; Borém e Miranda, 2005).

A alogamia, de acordo com Viana et al. (2009), é uma consequência de duas características da espécie, monoícia e protandria. O termo monoícia indica que cada planta possui duas inflorescências separadas, sendo uma masculina e outra feminina (Barghini, 2004). Os gametófitos masculinos são produzidos no pendão, inflorescência masculina, localizado no ápice da planta, enquanto os gametófitos femininos são produzidos na espiga, ou boneca, inflorescência feminina, que se desenvolve na axila de uma ou duas folhas e se localiza-se na parte central da planta (Barghini, 2004; Viana et al., 2009). Conforme Borém e Miranda (2005) e Viana et al. (2009), a protandria, que é a maturação das anteras antes do pistilo, ou seja, ocorre a liberação dos grãos de pólen (antese) antes da emergência dos estilos-estigmas da mesma planta.

A quantidade de grãos de pólen de uma planta de milho, de acordo com Mangelsdorf (1974), varia de 18 a 56 milhões por planta. O tamanho reduzido dos grãos permite que eles sejam transportados a longa distância, podendo polinizar plantas a quilômetros do local de origem. A fertilização pode também ocorrer com pólen de outras espécies da mesma família, como o *teosinte* (*Zea mexicana* ou

Euchlaena mexicana) e o *pop corn*, hibridação que deu origem a raças mais produtivas e mais resistentes.

Segundo Barghini (2004), o milho segue o caminho fotossintético C₄, desenvolve grandes folhas alternadas, podendo atingir, dependendo do genótipo, até 5 m de altura. Essa característica, comum às plantas que se desenvolveram na região tropical semi-árida, como a cana-de-açúcar, permite, por meio de um caminho fisiológico específico, maior aproveitamento fotossintético em condições de clima quente com limitação de água. Este fato possibilita que a planta continue vegetando em temperaturas elevadas, continuando a fixação fotossintética no período de máxima insolação, obtendo, desse modo, uma alta produtividade.

Em relação às características morfológicas, o milho apresenta colmo cilíndrico com nós e entre nós compactos. Dos nós abaixo do solo, surgem raízes e, daquelas situadas ao nível do solo, originam-se as raízes adventícias, as quais têm função de fixação da planta no solo, mas também pela absorção de nutrientes. As folhas se dispõem de forma alternada no colmo. A bainha de cada folha envolve o entre nó imediatamente acima do nó de origem. A inflorescência masculina, tipo panícula, consiste em um eixo central denominado ráquis do qual surgem ramificações laterais. Ao longo das ramificações, estão localizadas as espiguetas pares, uma séssil e outra pedunculada. A espiga corresponde a um colmo com entrenós muito próximos. As palhas são bainhas das folhas que se originam de cada nó, superpostas, envolvendo firmemente a espiga. Os pares de espiguetas se dispõem em espiral em torno do sabugo, em alinhamento com fileiras longitudinais, de modo que, comumente, o número de fileiras na espiga seja par (Viana et al., 2009).

A semente é um fruto denominado cariopse. Seu desenvolvimento se completa cerca de 50 dias após a fertilização. A dupla fertilização que ocorre após a penetração do tubo polínico no saco embrionário produz os núcleos iniciais do embrião (diploide) e do endosperma (triploide). No grão maduro, o embrião e o endosperma, constituídos principalmente de amido, correspondem à aproximadamente, 10 e 85% da sua massa, respectivamente. Dependendo da sua forma, quantidade e distribuição dos grânulos, de amido, de sua capacidade de expandir ou estourar, quando submetido à alta temperatura, do teor de lisina e de triptofano, de sua vitriosidade, do teor de amilose e de amilopectina e do teor de

açúcares, o milho pode ser classificado como dentado, duro, pipoca, opaco, farináceo, seroso, doce (Viana et al., 2009).

O cereal é muito utilizado na alimentação humana, na forma de grãos, matéria verde fresca, amido, amilose, xaropes de glicose, maltodextrinas, diretamente, ou após industrialização, e principalmente na alimentação de suínos, aves e bovinos, principais fontes de proteína de origem animal consumidos por grande parte da população mundial. O milho ainda gera muitos empregos diretos e indiretos, anualmente, tanto no setor de produção, quanto nas indústrias que o utilizam como matéria-prima (Viana et al., 2009).

No Brasil, o mesmo milho plantado para colheita de grão seco é colhido ainda verde para consumo. Além do milho verde comum, existem variedades denominadas milho-doce, que têm sabor mais adocicado, devido ao maior teor de açúcares (Embrapa Hortaliças, 2012). É rico em carboidratos, sendo, portanto, um alimento energético, além de ser fonte de óleo e fibras e fornecer pequenas quantidades de vitaminas B₁, B₂ e E.

2.2. O milho híbrido

O milho é uma das culturas mais estudadas no mundo, o que resulta em contribuições significativas para o melhoramento de seus caracteres agrônômicos. Dentre os aspectos que levaram ao avanço no cultivo mundial do milho, destaca-se a formação de híbridos a partir de autofecundações sucessivas entre linhagens (Shull, 1908), gerando as chamadas linhagens endogâmicas. Como as linhas parentais são homozigotas, as plantas híbridas F₁ serão idênticas no genótipo e uniformes (Bespalhok et al., 2012b). De acordo com Bueno et al. (2006), a produtividade do híbrido pode ser obtida quando se consegue identificar um par de linhagens de bom desempenho *per se* que se complementem satisfatoriamente.

O milho tem sido a espécie mais utilizada para a produção de híbridos, por ser uma planta monoica e possuir grande interesse econômico (Bespalhok et al., 2012b). Em termos genéticos, dá-se o nome de híbridos aos indivíduos F₁ obtidos do cruzamento entre parentais que diferem em pelo menos um gene (Pinto, 2009). A maior importância desse tipo de material é a possibilidade de explorar os benefícios das interações alélicas e gênicas na geração híbrida (Paterniani, 1974).

Em um programa de melhoramento para obtenção de híbridos, são utilizadas basicamente quatro etapas: a escolha das populações; a obtenção de linhagens; a avaliação da capacidade de combinação e o teste extensivo das combinações híbridas obtidas. De todas estas etapas, a escolha das populações a serem autofecundadas é de fundamental importância, pois todo o sucesso do programa dependerá dela (Paterniani e Campos, 1999).

Na época em que se iniciou a produção de sementes híbridas, as linhagens utilizadas apresentavam baixo vigor. Isso levou as indústrias e produtores a não adotarem a produção e o cultivo do milho híbrido. Com isso, Jones, em 1918, sugeriu a produção de híbridos duplos a partir de híbridos simples, barateando, assim, os custos para a cadeia produtiva do milho (Pinto, 2009). De maneira geral, a obtenção de híbridos foi a principal causa do grande progresso em produtividade na cultura do milho, possibilitando suprir a demanda crescente das agroindústrias (Bison et al., 2003).

Devido ao fato dos híbridos simples apresentarem heterose superior aos demais híbridos, atualmente, de acordo com Pinto (2009), muitos países adotam o plantio de híbridos simples por três motivos principais:

- a) os híbridos simples geralmente são mais produtivos;
- b) houve um grande incremento no rendimento de grãos de linhagens parentais, reduzindo, com isso, o custo de produção;
- c) as linhagens elites apresentam reduzido nível de depressão endogâmica, em consequência do progresso genético obtido pelo melhoramento de plantas;
- d) houve aumento da capacidade de produção dos agricultores devido à adoção de tecnologias modernas, níveis elevados de adubação e alto controle fitossanitário.

2.3. Importância econômica do milho e do milho-pipoca

2.3.1. O milho

No Brasil, a cultura do milho tem grande importância econômica, não apenas para os produtores rurais, mas também na geração de empregos diretos e indiretos, nas indústrias de rações e derivados da cultura, em frigoríficos que dependem de uma grandiosa mão de obra para o seu funcionamento. Além disso, o cereal tem

sido responsável pelo frequente aumento nas exportações, impulsionando o crescimento do Produto Interno Bruto (PIB) nacional.

A produção nacional do milho é relativamente dispersa no país. Os principais estados produtores, Paraná, Mato Grosso, Minas Gerais, Goiás, Mato Grosso do Sul e Rio Grande do Sul, devem responder, em 2013, por 80,7 % da produção nacional. As maiores regiões produtoras são o sul, com 34,1 % da produção nacional e o centro oeste, com 42,0%. No sul, a liderança é do Paraná, e no centro oeste, Mato Grosso. Estes estados destacam-se atualmente como os principais produtores de milho do país (BRASIL, 2013).

Na safra brasileira 2011/2012, de acordo com o 12º Levantamento de grãos (CONAB, 2013), foram produzidas 72.979 milhões de toneladas, em uma área semeada de 15.178 milhões de hectares, com produtividade de 4.808 kg ha⁻¹. Na safra 2012/2013, houve produção recorde de milho, atingindo 81.344 milhões de toneladas, representando uma evolução de 11,5% quando comparado à produção obtida no ano passado, com uma produtividade de 5.115 kg ha⁻¹ em uma área plantada de 15.904 milhões de toneladas. O estado do Paraná apresentou produção, em 2011/2012, de 16.757 milhões de toneladas e, em 2012/2013, 17.642 milhões de toneladas, com área plantada de 3.002 e 3.047 milhões de hectares, nas safras 2011/2012 e 2012/2013, respectivamente. Quanto à produtividade, esta consistiu de 5.580 e 5.790 kg ha⁻¹, nas safras 2011/2012 e 2012/2013, respectivamente (CONAB, 2013).

Conforme Brasil (2013), o consumo interno de milho, que, em 2013, representa 66,7 % da produção, deve continuar nos próximos anos (66,9 %) tendo um pequeno aumento. As exportações de milho devem passar de 18 milhões de toneladas, em 2013, para 24,74 milhões de toneladas em 2022/23. Para manter o consumo interno, projetado em 62,6 milhões de toneladas, e garantir um volume razoável de estoques finais e o nível de exportações projetado, a produção estimada em 93 milhões de toneladas deverá atender à demanda em 2023.

O milho é utilizado, na alimentação humana, diretamente ou após industrialização, na forma de grãos, matéria verde fresca, amido, amilose, xaropes de glicose, maltodextrinas e principalmente na alimentação de suínos, aves e bovinos, principais fontes de proteína de origem animal consumidos por grande parte da população mundial. Esse cereal ainda gera, anualmente, muitos empregos

diretos e indiretos, tanto no setor de produção, quanto nas indústrias que o utilizam como matéria-prima (Viana et al., 2009).

O milho é rico em carboidratos, sendo, portanto, um alimento energético. Também é fonte de óleo e fibras e fornece pequenas quantidades de vitaminas B₁, B₂ e E. No Brasil, o mesmo milho plantado para colheita de grão seco é colhido ainda verde para consumo. Além do milho verde comum, existem variedades denominadas milho-doce, que têm sabor mais adocicado, devido ao maior teor de açúcares (Embrapa Hortaliças, 2012).

2.3.2. O milho-pipoca

Embora a cultura do milho-pipoca no Brasil tenha importância econômica em algumas regiões do país, estatísticas oficiais sobre área plantada, produção e produtividade são escassas. As informações inerentes aos dados mencionados anteriormente tem sido estimada por empresários do setor e veiculadas por órgãos não oficiais. De acordo com tais informações, em 1993, o consumo de milho-pipoca no Brasil era em torno de 30 mil toneladas ao ano, com grande participação do milho importado. Em 1997, o consumo aumentou para cerca de 70 mil toneladas ao ano, sendo 80% embaladas em pacotes plásticos e 20% para indústria de microondas. Em 1998, foram importadas cerca de 61 mil toneladas e a produção nacional estava em torno de 20 mil toneladas. Com o registro de novos híbridos, nacionais e exóticos, houve aumento da produção nacional, diminuindo a importação de grãos substituída pela importação de sementes dos híbridos exóticos (Sawazaki, 2013). Até o início do ano agrícola 2003/04, o consumo nacional de milho-pipoca estava em torno de 80 mil toneladas, sendo que 75% deste mercado correspondiam à importação, especialmente da Argentina (Galvão et al., 2000).

Dados referentes ao milho-pipoca, em 2008, indicam que o maior produtor mundial é os EUA, com 500 mil toneladas ao ano, gerando lucros em torno de US\$ 1,8 bilhão. O mercado americano caracteriza-se pela predominância de milho-pipoca para micro-ondas, a qual representa 68% da produção. O Brasil é o segundo maior produtor do mundo, com uma produção de 80 mil toneladas ao ano, que movimenta aproximadamente 130 milhões de dólares. No entanto, a parte do mercado destinada para micro-ondas representa apenas 13% do total no Brasil. Por isso,

espera-se que a expansão do mercado, no Brasil, seja acompanhada por uma maior proporção de pipoca destinada ao micro-ondas (Teixeira, 2013).

Segundo dados do Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística de Mato Grosso (MT/2013), conforme Carvalho et al. (2013b), a produção de milho-pipoca em 2010 e 2011 foi de 43.403 e 44.475 toneladas, respectivamente. Em 2012, observou-se um aumento importante de 50.498 toneladas, tendo uma produção total de 95.073 toneladas. Em 2013, os produtores de MT têm expectativas de colher algo em torno do dobro do ano anterior, sendo projetada safra em 194.776 de toneladas de grãos. Quanto à área semeada, em 2013, a cultura ocupou 47.379 hectares, muito mais que os 26.256 hectares cultivados no ano anterior. Como resultado, o estado de Mato Grosso tornou-se o principal centro de produção no Brasil, juntamente com o estado do Rio Grande do Sul que também tem área expressiva na produção da cultura, porém, sem dados oficiais do IBGE.

A comercialização dos grãos de milho-pipoca é feita por peso e uma proporção do produto final é vendida pelo volume (pipoca). Dessa forma, a capacidade de expansão (CE) da pipoca é um dos fatores mais importantes quando se faz referência à sua qualidade (Ribeiro et al., 2012). De acordo com a Agrianual (2012), no ano de 2011, o preço médio cobrado pela saca de 30 kg de milho-pipoca foi de R\$ 42,60, o que corresponde a mais que o dobro, o comparado com o preço do milho comum, cujo custo da saca de 60 kg foi de R\$40,00.

A capacidade de expansão (CE) é o termo utilizado na avaliação do valor de uma variedade desse tipo de milho. Quanto maior for a CE, maior valor comercial terá a variedade, pois esta característica está associada com a maciez do milho-pipoca (Zinsly e Machado, 1987). De acordo com normas do Ministério da Agricultura e Abastecimento, que determinam a identidade e qualidade do milho-pipoca, para que esta possa ser comercializada, precisa ter no mínimo um CE de 15 mL mL^{-1} . Para valores abaixo deste, a pipoca apresenta-se muito rígida e com muitos grãos sem estourar. Embora seja considerado limite mínimo para comercialização 15 mL mL^{-1} para CE, as melhores pipocas geralmente apresentam CE acima de 25 mL mL^{-1} (Zinsly e Machado, 1987; Pacheco et al., 1996). A CE pode atingir o índice (ICE) de 45 em cultivares americanas (Alexander, 1988; Sawazaki, 1996), enquanto, no Brasil, Pacheco et al. (1992) trabalharam com amostras de 29 marcas comerciais de pipoca coletadas em todo o país e estimaram um ICE médio de $15,38 \text{ mL mL}^{-1}$, sendo que 50% das marcas comerciais ficaram abaixo dessa

média e a melhor entre as pipocas testadas foi importada da Argentina, que atingiu um ICE de apenas 23,98 mL mL⁻¹. Na atualidade, devido a intensas pesquisas com vistas ao melhoramento da cultura, avanços consideráveis estão sendo alcançados para os valores desta característica, sendo obtidos, por exemplo, para a nova cultivar UENF 14 (CE de 35,69 mL g⁻¹) (Amaral Júnior et al., 2013).

Scapim et al. (2010), com intuito de avaliar e identificar novos compostos desenvolvidos no Brasil, bem como indicar os de maior potencialidade genética para iniciar trabalhos de melhoramento intrapopulacional, obtiveram valores expressivos para CE, no estado do Paraná. Os compostos UEM 2 (30,87 mL g⁻¹), UEM 5 (29,87 mL g⁻¹), UEM 6 (30,33 mL g⁻¹) e UEM 7 (28,16 mL g⁻¹) apresentaram os maiores índices em Umuarama, não diferindo significativamente das testemunhas IAC 112 (28,95 mL g⁻¹), Zélia Original (34,29 mL g⁻¹), BRS Angela (26,41 mL g⁻¹), IAC 125 (33,87 mL g⁻¹) e IAC 1283 (32,29 mL g⁻¹). Em Cidade Gaúcha, os compostos UEM 5 (31,71 mL g⁻¹), UEM 6 (32,50 mL g⁻¹) e UEM 7 (29,95 mL g⁻¹) tiveram comportamento semelhante às testemunhas supracitadas, além do genótipo Viçosa (27,37 mL g⁻¹). Os autores sugerem que os compostos superiores para a referida variável podem ser úteis em programas de melhoramento, uma vez que tendem a alcançar ou até a superar os mesmos níveis de qualidade que os materiais comerciais. Os compostos UEM 5, UEM 6 e UEM 7 apresentaram alta qualidade da pipoca (CE), com valores semelhantes às testemunhas em ambos os locais.

Depois de quase 40 anos da primeira legislação para o milho no país de 1976 (Portaria nº845/1976), entrou em vigor, recentemente, o novo padrão oficial de classificação dos grãos de milho (01 de setembro de 2013). A medida visa a auxiliar produtores e melhoristas em ações pela valorização da cultura no Brasil, pelo seu evidente potencial de produção e pela necessidade de normatização de todo o mercado que envolve a comercialização da pipoca. As principais mudanças consistem na diferenciação do padrão de qualidade do milho-pipoca para o milho comum, uma vez que, anteriormente, havia um padrão único para os dois produtos. A partir das safras 2013/2104, o milho será classificado em grupos (duro, semiduro, dentado e misturado), classes (amarela, branca, cores e misturada) e tipos (I, II, III e fora de tipo), estabelecidos conforme requisitos de qualidade. Além disso, haverá alteração quanto ao percentual mínimo de grãos com as características do grupo para o enquadramento. Os limites máximos de tolerância de grãos mofados, quebrados, carunchados e com presença de impurezas são mais rígidos. Pelas

novas regras oficiais, como exemplo, para o grão ser classificado como milho do “Tipo I”, a cada tonelada poderá haver apenas 6 % de grãos com problemas, enquanto que, na classificação vigente anteriormente de 1976, era permitido até 11% de grãos defeituosos por tonelada (Pimentel, 2011).

2.3.2.1. Milho-pipoca: classificação botânica, histórico e melhoramento genético

O milho-pipoca pertence à espécie *Zea mays* L. ssp. *mays*, da família Poaceae, uma gramínea da subfamília Panicoideae, tribo Maydeae (Goodman e Smith, 1987). O milho-pipoca caracteriza-se por apresentar sementes duras e pequenas que, sob a ação do calor tem a capacidade de “estourarem”, originando a pipoca. Tal característica constitui sua principal diferença para os demais tipos de milhos.

Conforme Zinsly e Machado (1987), a origem do milho-pipoca confunde-se com a dos outros tipos conhecidos de milho. Descobertas arqueológicas indicam, entretanto, que o milho-pipoca teve importante papel no desenvolvimento pré-histórico do milho no continente. Alguns autores mencionam a identificação em Bat Cave, Novo México, de um exemplar com suspeitas de ser o primeiro indício do milho-pipoca, com data estimada em 2500 a.C. Sabe-se que este tipo de milho era utilizado pelos índios americanos antes da vinda de Colombo ao Brasil. A prática de aquecer e estourar o milho, era mais comum entre as tribos da América do Sul e Central, que entre as tribos da América do Norte. Algumas tumbas peruanas pré-históricas mostram utensílios de barro usados para o preparo do milho-pipoca, juntamente com grãos desse tipo de milho.

Várias hipóteses foram propostas acerca da origem e evolução do milho-pipoca, a exemplo de Erwin (1949), que sugeriu que a cultura tenha surgido mais recentemente, originando-se como uma mutação do milho “flint”. Tal hipótese é pouco provável, pois evidências arqueológicas sugerem que a evolução deve ter sido em direção contrária, uma vez que este tipo de milho está entre os mais antigos já identificados (Zinsly e Machado, 1987).

Eberhart (1979) e Zinsly e Machado (1980) concordam que a variedade de milho-pipoca provém do milho tipo duro. Kantety et al. (1995), usando a técnica ISSR (Inter Single Sequence Repeats) em milho-pipoca, avaliaram a divergência

genética entre o milho dentado e o pipoca. Os autores obtiveram média de 54 bandas/iniciador, com mais de 98% de repetição de bandas. Constatou-se absoluta separação entre os tipos de milho dentado e pipoca, assim confirmando as suposições anteriores de que o milho-pipoca tenha sido originado do milho tipo duro.

O milho-pipoca tem como centro de origem a América Latina e apresenta também neste continente o seu maior número de variedades. As variedades de milho-pipoca cultivadas no Brasil apresentam grande variabilidade quanto a caracteres da planta e das espigas. A coloração, a forma e o tamanho dos grãos são também bastante variáveis; quanto à coloração, as brancas e amarelas são as mais comuns, mas também podem ser encontradas colorações rosa, creme, vermelha, roxa, preta, azul entre outras. Podem ser observados diferentes formatos, como redondo, chato e pontudo. Em relação ao tamanho, são, em geral, bastante reduzidas, quando comparadas ao milho comum. Existem variedades com sementes cujo tamanho assemelha-se ao de grãos de arroz e, por outro lado, certas variedades apresentam sementes de tamanho comparável ao das sementes do milho tipo cateto (Zinsly e Machado, 1987; Gama et al., 1990).

Oliveira (2010) estudou a ancestralidade bem como a amplitude genética do milho-pipoca, utilizando marcadores ISSR. Além disso, avaliou a formação de grupos heteróticos e averiguou o efeito da seleção recorrente nas populações UNB-2U C₀, C₁, C₂, C₃ e C₄ (UENFV-Explosiva) de milho-pipoca. Para tanto, foram avaliados 52 acessos, incluindo milho-pipoca, milho comum (diploide e tetraploide), milho dentado, farináceo e doce e os supostos ancestrais do milho comum (*Tripsacum* sp. e teosinte). A técnica ISSR permitiu a separação dos ancestrais dos demais genótipos, o que ratifica a proximidade do teosinte com o milho em geral, quando comparada ao *Tripsacum* sp., e também a possibilidade de separação entre o milho comum e o pipoca, constatando que o *Tripsacum* sp. possui marcas mais comuns ao milho doce e ao milho-pipoca que ao milho comum. Ao considerar apenas milho-pipoca, pelo método de agrupamento UPGMA (método de agrupamento da distância média), obteve-se a formação de cinco grupos e o quarto grupo uniu os acessos brasileiros comerciais IAC-112, IAC-125, UFVM2 Barão Viçosa, RS 20 e Jade, com exceção do BRS Angela e Zélia, evidenciando um estreitamento da base genética e a necessidade de aumentar a diversidade genética nos programas de melhoramento. E, por fim, pela divergência genética da população de milho-pipoca UNB-2U, houve maior afastamento genético entre os ciclos C₀ e C₁

em relação aos C₂, C₃ e UENFV-Explosiva (C₄). Silva et al. (2009), estudando a divergência entre 25 genótipos de milho-pipoca por microssatélites, observaram que a maioria dos acessos agrupados possuía a mesma origem parental. Entretanto, foi possível identificar quatro acessos mais distantes geneticamente e com tal informação sugerir o cruzamento de indivíduos para a formação de grupos heteróticos, com estes acessos.

O milho-pipoca tem como centro de origem a América Latina e apresenta também neste continente o seu maior número de variedades. As variedades de milho-pipoca cultivadas no Brasil apresentam grande variabilidade quanto a caracteres da planta bem como das espigas. A coloração, a forma e o tamanho dos grãos são também bastante variáveis; quanto à coloração, as brancas e amarelas são as mais comuns, mas também podem ser encontradas colorações rosa, creme, vermelha, roxa, preta, azul, entre outras. Podem ser observados diferentes formatos, como redondo, chato e pontudo. Em relação ao tamanho, são, em geral, bastante reduzidas, quando comparadas ao milho comum. Existem variedades com sementes cujo tamanho assemelha-se ao de grãos de arroz e, por outro lado, certas variedades apresentam sementes de tamanho comparável ao das sementes do milho tipo cateto (Zinsly e Machado, 1987; Gama et al., 1990).

De um modo geral, as cultivares de milho pipoca se caracterizam por serem bastante prolíficas, sendo possível encontrar plantas com seis ou mais espigas. Apresentarem plantas de colmo mais fino, com menor número de folhas, com espigas pequenas e que produzem em torno de 50% a menos em relação à produção de um híbrido de milho comum comercial (Zinsly e Machado, 1987; Gama et al., 1990).

A CE é a relação entre o volume de sementes de milho-pipoca e o volume de pipoca, ou seja, $CE = \text{volume de pipoca} / \text{volume de sementes}$ (Zinsly e Machado, 1987). A CE é condicionada por fatores genéticos de herança poligênica, sendo afetada pelo genótipo e pelo ambiente (Alexander e Greech, 1977). A herdabilidade deste caráter é, em geral, alta, variando de 70 a 90 % (Grison, 1951; Clary, 1954). A qualidade do milho-pipoca está condicionada à sua CE (Gama et al., 1990). Segundo Green e Harris (1960), populações com CE menor que 25 mL g⁻¹ é considerada pobre; para Gama et al. (1990), uma boa variedade de milho-pipoca deve ter uma CE acima de 25, ou seja, 1 volume de grãos: 25 volumes de pipocas. Se a CE está entre 25 e 30 ela é considerada como regular. Valores entre 30 e 35

são considerados como bons e populações com CE acima de 35 são classificadas como excelentes (Green e Harris, 1960). Partindo destas considerações, pode-se afirmar que, quanto maior a CE de uma determinada variedade, maior deve ser sua maciez e seu valor comercial (Zinsly e Machado, 1987; Gama et al., 1990). De acordo com Zinsly e Machado (1987), todas as variedades não melhoradas caracterizam-se por apresentar baixa capacidade de expansão (CE), estando esse valor compreendido entre oito e doze.

Quanto ao melhoramento genético do milho-pipoca, todos os métodos de melhoramento aplicáveis ao milho comum podem ser empregados para o milho-pipoca, a exemplo de métodos intra e interpopulacionais, bem como os métodos de obtenção de híbridos. Existem algumas dificuldades adicionais no trabalho do melhorista quando comparado com o milho comum. Desde o início, o melhorista necessita estar consciente de que deve satisfazer tanto o produtor quanto ao consumidor. Ao produtor interessa a produtividade e bons caracteres agrônômicos da variedade. Ao consumidor importa a alta CE que confere à pipoca melhor textura e maciez. No entanto, a CE é negativamente correlacionada com todos os outros caracteres de importância econômica que podem ser resumidos como produtividade (Zinsly e Machado, 1987). Assim, da mesma forma que uma variedade com alta CE produz pouco, grãos grandes também não indicam alta CE (Gama et al., 1990). Entretanto, a CE tem a vantagem de não apresentar efeito de xênia e, assim, havendo um controle na polinização, com marcação das plantas doadoras de pólen, logo após a colheita, as espigas são testadas para CE. Existe, portanto, a possibilidade de se realizar seleção também do lado masculino (Zinsly e Machado, 1987; Gama et al., 1990). O pólen diferente daquele do milho-pipoca não afeta a CE ou a qualidade comestível dos grãos produzidos deste cruzamento. Entretanto, caso se utilize estes grãos para plantio, ocorrerá segregação para tipos de grão normal e pipoca (Newlin et al., 1949).

O melhoramento genético do milho-pipoca é dividido em duas fases: a primeira, semelhante ao milho comum, depende do método empregado, tomando-se cuidado de praticar uma intensidade de seleção menor; na segunda fase, com as espigas ou progênies selecionadas, são realizados os testes de CE, quando então é feita a seleção final das progênies que satisfaçam aos requisitos pré-estipulados. É necessário que o melhorista esteja sempre atento ao fenômeno das correlações negativas existentes. Nos métodos em que são utilizadas autofecundações, a

dificuldade é ainda maior, pois esse tipo de milho parece ser mais sensível à endogamia que o milho comum (Zinsly e Machado, 1987).

O primeiro híbrido comercial de milho-pipoca foi obtido em 1934, em Minnesota, como resultado do cruzamento entre duas linhas puras derivadas do grupo heterótico *Japanese Hulless* (Santacruz-Varela et al., 2004). No Brasil, os trabalhos com o melhoramento da cultura começaram em 1932, pelo Instituto Agrônomo de Campinas (IAC), e, em 1941, ocorreu o primeiro lançamento de uma variedade nacional, proveniente de ciclos de seleção massal na população-base “South American Mushroom” (SAM) utilizada nos Estados Unidos e derivada de “South American”, procedente da América do Sul. No entanto, trabalhos no país foram recomeçados no início da década de 80, provenientes da combinação de linhagens da variedade SAM com linhagens oriundas do híbrido intervarietal Guarani x UFV Amarelo (Sawazaki et al., 2000; Sawazaki, 2001).

2.3.2.2. Capacidade de expansão e rendimento de grãos

A aceitação de um novo genótipo de milho-pipoca pelos agricultores depende de alguns fatores, como boa produtividade, excelente estabilidade no decorrer dos anos e tolerância às principais pragas e doenças. Outro fator de grande relevância para a introdução de novas variedades ou híbridos para a comercialização é a capacidade de expansão (CE), característica esta diretamente relacionada à lucratividade dos agricultores, pois o valor pago pelas indústrias alimentícias ao produtor leva em consideração esta qualidade, sendo o produto mais lucrativo quanto maior for a capacidade de expandir dos grãos submetidos a altas temperaturas.

Para ser comercializada, uma variedade deve ter uma CE acima de 15. Valores abaixo disto indicam um grão muito rígido e com muitos grãos sem estourar (piruás) (Zinsly e Machado, 1987). De acordo com Green e Harris (1960), genótipos com CE menor que 25 mL g^{-1} são considerados “ruins”. Quando esta relação estiver entre 25 e 30 mL g^{-1} , este material pode ser considerado regular e, ainda, genótipos que se destacam pela sua alta CE contêm valores entre 30 e 35 mL g^{-1} e populações com CE superiores a 35 mL g^{-1} são classificadas como excelentes.

Geralmente, o pipocamento inicia-se poucos segundos após a temperatura atingir $180 \text{ }^\circ\text{C}$ (Zinsly e Machado, 1987). Para ocorrer o estouro da pipoca, é

importante que os grãos possuam pericarpo íntegro, uma vez que é essa estrutura que suporta elevada pressão interna na semente até atingir uma temperatura apropriada para expansão da pipoca. Dessa forma, se o pericarpo estiver trincado ou rompido, a pressão ideal poderá não ser atingida e, conseqüentemente, a pipoca não se expandirá totalmente (Luz et al., 2005). Portanto, a determinação e a definição dos melhores teores de umidade são fundamentais para a obtenção de valores seguros de CE.

O teor de umidade para o pipocamento varia em função do tamanho do grão e da cultivar (Jugenheimer, 1976; Zinsly e Machado, 1987). Sawazaki et al. (1986) observaram que a capacidade de expansão variou com o tamanho do grão, atingindo maiores valores nos grãos menores. De modo geral, o melhor teor de umidade está em torno de 12 % (Zinsly e Machado, 1987). Entretanto, Sawazaki et al. (1986) observaram que, para os diversos tamanhos de grãos, o teor de umidade adequado para a máxima expansão da pipoca, na cultivar South American Mushroom, situou-se entre 10,5 e 11,5 %. Luz et al. (2005), verificaram que teores de umidade ótimos para a obtenção da máxima expansão foram de 12,8 % para BRS-Ângela, 13,1 % para IAC-112 e 12,7 % para Zélia. Estes resultados indicam uma ligeira variação entre os genótipos quanto ao melhor teor de umidade, para a obtenção de um índice de CE ótimo para o milho-pipoca.

Sabe-se que a CE é a principal característica do milho-pipoca, seja de origem poligênica ou quantitativa, em germoplasma tropical (Zinsly e Machado, 1987). Esta característica, portanto, é governada por múltiplos genes e muito influenciada pela variação do ambiente (Bespalhok et al., 2012), podendo ser melhorada por seleção (Sawazaki et al., 1986). A eficiência da seleção de uma característica pode ser aumentada com a utilização de caracteres agrônômicos relacionados (Paterniani e Campos, 1999). Entretanto, valores elevados para CE tem-se tornado um entrave no desenvolvimento de novos materiais, pois esta variável tem correlação negativa com o rendimento de grãos (Sawazaki, 1995; Coimbra et al., 2001), fator este que dificulta o ganho simultâneo por seleção destas características por meio do melhoramento populacional (Miranda et al., 2003).

Conforme Scapim et al. (2002), a síntese de compostos tem demonstrado ser uma estratégia eficiente em programas de melhoramento intrapopulacional com a finalidade de obter populações de milho-pipoca de boa produtividade e CE. Neste aspecto, Scapim et al. (2010), ao avaliarem 21 genótipos (híbridos de linhagens,

compostos e sintéticos) cultivados em Umuarama e Cidade Gaúcha, no Noroeste do estado do Paraná, observaram que os compostos UEM 5, UEM 6 e UEM 7 expressaram alta qualidade da pipoca (CE), com valores semelhantes às testemunhas em ambos os locais. Além disso, estes compostos revelaram potencial satisfatório tanto para CE quanto para RG, quando avaliados em Umuarama, PR.

Öz e Kapar (2011), em um experimento conduzido durante os anos 2006, 2007 e 2008, na província de Samsun, na Turquia, avaliaram 18 novos genótipos híbridos e quatro cultivares comerciais de milho-pipoca e encontraram variações significativas para todas as características dos genótipos. Na média, a produtividade de grãos de genótipos variou 3.535 a 5.399 kg ha⁻¹ e o volume de pipocamento variou 38,2 a 46,5 cm³ g⁻¹. Os resultados indicaram que os híbridos simples (TCM-05-01, TCM-05-02, TCM-05-03, TCM-05-04, TCM-05-05 TCM-05-06, TCM-05-09, a TCM-05-10 e TCM-05-12) tiveram alta produtividade de grãos e características de qualidade superiores às cultivares comerciais. TCM-05-07 foi selecionado por apresentar baixa porcentagem de sementes não estouradas e alto volume de pipocamento.

A literatura trata de alguns trabalhos neste aspecto, sendo estes realizados na tentativa de obter genótipos de milho-pipoca superiores, especialmente para CE e RG, a exemplo de Ximenes et al. (1995) que, ao analisarem 19 genótipos de milho-pipoca, não observaram nenhuma correlação entre a CE com outras características. A produção de grãos apresentou uma correlação positiva com o peso das espigas, índice de espigas, altura de plantas, altura de espigas e florescimento feminino.

Coimbra et al. (2001), trabalhando com progênies oriundas da população DFT1-Ribeirão, obtida de cruzamentos de compostos indígenas com cultivares comerciais, observaram variabilidade genética aditiva na maioria dos caracteres de interesse agrônomo, elevada produtividade e CE acima do mínimo exigido para comercialização. Além disso, esta variável apresentou correlação negativa com todas as características avaliadas. A herdabilidade para CE apresentou alta magnitude (60,97 %).

Pereira e Amaral Junior (2001), ao avaliarem famílias de meio-irmãos e de irmãos completos derivados de uma população de milho-pipoca de polinização aberta, obtiveram estimativas de herdabilidade no sentido restrito para CE, encontrando porcentagens elevadas (82,72 %), enquanto obtiveram percentuais

baixos para RG (17,85 %). Estes resultados revelam expressivos ganhos genéticos em programas de seleção para a característica CE. Coimbra et al. (2002) com o intuito de verificar o potencial das populações derivadas do milho-pipoca DFT1-Ribeirão, 121 famílias de meio-irmãos desta população foram avaliadas. Foi observado que as estimativas de herdabilidade em sentido restrito são 67,84 % e 60,97 % para RG e CE, respectivamente. A variância genética aditiva foi significativa para a maioria dos caracteres avaliados, incluindo a produtividade e CE.

Carpentieri-Pípolo et al. (2002), ao avaliarem nove genótipos de milho-pipoca, constataram que a CE apresentou correlação fenotípica positiva com o tamanho da pipoca e com o número de grãos por volume e correlação negativa com massa de grãos por planta. Os caracteres massa de grãos por planta e peso total da espiga revelaram correlações fenotípicas e genotípicas positivas entre si. De acordo com os autores, esta observação permite a utilização de um ou outro na seleção, optando-se pelo que melhor convier aos propósitos do programa de melhoramento.

Broccoli e Burak (2004), trabalhando com 14 híbridos de milho-pipoca, em três locais e durante dois anos, em Buenos Aires, Argentina, encontraram uma correlação negativa fraca entre RG e CE ($r = -0,16^*$), sugerindo que essa relação pode não ser muito forte nestes híbridos modernos. Os pesquisadores observaram que grãos arredondados mostraram CE mais elevada, mas esta característica foi negativamente correlacionada à produtividade e, portanto, não é recomendado como critério de seleção. O índice prolificidade relacionou-se positivamente com o RG ($0,32^*$), mas não com CE. Daros et al. (2004a) quantificaram as correlações fenotípica, genotípica e de ambiente entre caracteres agrônômicos, em dois ciclos de seleção recorrente. O primeiro ciclo formado por famílias de irmãos completos e o segundo ciclo por famílias S_1 . Apesar de não significativa, em ambos os ciclos, houve correlação genotípica negativa entre CE e RG.

Em experimentos realizados por Paula (2009), trabalhando com dez genótipos de milho-pipoca em três ambientes do Rio de Janeiro, foi detectada correlação positiva e significativa (aproximadamente 0,30) entre as características produtividade de grãos e CE. As variações observadas em relação ao valor da correlação entre RG e CE indicam que o melhoramento destes caracteres é mais fácil em algumas populações de milho-pipoca que em outras (Coimbra et al., 2001).

2.4. Índices de seleção

A seleção simultânea de um conjunto de caracteres de importância econômica está entre as mais indicadas formas para a obtenção de sucesso em qualquer programa de melhoramento genético. Neste aspecto, o emprego da teoria de índices de seleção parece ser uma alternativa eficiente, pois permite ao melhorista combinar múltiplas informações inerentes das unidades experimentais em análise, possibilitando realizar a seleção com base em um conjunto de características que reúnam vários atributos de interesse. Em termos gerais, o índice de seleção constitui-se num caráter adicional, estabelecido pela combinação ótima de vários caracteres que contribui para a eficiência da seleção simultânea de características múltiplas (Cruz et al., 2004; Bueno et al., 2006).

Os índices de seleção, de acordo com Rangel (2009), podem ser considerados muito úteis no melhoramento de culturas como no milho-pipoca. Dentre os índices utilizados no melhoramento por meio da seleção recorrente no milho-pipoca, que visa a aumentar continuamente a frequência dos alelos favoráveis por meio dos sucessivos ciclos de seleção (Paterniani e Miranda Filho, 1987), podem ser citados os propostos por: Smith (1936) e Hazel (1943), Williams (1962), Mulamba e Mock (1978), Cunningham et al. (1970) e Tallis (1962).

2.4.1. Índice proposto por Smith (1936) e Hazel (1943) – Índice clássico

Referem-se à combinação linear de vários caracteres de importância econômica, cujos coeficientes de ponderação são estimados de modo a maximizar a correlação entre o índice e o agregado genotípico. Este agregado é estabelecido por outra combinação linear, envolvendo os valores genéticos, ponderados por seus respectivos pesos ou valores econômicos, considerando o índice (I) e o agregado genotípico (H), descritos como segue (Cruz et al., 2004):

$$I = b_1x_1 + b_2x_2 + \dots + b_nx_n = \sum_{i=1}^n b_i x_i = b'x$$
$$H = a_1g_1 + a_2g_2 + \dots + a_ng_n = \sum_{i=1}^n a_i g_i = a'g$$

Em que:

n = número de caracteres avaliados;

g' = matriz de dimensão pxn de valores genéticos desconhecidos dos n caracteres considerados;

x' = matriz de dimensão pxn de valores ou médias dos caracteres;

a = vetor de dimensão $nx1$ de pesos econômicos previamente estabelecidos;

b = vetor de dimensão $nx1$ dos coeficientes de ponderação do índice, a serem estimados; e

p = número de famílias ou progênes avaliadas.

Sejam também:

P = matriz de dimensão nxn de covariâncias fenotípicas entre os caracteres;

G = matriz de dimensão nxn de covariâncias genéticas entre os caracteres

(Cruz et al., 2004).

Variância do índice:

$$\sigma_I^2 = b'Pb$$

Variância do agregado genotípico:

$$\sigma_H^2 = a'Ga$$

Covariância entre I e H :

$$\sigma_{IH} = b'c$$

Correlação entre I e H :

$$\rho_{IH} = \rho = \frac{b'Ga}{\sqrt{(b'Pb)(a'Ga)}}$$

O vetor b é estimado de forma que a correlação entre I e H (ρ) seja maximizada. Entretanto, o estimador de b pode ser obtido mais facilmente pela maximização da função:

$$\omega = \log_e(\rho) = \log_e(b'Ga) - \frac{1}{2} [\log_e(b'Pb) + \log_e(a'Ga)]$$

Assim, obtém-se:

$$P\hat{b} = Ga \frac{\hat{b}'P\hat{b}}{\hat{b}'Ga}$$

Para objetivos mais práticos, o escalar $\frac{\hat{b}'P\hat{b}}{\hat{b}'Ga}$ pode ser desconsiderado sem afetar a proporcionalidade dos coeficientes b' s. Dessa maneira, tem-se:

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

Quando \hat{b} é assim estimado, verificam-se as seguintes igualdades:

$$C\hat{\sigma}v(H,I) = \hat{V}(I)$$

$$\text{Logo, } \hat{b}'P\hat{b} = \hat{b}'Ga$$

$$\hat{\beta}_{HI} = C\hat{\sigma}v(H,I)/\hat{V}(I) = 1$$

$$r_{HI} = \sqrt{\hat{V}(I)/\hat{V}(H)}$$

De acordo com Cruz et al. (2004), a estimação dos índices autênticos é dependente da disponibilidade de matrizes de variâncias e covariâncias genéticas e fenotípicas bem estimadas e de pesos econômicos, relativos aos vários caracteres, bem estabelecidos. A limitação do uso do índice de seleção é a inexperiência de muitos melhoristas no estabelecimento dos pesos econômicos relativos aos vários caracteres.

Smith (1936) e Hazel (1943) desenvolveram procedimentos que maximizem o ganho de um índice composto de várias características, quando os parâmetros populacionais requeridos forem conhecidos sem erros (Smith et al., 1981). Conforme Rangel (2009), o índice Smith (1936) foi proposto nos programas de melhoramento de plantas como critério para selecionar, de forma simultânea, duas ou mais características correlacionadas. Hazel (1943) utilizou este procedimento para populações animais e expressou as matrizes paramétricas e de estimativas em combinações fisiológicas significativas de seus elementos (Williams, 1962; Bueno et al., 2006).

2.4.2. Índice base proposto por Williams (1962)

O índice base foi proposto com a finalidade de evitar a interferência de imprecisões das matrizes de covariâncias fenotípicas e genotípicas na estimação dos coeficientes que constituem o índice. É estabelecido mediante a combinação linear dos valores fenotípicos, médias dos caracteres, ponderados diretamente pelos seus respectivos pesos econômicos. Portanto, não apresenta nenhum fundamento teórico. Tem-se, algebricamente:

$$I_b = a_1x_1 + a_2x_2 + \dots + a_nx_n = a'x.$$

Em que x e a são vetores $n \times 1$ cujos elementos são as médias e os pesos econômicos dos caracteres estudados respectivamente.

O índice de Williams, embora sem fundamento teórico, tem boa aceitação pelos melhoristas, uma vez que dispensa as estimativas de variâncias e

covariâncias fenotípicas e genotípicas e tem revelado resultado satisfatório quando utilizado como critério de seleção em vários trabalhos de pesquisa. O índice de Williams (1962) será equivalente ao índice clássico proposto por Smith (1936) e Hazel (1943) quando as variâncias e covariâncias fenotípicas (genética + ambiental) forem determinadas predominantemente por causas genéticas e, assim, $P^{-1}G = I$ (matriz identidade), de tal forma que $b = P^{-1}Ga = a$ (Cruz et al., 2004).

2.4.3. Índice proposto por Tallis (1962)

Tallis (1962) propôs um índice que permitiu progressos para níveis ótimos preestabelecidos em determinadas características (Itoh e Yamada, 1987). Deriva de um índice para produzir mudanças nas médias dos valores genotípicos das características que são proporcionais às mudanças desejadas em uma direção específica e, assim, introduziu a ideia de restrições proporcionais (Niebel e Van Vleck, 1983). Barbosa e Pinto (1998) discorrem que devido à dificuldade em estabelecer pesos econômicos, Tallis (1962) propôs um índice com base nos ganhos desejados.

2.4.4. Índice Pesek e Baker (1969) ou índice com base nos ganhos desejados

Pesek e Baker (1969) propuseram um índice em que estes pesos poderiam ser substituídos pelos ganhos desejados pelo melhorista para cada característica, os quais, segundo estes autores, são de mais fácil determinação. Para se usar a modificação proposta, necessitam-se da média dos genótipos e das matrizes de variância e covariância genotípica e fenotípica. Assim, é possível calcular os coeficientes dos índices sem designar pesos econômicos. Dessa forma, o índice obtido resultará em um ganho máximo para cada característica, de acordo com a importância relativa assumida pelo melhorista na especificação do ganho desejado, sujeito às restrições impostas pela constituição fenotípica e genotípica da população (Cruz et al., 2004; Freitas Júnior et al., 2009).

2.4.5. Índice proposto por Cunningham et al. (1970)

De acordo com Cunningham et al. (1970), Kempthorne e Nordskog (1959) atribuíram restrições sobre os índices de seleção, propondo que as equações de

índices usuais devem ser resolvidas em condições simultâneas, de modo que a covariância entre o índice e uma função linear dos genótipos envolvidos seja zero, evitando, assim, que a seleção do índice cause qualquer alteração genética nesta função. Tallis (1962) difundiu tal ideia igualando a covariância a uma constante pré-determinada, de modo a produzir uma resposta graduada na função de genótipos.

Rao (1962) sugeriu métodos para calcular um índice com a finalidade de melhorar uma característica, porém, sugeriu que as mudanças nas outras características seriam de sinal especificado. James (1968) mostrou como restrições podem ser aplicadas simultaneamente nos resultados genéticos de seleção e sobre os fatores de ponderação do índice. Em todos os casos, as equações que transportam as restrições foram eliminadas na resolução dos fatores de ponderação de índice. Existem algumas vantagens na retenção das equações de restrição explicitamente no sistema.

Partindo destas considerações, o trabalho de Cunningham et al. (1970) baseou-se na demonstração e discussão dos usos práticos deste tipo de índice de seleção restrito. Lin (1985) e Lin (2005) e Cunningham et al. (1970) apresentaram uma versão simplificada, derivando um índice com restrição zero a partir do método original de Kempthorne e Nordskog (1959).

2.4.6. Índice proposto por Subandi (1973)

O índice multiplicativo de Subandi et al. (1973) é dado por:

$$I = y_1^{k_1} y_2^{k_2} \dots y_n^{k_n}$$

Em que:

y_j = valor da média da característica j ;

$k_j = 1$, se for considerada a relação direta com a variável; e

$k_j = -1$, se for considerada a relação inversa do índice com a variável

(Moraes Neto, 2008).

O índice multiplicativo foi utilizado por Crosbie et al. (1980) e Compton e Lonquist (1982).

2.4.7. Índice proposto por Mulamba e Mock (1978) ou índice com base em soma de postos (ou “Ranks”)

O índice proposto por Mulamba e Mock (1978) Consiste em classificar os materiais genotípicos em relação a cada um dos caracteres, em ordem favorável ao melhoramento. Ao serem classificados, são somadas as ordens de cada material genético referente a cada característica, o que resulta em uma medida adicional, tomada como índice de seleção (Cruz et al., 2004). As características deste método são os valores fenotípicos substituídos pelo ranking. Trata-se de um método não paramétrico e é ideal para se avaliar doenças. Para os vários caracteres são dados pesos iguais, ou seja, todas as características são consideradas de mesma importância. De acordo com Barbosa e Pinto (1998), Mulamba e Mock (1978), propuseram um índice para eliminar a necessidade de estabelecer pesos econômicos e estimar variâncias e covariâncias.

2.4.8. Aplicações dos índices de seleção no melhoramento do milho-pipoca

Vilarinho et al. (2003) estudaram o comportamento de 100 progênes S_1 e 225 progênes S_2 , obtidas da população de milho-pipoca Beija-Flor, as quais foram testadas quanto à produção e à capacidade de expansão. Foram aplicados os critérios de seleção, por meio dos índices de Smith (1936) e Hazel (1943), Williams (1962), Pesek e Baker (1969), Mulamba e Mock (1978) e por fim, a seleção com base no índice proposto por Elston (1963). Os autores constataram a eficiência dos índices de seleção na identificação de famílias superiores em qualidade e produção, simultaneamente, sendo, portanto, indicados como uma ferramenta útil na obtenção de ganhos simultâneos em duas ou mais características, embora sejam correlacionados negativamente. A estratégia de seleção recomendada para a seleção das 30 famílias S_1 superiores baseou-se no índice de Mulamba e Mock, com peso 1 para produção e 2 para CE. Foi predito ganho de 2,04 mL g⁻¹ e o ganho realizado foi 1,56 mL g⁻¹. O ganho realizado em produção foi 133 kg ha⁻¹, superior ao ganho predito (68 kg ha⁻¹), sendo, portanto, esta a estratégia de seleção recomendada para a seleção das 30 famílias S_1 superiores. O critério de seleção mais adequado para a seleção das 60 famílias S_2 superiores baseou-se no índice de Mulamba e Mock com pesos iguais para produção e CE, uma vez que o ganho

predito em CE foi de 1,02 mL g⁻¹ e o ganho realizado foi de 2,52 mL g⁻¹. Com relação à produção, o ganho predito foi de 27,2 kg ha⁻¹ e o ganho realizado foi 72,4 kg ha⁻¹.

Freitas Júnior et al. (2009), buscando estimar a predição de ganhos por índices de seleção no ciclo C₄ de UNB-2U, avaliaram 200 famílias de irmãos-completos, obtidas a partir da população de terceiro ciclo de seleção recorrente. Os índices de seleção empregados para predizer os ganhos foram os de Mulamba e Mock (1978), Pesek e Baker (1969), Smith (1936) e Hazel (1943) e Williams (1962). O índice de seleção Mulamba e Mock (1978) produziu os maiores ganhos preditos, de 10,55 % para capacidade de expansão e 8,50 % para produção, além de ganhos negativos para as características espigas doentes, espigas atacadas por pragas, altura de plantas, altura média da inserção da espiga superior, plantas quebradas, plantas acamadas e espigas mal empalhadas. Assim, a estratégia de seleção recomendada para a seleção das 30 famílias de irmãos-completos, superiores para constituírem o quarto ciclo de seleção recorrente superiores, deve se basear no índice de Mulamba e Mock (1978), utilizando-se, como pesos econômicos, os pesos arbitrários.

Amaral Júnior et al. (2010) também evidenciaram que os resultados obtidos com o índice de Mulamba e Mock foram os que proporcionaram os ganhos maiores para CE e RG, comparados a outros índices (Smith e Hazel), com valores de 10,55 e 8,50 %, respectivamente, com base em pesos aleatórios atribuídos por tentativas.

Rangel et al. (2011), com a finalidade de selecionar progênies superiores para a efetiva concentração de alelos favoráveis em uma população de quinto ciclo de seleção recorrente intrapopulacional, em famílias de irmãos-completos de milho pipoca, avaliaram 200 famílias quanto a seis características agronômicas, incluindo rendimento de grãos (RG) e capacidade de expansão (CE), sendo as predições dos ganhos por seleção obtidas pelos índices de Mulamba e Mock (1978) e de Smith (1936) e Hazel (1943). Constataram que a utilização de índices de seleção permitiu a predição de ganhos simultâneos nas duas principais características, CE e RG, sendo que a seleção das famílias superiores, realizada com base no índice de Mulambae Mock (1978), produziu os maiores ganhos preditos: 6,01 % para CE e 8,53 % para RG.

Santos et al. (2007), com o objetivo de selecionar progênies na população de terceiro ciclo de seleção recorrente intrapopulacional (UNB-2U/UENF-14), em famílias de meio-irmãos, utilizaram os índices de seleção Smith e Hazel, Pesek e

Baker, Williams e Mulamba e Mock. Perceberam, assim como em trabalhos citados anteriormente, que o índice de Mulamba e Mock foi o que propiciou as magnitudes mais elevadas de ganhos preditos para a maioria das características, incluindo CE e RG, com valores respectivos de 7,6 % e 10 %, com pesos arbitrários atribuídos por tentativas.

Ribeiro et al. (2012), ao analisarem o sexto ciclo de seleção recorrente da população UENF-14, observaram que o índice de Mulamba e Mock foi o que proporcionou melhores ganhos para CE e RG, sendo possível selecionar por este índice progênies superiores, com valores de 10,97 % e 15,30 %, respectivamente, usando pesos econômicos aleatórios.

Avaliando famílias de irmãos completos do sétimo ciclo de seleção recorrente e estimando o progresso genético para RG e CE, da UENF-14, Freitas (2013) constatou que, dentre os índices testados, o índice proposto por Mulamba e Mock foi o que proporcionou os melhores resultados para a seleção das famílias de irmãos completos. Os índices obtidos atingiram valores de 5,11 % e 7,78%, respectivamente, para RG e CE, utilizando pesos econômicos aleatórios.

3. MATERIAL E MÉTODOS

3.1. Delineamento experimental e coleta de dados

Foram utilizadas, neste trabalho, quatro gerações segregantes (ciclos de seleção recorrente C_0 , C_1 , C_2 e C_3) dos compostos de milho-pipoca *UEM-Co1* e *UEM-Co2*. *UEM-Co1* é um composto de grãos amarelos, formados por polinização aberta entre 17 genótipos de milho-pipoca, enquanto o composto *UEM-Co2* apresenta grãos brancos. É formado a partir de 12 genótipos de pipoca.

Os ciclos de seleção dos compostos *UEM-Co1* e *UEM-Co2* foram conduzidos e avaliados no distrito de Iguatemi, município de Maringá, estado do Paraná, classificado como um ambiente tropical, a 23°21' de latitude sul, 52°04' de longitude oeste e 510 m de altitude, relevo de formas levemente onduladas, com solo classificado como latossolo vermelho distroférico (Embrapa, 2006).

Cento e sessenta e nove famílias de meio-irmãos foram testadas em um látice quadrado de 13 x 13, contendo duas repetições para cada ciclo de seleção dos compostos. As unidades experimentais constituíram-se de uma única linha, com 5 metros de comprimento, espaçadas em 0,9 metros, com um total de 25 plantas por parcela. Os experimentos foram realizados nos anos de 2005 a 2008, em duas épocas de semeadura, concentrada de setembro a outubro, e outra época de janeiro a fevereiro. As adubações de base e cobertura foram realizadas conforme necessidade constatada por meio da análise de solo, sendo aplicados 30 kg ha⁻¹ de N, 65 kg ha⁻¹ de P₂O₅ e 65 kg ha⁻¹ K₂O. Nas plantas, que estavam no estágio fenológico V₄, foi aplicada adubação nitrogenada, na proporção de 100 kg ha⁻¹. Todo o restante dos tratamentos culturais utilizados foi de acordo com as recomendações técnicas para o cultivo de milho no sul do Brasil.

As famílias de meio-irmãos foram avaliadas para as características de rendimento de grãos (RG) e capacidade de expansão (CE), a cada ciclo de seleção e compostos. Os RG foram obtidos por meio da pesagem da quantidade de grãos produzida na parcela. As CE foram determinadas, utilizando uma amostra de 30g de grãos retirados da porção intermediária das espigas, com umidade de 13 %. As amostras dos grãos retirados foram estouradas durante 2,5 minutos a 270 °C, usando uma pipoqueira elétrica. As melhores famílias foram selecionadas e

recombinadas de acordo com o método entre e dentro de famílias de meio-irmãos (Patermiani, 1967).

3.2. Análise dos dados

As ANOVAs foram realizadas a cada ciclo de seleção e compostos. As análises intrablocos foram realizadas de acordo com o seguinte modelo látice:

$$Y_{ijk} = m + g_i + b/r_{kj} + r_j + E_{ijk}.$$

Em que:

Y_{ijk} = observação de cada família de meio-irmãos i^{th} , localizados no bloco k^{th} em j^{th} repetição;

m = média do experimento;

g_i = efeito de cada família de meio-irmãos;

b/r_{kj} = efeito do k^{th} bloco, localizado em j^{th} repetição;

r_j = efeito da r^{th} repetição do experimento;

E_{ijk} = erro experimental associado ao Y_{ijk} ;

g_i e b/r_{kj} foram ajustados na análise de variância.

O efeito de famílias de meio-irmãos (g_i) foi considerado como efeito aleatório. A herdabilidade e variabilidade (CVg) foram estimadas a partir das esperanças dos quadrados médios da análise de variância.

Para todos os ciclos de seleção e compostos, foram estimados os ganhos genéticos para RG e CE, usando os índices de seleção e a seleção truncada. Os índices utilizados foram os seguintes: i) Smith (1936) e Hazel (1943) (Índice clássico); ii) Williams (1962); iii) Mulamba e Mock (1978); iv) Cunningham et al. (1970); v) Tallis (1962); vi) Pesek e Baker (1969) e vii) Subandi et al. (1973). É importante salientar que as metodologias propostas por Tallis (1962) e Cunningham et al. (1970) são de índices restritos, ao contrário dos demais utilizados no presente estudo. Para os índices i, ii, iii, iv e v, três conjuntos de pesos econômicos foram empregados, a saber: a) CVg para ambas as características, b) 350 para CE e 1 para RG e c) 1 para ambas as características avaliadas. A intensidade de seleção utilizada para a realização do trabalho foi de 20 % selecionando, portanto, 34 de 169 famílias.

Para o processamento dos dados, todos os pressupostos básicos da análise de variância foram atendidos para a continuidade dos estudos. Todas as análises estatísticas foram realizadas com o auxílio do programa computacional Genes (Cruz, 2006).

3.3. Desenvolvimento da estatística C_i

A estatística C_i foi desenvolvida com a finalidade de comparar os índices de seleção na maximização e equilíbrio de ganhos genéticos para RG e CE. Esta estatística leva em consideração a proximidade entre o ganho genético para cada característica de um conjunto, estimado por um índice, e o ganho genético máximo possível para essas características na população estudada. Sugere-se que o ganho genético máximo seja medido utilizando a seleção truncada.

O valor de C_i deve ser calculado a cada índice de seleção testado. O índice de seleção mais adequado é representado pelo menor valor de C_i e indica que este é eficiente e permite ganhos genéticos bons, a partir de múltiplas características baseadas em condições específicas das populações. Isso ocorre porque, em cada característica, os ganhos genéticos de um índice são subtraídos dos ganhos genéticos máximos, tarefa realizada no início do cálculo. A utilização de um ganho máximo possível é o ponto chave da estatística C_i .

A estatística C_i (QUEM?) permite a introdução no cálculo, o peso das possibilidades de melhoramento de uma determinada população. Desta forma, o maior dos ganhos genéticos máximos de uma característica é o que tem melhor possibilidade de melhoramento na população. No entanto, os melhores índices de seleção devem estimar grandes ganhos genéticos a partir desta característica. Se o contrário ocorrer, o C_i atesta isso, exibindo valores maiores. Caso contrário, quando o ganho genético da seleção truncada for reduzido para uma característica, a proximidade entre o ganho máximo e o ganho estimado por um índice não é tão importante em termo de aumento sobre o valor de C_i . Neste sentido, a estatística C_i , permite a identificação do índice de seleção que melhor se encaixa com as possibilidades de melhoramento e limitações de cada população, ou seja, este índice é capaz de proporcionar ganhos genéticos elevados e balanceados para as características avaliadas.

A expressão geral para calcular o C_i é:

$$C_i = \sum_{j=1}^J \frac{(GG_{ij} - GGts_j)^2}{2 |GGts_j|}$$

Em que:

GG_{ij} = é o ganho genético estimado pelo i^{th} índice de seleção para a j^{th} característica;

$GGts_j$ = é o ganho genético máximo possível para j^{th} característica, estimada pela seleção truncada. Se a seleção truncada não for possível ser estimada, $GGts_j$ pode ser representada pelo ganho genético máximo para j^{th} característica, ao longo do i^{th} índices de seleção.

Para os quatro ciclos de seleção dos dois compostos, foram estimados os ganhos genéticos pela intensidade de seleção de 20 %. Em seguida, a estatística C_i foi empregada.

3.4. Desenvolvimento da estatística F_i

Foram avaliadas duas populações de milho-pipoca (*Zea mays* L.), constituídos de dois ciclos de seleção (ciclos C_0 e C_1) para ambos os compostos, *UEM-Co1* e *UEM-Co2*.

Após a obtenção das médias para cada ciclo de seleção, foi aplicada a estatística F_i , como segue:

$$F_i = \sum_{j=1}^J 1000 \times \left(\frac{(Y_{ij} - Y_{selj})^2 \times \left(\frac{(Y_{ij} - Y_{selj})}{|Y_{ij} - Y_{selj}| + 1/1000000} \times \text{DirSel} \right)}{2 Y_{.j}^2} \right) \times \text{ImpRel}_j$$

Em que:

Y_{ij} = é a média da família i^{th} para a característica j^{th} ;

Y_{selj} = é o valor médio das famílias que seriam selecionadas por seleção direta em j^{th} características, para a taxa de seleção específica;

$Y_{.j}$ = é a média geral para a característica j^{th} ;

DirSel= é a direção da seleção (1 para características de interesse em elevação, como exemplo, para o RG e, -1 para características com interesse de redução, como, por exemplo, altura de plantas);

ImpRel = é a importância relativa para a j^{th} característica em estudo, variando entre 0,01 a 0,99, sendo que sua soma deve sempre ser igual a 1. Nesta pesquisa, foram usadas duas condições de importância relativa, de 0,5 para CE e RG; 0,70 e 0,30, respectivamente, para CE e RG.

Sobre o uso da estatística F_i como índice de seleção, valores elevados são desejáveis. Situações em que o valor genético da característica é positivo indicam que as famílias são superiores às médias das demais famílias, que seriam selecionadas por seleção direta. Caso contrário, as famílias que contêm um baixo valor genético apresentam F_i altamente negativo. Nesta nova proposta, os valores genéticos médios das famílias, que seriam selecionados por seleção direta, representam as possibilidades de melhoramento das populações. Portanto, quanto maiores as possibilidades de melhoramento de cada característica, maiores são as restrições impostas para as famílias que não conseguem atingir este nível de valor genético. Além disso, o índice proposto tem a importância relativa das características com um valor de entrada específico para cada característica no cálculo. Este valor da entrada deve variar de 0,01 a 0,99, definido para cada característica, conforme sua importância determinada pelo pesquisador. Conforme mencionado anteriormente, a soma dos valores dos pesos escolhidos para cada característica deve ser igual a um, por exemplo: i) 0,50 para CE e RG; ii) para um estudo com as características RG, altura de plantas e teor de óleo, 0,65, 0,25 e 0,10, respectivamente.

Para classificar as famílias de meio-irmãos a partir dos valores de F_i , atribuiu-se as seguintes considerações para as interpretações: $F_i = 0$, genótipos encontram-se na média dos selecionados; $F_i < 0$ significa que genótipos são inferiores geneticamente à média dos selecionados; e $F_i > 0$, significa que genótipos são superiores geneticamente à média dos selecionados.

4. RESULTADOS E DISCUSSÃO

No Quadro 1, encontram-se os valores médios, mínimos e máximos das 169 famílias de meio-irmãos para as características rendimento de grãos (RG) e capacidade de expansão (CE). Observou-se que, de maneira geral, houve um aumento nos resultados médios para as principais características de interesse no melhoramento do milho-pipoca, no decorrer dos ciclos de seleção.

Quadro 1 - Valores médios, médios e mínimos de famílias de meio-irmãos para rendimento de grãos (RG) e capacidade de expansão (CE) dos compostos UEM-Co1 e UEM-Co2, em quatro ciclos de seleção recorrente no período de 2005 a 2008

Estimativas	CE (mL g ⁻¹)				RG (kg ha ⁻¹)			
	C ₀ *	C ₁	C ₂	C ₃	C ₀	C ₁	C ₂	C ₃
UEM-Co1								
Máximo	38	39	40	41	2.913	3.274	3.289	3.650
Mínimo	18	20	20	24	1.088	1.286	1.298	1.491
Média geral	30	31	31	32	1.967	2.166	2.147	2.346
UEM-Co2								
Máximo	31	38	43	42	3.093	3.763	4.393	4.357
Mínimo	11	17	21	26	1.349	1.738	1.863	2.267
Média geral	23	28	33	34	2.176	2.631	2.871	3.098

*C₀, C₁, C₂ e C₃, correspondem aos ciclos de seleção recorrente, 0, 1, 2 e 3, respectivamente.

Observa-se ainda que os valores médios de CE para UEM-Co1 variaram de 30 a 32 mL g⁻¹, enquanto para a UEM-Co2 houve variação entre 23 e 34 mL g⁻¹ (Quadro 1), valores considerados de bons a excelentes, de acordo com Galvão et al. (2000). Para o RG, as médias para UEM-Co1 foram de 1.967 a 2.346 kg ha⁻¹, enquanto para UEM-Co2 houve variação entre 2.176 a 3.098 kg ha⁻¹. Observa-se um incremento na produtividade ao longo dos ciclos de seleção, sendo que os valores obtidos no presente trabalho assemelham-se, principalmente para UEM-Co2 (Quadro 1) aos relatados por Miranda et al. (2003), destacando os genótipos CMS 43, IAC 112, Viçosa e CMS 42 com rendimentos superiores a 3.000 kg ha⁻¹. Valores expressivos de produção também foram encontrados por Vieira et al. (2009), que obtiveram 3.200,8 kg ha⁻¹, para um híbrido C x K, sendo este superior aos genótipos comerciais BRS Ângela e Jade.

Houve diferenças significativas para as fontes de variação, a 5 % de probabilidade, para todos os ciclos de seleção e compostos, para ambas as

características estudadas (Quadro 2). Em termos gerais, nota-se que houve maior variabilidade genética para população UEM-Co2, fator este que contribuiu para a obtenção de ganhos relativamente superiores, em relação a UEM-Co1, no decorrer dos ciclos de seleção (Quadros 1 e 2). A presença de variabilidade genética suficiente possibilita a obtenção de bons resultados com a seleção (Silva et al., 2001).

Quadro 2 - Análise de variância (ANOVA) para capacidade de expansão (CE) e rendimento de grãos (RG) em duas populações de milho-pipoca, sob quatro ciclos de dois compostos de milho-pipoca, no período de 2005 a 2008

Fonte de variação	GL	Quadrados médios							
		CE (mL g ⁻¹)				RG (kg ha ⁻¹)			
		C ₀	C ₁	C ₂	C ₃	C ₀	C ₁	C ₂	C ₃
<i>UEM-Co1</i>									
Famílias	168	27,3*	22,3*	19,2*	17,6*	1,90 ^{E+5*}	1,67 ^{E+5*}	1,70 ^{E+5*}	1,98 ^{E+5*}
Bloco/Repetições	24	9,5	10,8	30,4	58,8	0,89 ^{E+5}	1,26 ^{E+5}	4,29 ^{E+5}	4,12 ^{E+5}
Repetições	1	18,9	10,0	4,5	84,5	2,52 ^{E+5}	7,34 ^{E+6}	5,62 ^{E+6}	1,22 ^{E+6}
Erro	144	9,9	10,3	11,9	14,2	7,00 ^{E+4}	9,70 ^{E+4}	1,09 ^{E+5}	8,40 ^{E+4}
CVg		9,96	8,02	6,11	4,04	12,48	8,58	8,16	10,17
Herdabilidade		0,638	0,540	0,379	0,193	0,634	0,415	0,361	0,576
<i>UEM-Co2</i>									
Famílias	168	31,2*	26,0*	22,7*	17,6*	1,98 ^{E+5*}	1,70 ^{E+5*}	1,42 ^{E+6*}	1,97 ^{E+5*}
Blocos/Repetições	24	11,3	5,5	15,7	52,5	0,96 ^{E+5}	1,22 ^{E+5}	4,83 ^{E+5}	4,22 ^{E+5}
Repetições	1	0,1	1,1	4,3	3,6	0,73 ^{E+5}	1,70 ^{E+5}	3,42 ^{E+4}	1,96 ^{E+5}
Erro	144	7,7	6,2	9,0	14,2	6,00 ^{E+4}	9,84 ^{E+4}	8,31 ^{E+4}	8,78 ^{E+4}
CVg		15,04	11,10	7,87	3,86	12,06	7,20	12,54	7,53
Herdabilidade		0,750	0,762	0,606	0,194	0,697	0,422	0,757	0,554

*Significativo a 5 % de probabilidade. C₀, C₁, C₂ e C₃ correspondem aos ciclos de seleção recorrente, 0, 1, 2 e 3, respectivamente.

No Quadro 2, para UEM-Co1, o CVg para CE oscilou entre 4,04 % e 9,96 % e para RG, de 8,16 % a 12,48 %. Quanto à herdabilidade, nota-se variação para CE, de 0,193 a 0,638 e para RG de 0,361 a 0,634. Para UEM-Co2, observou-se uma variação de CVg para CE de 3,86 a 15,04 % e para a produtividade de 7,20 a 12,54 %. Em relação à herdabilidade, para a CE, foi encontrado valores oscilando entre

0,194 e 0,762 e para RG entre 0,422 e 0,757. Santos et al. (2008) encontraram valores de herdabilidade de 0,684 para CE e de 0,507 para RG, valores estes considerados próximos aos obtidos no presente estudo, para alguns dos ciclos de seleção.

Foram observadas diferentes condições de variabilidade (CVg) e herdabilidade ao longo dos ciclos de seleção, tanto para os compostos quanto para as características mais importantes do milho-pipoca. Para a característica CE, constatou-se alta herdabilidade para UEM-Co1, ciclo C₀; e para UEM-Co2, ciclos C₀, C₁ e C₂, os quais apresentaram valores médios de 0,690. Estes resultados corroboram os encontrados por Coimbra et al. (2001) e Pereira e Amaral Júnior (2001), que obtiveram uma herdabilidade de alta magnitude, 0,6097 e 0,8272, respectivamente, para esta variável.

Ainda para CE, foi encontrada baixa herdabilidade (0,327) para UEM-Co1, nos ciclos C₁, C₂ e C₃ e somente no ciclo C₃ para UEM-Co2 (Quadro 2). Condição de elevada variabilidade (CVg de 11 %) ocorreu nos ciclos C₀ e C₁ para UEM-Co1 e também para UEM-Co2 e de baixa variabilidade (CVg de 5,5%) foi encontrado nos ciclos C₂ e C₃ para ambos os compostos avaliados (Quadro 2).

Verificou-se alta herdabilidade para a produção de grãos, uma vez que a média obtida para UEM-Co1, nos ciclos C₀ e C₃, e para UEM-Co2, nos ciclos C₀ e C₂, foi de 0,666. No entanto, observou-se baixa herdabilidade (na média obteve-se 0,438), para alguns ciclos de seleção, em ambos os compostos, sendo isso verificado para UEM-Co1, em seus ciclos C₁ e C₂, e para UEM-Co2, nos ciclos C₁ e C₃ (Quadro 2). Herdabilidade de baixa magnitude também foi encontrada por Pereira e Amaral Júnior (2001), que obtiveram 0,1785 também avaliando famílias de meio-irmãos de milho-pipoca.

Quanto à variabilidade obtida no presente experimento, observou-se percentual elevado para RG, na UEM-Co1, em seus ciclos C₀ e C₃, e para UEM-Co2 isso ocorreu para os ciclos C₀ e C₂, obtendo-se 11,8 % (CVg) na média dos quatro ciclos de seleção. Condição de baixa variabilidade (CVg de 7,9 %) foi encontrada para RG, no composto UEM-Co1, ciclos C₁ e C₂, e para UEM-Co2, ciclos C₁ e C₃ (Quadro 2).

É importante salientar que, no presente trabalho, foram avaliadas 169 famílias de meio-irmãos, em quatro ciclos de seleção recorrente e dois compostos. Conforme mencionado anteriormente, foram obtidos valores elevados de

herdabilidade para ambos os genótipos e características avaliadas, em determinados ciclos de seleção. Assim, foi possível selecionar compostos que apresentam elevadas herdabilidades para ambas as características: para o composto UEM-Co1, o ciclo C_0 apresentou herdabilidade de 0,638 para CE e 0,634 para RG. Para o composto UEM-Co2, notou-se para os ciclos C_0 e C_2 , herdabilidade de 0,754 e 0,606 para CE e para RG 0,697 e 0,757, respectivamente.

Elevadas magnitudes de herdabilidade também foram encontradas por Pacheco et al. (1998) que, ao avaliarem duas populações de famílias de meio-irmãos de milho-pipoca, obtiveram valores de herdabilidade para CE de 0,6 para ambas as populações (CMS-42 e CMS-43). Da mesma maneira, Coimbra et al. (2002) observaram valores interessantes para a herdabilidade: 0,687 e 0,609 para RG e CE, respectivamente.

Os resultados referentes à seleção truncada, com intensidade de seleção de 20 %, para os compostos UEM-Co1 e UEM-Co2, encontram-se nos Quadros 3 e 4. Observa-se que, para ambos os compostos, houve ganhos genéticos positivos para a grande maioria dos ciclos de seleção, a partir da seleção truncada.

Para o composto UEM-Co1, foram encontrados ganhos mais expressivos para RG no ciclo C_0 e C_3 , enquanto que, para CE, valores mais representativos foram alcançados nos ciclos C_0 e C_1 . Pode-se observar que os maiores ganhos para CE e RG estão no 1º ciclo de seleção (C_0) (Quadro 3). No Quadro 4, para UEM-Co2, ao basear-se na seleção truncada, verificaram-se maiores ganhos genéticos para os ciclos C_2 (16,5 %) e C_0 (14,1 %) para RG. Valores superiores foram encontrados para os ciclos C_0 e C_1 , 18,2 % e 13,6 %, respectivamente, para CE.

Estes resultados indicam que, para ambas as populações e características, a seleção truncada apresentou maior eficiência no ciclo C_0 , sugerindo que tal ocorrência é devido à maior variabilidade genética e herdabilidade encontradas neste ciclo (Quadro 2). Assim como no presente trabalho, ganhos genéticos positivos pela seleção truncada também foram obtidos por Daros et al. (2002), sendo estes 10,39 % e 4,69 % para CE e RG, respectivamente. Vilarinho et al. (2002) também obtiveram ganhos preditos quando utilizaram seleção direta para CE na seleção de 30 progênies S_1 para melhoramento intrapopulacional da população de milho pipoca Beija-Flor, sendo obtidos 1,08 mL g⁻¹ para CE e 13 kg ha⁻¹ em produção.

Quadro 3 - Ganhos genéticos estimados por índices de seleção e seleção truncada para rendimento de grãos (RG) e capacidade de expansão (CE), em quatro ciclos de milho-pipoca de grãos amarelos do composto UEM-Co1

Índices de seleção e seleção truncada [†]	Estimativas de ganhos genéticos							
	C ₀		C ₁		C ₂		C ₃	
	RG	CE	RG	CE	RG	CE	RG	CE
Truncada para RG	14,2	1,9	7,9	2,1	7,1	0,4	11,3	0,1
Truncada para CE	-0,1	11,1	0,9	8,0	-0,8	5,3	-0,9	2,4
SH _{CVg}	14,1	1,0	7,9	2,2	6,9	-1,3	11,1	-0,3
SH _{350,1}	4,2	10,8	3,0	7,7	1,7	5,1	8,2	2,0
SH _{1,1}	14,1	1,0	7,9	2,2	6,9	-1,3	11,1	-0,3
W _{CVg}	14,2	1,9	7,9	2,1	7,1	0,4	11,3	0,1
W _{350,1}	5,7	9,8	3,6	7,8	2,6	5,0	5,4	2,3
W _{1,1}	14,2	1,9	7,9	2,1	7,1	0,4	11,3	0,1
MM _{CVg}	11,5	6,9	6,1	5,5	5,2	3,8	10,0	1,4
MM _{350,1}	2,0	10,3	0,9	8,0	0,2	5,2	0,1	2,4
MM _{1,1}	9,9	7,9	6,0	5,5	5,0	3,9	8,2	1,8
Cunn _{CVg}	13,4	4,9	7,4	4,2	1,7	5,1	11,2	0,5
Cunn _{350,1}	10,3	2,0	-0,4	7,8	6,9	2,0	1,9	2,4
Cunn _{1,1}	13,0	5,6	7,4	4,2	6,9	2,0	10,8	1,1
Tallis _{CVg}	10,9	7,7	6,5	5,7	5,3	3,9	7,2	2,1
Tallis _{350,1}	10,9	7,7	6,5	5,7	5,3	3,9	7,2	2,1
Tallis _{1,1}	10,9	7,7	6,5	5,7	5,3	3,9	7,2	2,1
PB _{1-DPG}	10,9	7,3	6,5	5,7	5,3	3,9	7,2	2,1
Sub	11,7	6,9	6,7	5,5	5,6	3,7	9,6	1,6

[†]SH_{CVg}, SH_{350,1}, SH_{1,1}: índices baseados em Smith (1936) e Hazel (1943); W_{CVg}, W_{350,1}, W_{1,1}: índices de Williams (1962); MM_{CVg}, MM_{350,1}, MM_{1,1}: índices baseados na soma de "ranks" de Mulamba e Mock (1978); Cunn_{CVg}, Cunn_{350,1}, Cunn_{1,1}: índice restrito de Cunningham et al. (1970); Tallis_{CVg}, Tallis_{350,1}, Tallis_{1,1}: índice de seleção restrito de Tallis (1962); PB_{1-DPG}: índice baseado em Pesek e Baker (1969) usando o desvio padrão genético como ganho genético desejado; Sub: índice multiplicativo de Subandi et al. (1973); foram testados os pesos econômicos, CVg, 350, para CE e 1, para RG, e 1 para ambos (RG e CE).

Quanto aos índices de seleção (Smith, 1936, Hazel, 1943, Williams, 1962), para os dois compostos (Quadros 3 e 4), nota-se que estes índices não permitiram a obtenção de ganhos equilibrados para ambas as características. Quanto aos resultados encontrados no presente estudo sobre o índice de Williams (1962), estes corroboram os obtidos por Granate et al. (2002), que não verificaram nenhum dado significativo utilizando este índice em suas progênes.

Resultados discrepantes foram encontrados por Daros et al. (2004b), os quais puderam selecionar famílias superiores pelo índice clássico de Smith e Hazel, com ganhos genéticos preditos de 17,8 % para CE e de 26,95 % para RG. Tais resultados se assemelham aos encontrados por Granate et al. (2002), que observaram que este índice permitiu a predição de ganhos superiores em maior

número de caracteres. Os ganhos percentuais conjuntos para RG e CE foram de 9,14 %. Este fato contraria os resultados encontrados no presente trabalho, no qual o índice encontrado não foi satisfatório para a predição de ganhos genéticos das duas principais características almeçadas por melhoristas de milho-pipoca (Quadros 3 e 4).

Quadro 4 - Ganhos genéticos estimados por índices de seleção e seleção truncada para rendimento de grãos (RG) e capacidade de expansão (CE), em quatro ciclos de milho-pipoca de grãos amarelos do composto *UEM-Co2*

Índices de seleção e seleção truncada [†]	Estimativas de ganhos genéticos							
	C ₀		C ₁		C ₂		C ₃	
	RG	CE	RG	CE	RG	CE	RG	CE
Truncada para RG	14,1	2,7	6,7	4,2	16,5	2,4	8,0	-0,1
Truncada para CE	0,2	18,2	0,2	13,6	1,4	8,6	-0,1	2,3
SH _{CVg}	14,1	2,4	6,7	4,6	16,5	2,4	7,8	-0,5
SH _{350,1}	4,0	16,3	0,9	13,5	11,5	7,3	4,2	2,1
SH _{1,1}	14,1	2,4	6,7	4,6	16,5	2,4	7,8	-0,5
W _{CVg}	14,1	3,0	6,7	4,2	16,5	2,4	8,0	0,2
W _{350,1}	4,0	16,3	2,4	13,0	10,3	7,6	3,7	2,2
W _{1,1}	14,1	3,0	6,7	4,2	16,5	2,4	8,0	0,2
MM _{CVg}	10,0	12,4	4,6	10,9	14,2	6,0	7,1	1,4
MM _{350,1}	0,9	16,4	0,2	13,6	8,2	4,1	-0,1	2,3
MM _{1,1}	10,7	11,9	5,1	9,7	12,9	6,5	5,5	1,8
Cunn _{CVg}	11,8	10,6	5,7	9,3	15,8	4,3	8,0	0,6
Cunn _{350,1}	0,6	16,4	-0,4	13,4	4,1	8,2	2,3	2,3
Cunn _{1,1}	12,8	9,1	6,1	7,9	14,7	5,8	7,8	1,0
Tallis _{CVg}	11,3	11,4	5,9	8,6	12,8	6,9	5,0	2,0
Tallis _{350,1}	11,3	11,4	5,9	8,6	12,8	6,9	5,0	2,0
Tallis _{1,1}	11,3	11,4	5,9	8,6	12,8	6,9	5,0	2,0
PB _{1-DPG}	11,3	11,4	5,9	8,6	12,3	6,9	5,0	2,0
Sub	10,1	12,7	5,2	10,1	14,7	5,8	6,7	1,6

[†]SH_{CVg}, SH_{350,1}, SH_{1,1}: índices baseados em Smith (1936) e Hazel (1943); W_{CVg}, W_{350,1}, W_{1,1}: índices de Williams (1962); MM_{CVg}, MM_{350,1}, MM_{1,1}: índices baseados na soma de "ranks" de Mulamba e Mock (1978); Cunn_{CVg}, Cunn_{350,1}, Cunn_{1,1}: índice restrito de Cunningham et al. (1970); Tallis_{CVg}, Tallis_{350,1}, Tallis_{1,1}: índice de seleção restrito de Tallis (1962); PB_{1-DPG}: índice baseado em Pesek e Baker (1969) usando o desvio padrão genético como ganho genético desejado; Sub: índice multiplicativo de Subandi et al. (1973). Foram testados os pesos econômicos CVg, 350, para CE e 1, para RG, e 1 para ambos (RG e CE).

De maneira geral, ao utilizar os índices de Tallis (1962) para todos os pesos econômicos e o índice Pesek e Baker (1969) (desvio padrão genético como ganho desejado), foi observado que os dois compostos apresentaram ganhos genéticos balanceados para RG e CE, com exceção do ciclo C₃, sendo obtidos ganhos de 7,2% para RG e de 2,1 % para CE, para *UEM-Co1* (Quadro 3). Verificou-se, no ciclo

C₂, ganhos genéticos de 12,8 % e 6,9 % para RG e CE, respectivamente, para *UEM-Co2* (Quadro 4).

Outros índices de seleção, a exemplo de Mulamba e Mock, também apresentaram ganhos balanceados para alguns ciclos de seleção, em ambos os compostos. Isso ocorreu utilizando-se como pesos econômicos MM_{Cvg} e $MM_{1,1}$, para o ciclo C₁, no composto *UEM-Co1* (Quadro 3) e para *UEM-Co2*, no ciclo C₀ (Quadro 4). Estes resultados corroboram aos encontrados por Santos et al. (2007), com pesos arbitrários atribuídos por tentativas que, utilizando o índice de Mulamba e Mock, verificaram as magnitudes mais elevadas de ganhos preditos para a maioria das características, incluindo CE e RG, com valores respectivos de 7,6 % e 10 % para a população UNB-2U, no terceiro ciclo de seleção recorrente.

Freitas Júnior et al. (2009), trabalhando com o mesmo índice, na população UENF-14, ciclo C₄, utilizando famílias de irmãos completos, observaram progressos genéticos de 8,5 % para CE e 10,55 % para RG. Rangel et al. (2011), trabalhando com a mesma população, no ciclo C₅, obtiveram ganhos de 8,53 % e 6,01% para RG e CE, respectivamente.

Ribeiro et al. (2012), no ciclo de seleção C₆, também trabalhando com UENF-14, verificaram que este índice permitiu seleção de progênies superiores, com valores de 10,97 % (CE) e 15,30 % (RG), com base nos pesos econômicos aleatórios. Este índice também foi recomendado por Vilarinho et al. (2003), para a seleção de 30 famílias S₁ superiores, com pesos 1 para produção e 2 para CE. Foi predito ganho de 2,04 mL g⁻¹ e o ganho realizado foi 1,56 mL g⁻¹ enquanto que, para a produção, o ganho foi 133 kg ha⁻¹, superior ao ganho predito (68 kg ha⁻¹).

Outros trabalhos baseados na soma de *ranks* de Mulamba e Mock revelaram-se mais adequados na seleção de progênies. Este índice promoveu distribuição de ganhos equilibrados, para Rosado et al. (2012), os quais constataram que tal metodologia de seleção foi vantajosa em maracujazeiro, pois contribui para maiores ganhos totais para os caracteres avaliados.

Diferentemente dos resultados encontrados no presente trabalho com milho-pipoca, Neves et al. (2011), trabalhando com maracujazeiro, obtiveram resultados satisfatórios utilizando os índices Smith e Hazel e Williams. Entretanto, estes mesmos autores também observaram eficácia no uso dos índices de seleção Pesek e Baker e Mulamba e Mock, pois estes igualmente proporcionaram ganhos totais satisfatórios a partir das análises genotípicas e fenotípicas em maracujazeiro-

amarelo, da mesma maneira que os resultados observados no presente estudo. Os demais índices de seleção aplicados para os compostos *UEM-Co1* e *UEM-Co2* nos diferentes ciclos de seleção não permitiram a obtenção de ganhos genéticos que favorecessem às duas características, RG e CE.

A correlação negativa entre RG e CE encontrada por Coimbra et al. (2001), Broccoli e Burak (2004) e Daros et al. (2004a) são exemplos clássicos da dificuldade na obtenção de genótipos de milho-pipoca que integrem ganhos genéticos para as RG e CE. Contudo, isso pode ser melhorado pela utilização de índices de seleção, cuja eficácia estatística sobrepõe à correlação negativa e permite a seleção de progênies produtivas e com elevada qualidade da pipocamento dos grãos em programas de seleção recorrente (Freitas et al., 2009). Neste aspecto, os índices empregados no presente trabalho foram promissores quanto à obtenção de ganhos desejados para as populações testadas. Destaca-se o índice de Tallis na aquisição de valores mais homogêneos para ambas as características e para os dois compostos.

Ao aplicar a estatística C_i para escolher os melhores índices de seleção, observou-se que a metodologia proposta por Subandi foi a que apresentou menores valores de C_i , para ambos os compostos: *UEM-Co1* (2,16) e *UEM-Co2* (2,78). Os resultados obtidos para a estatística C_i encontram-se no Quadro 5.

O segundo melhor índice foi Mulamba e Mock, quando utilizado como peso econômico o CVg, sendo obtidos valores de C_i , 2,40 e 2,90 para *UEM-Co1* e *UEM-Co2*, respectivamente. Isso indica que os índices Subandi e Mulamba e Mock apresentam bons resultados na obtenção de ganhos genéticos elevados e balanceados tanto para CE e quanto para RG (Quadro 5).

Nos Quadros 3 e 4, podem ser observados os ganhos genéticos obtidos para os diferentes índices de seleção, compostos e seus respectivos ciclos de seleção recorrente. Para o índice Subandi, considerado o melhor índice de seleção pela estatística C_i , os ganhos genéticos obtidos para RG variaram de 5,6 % a 11,7 % enquanto para CE observou-se variação de 1,6% a 6,9%, no composto *UEM-Co1*, do ciclo C_0 ao C_3 . Quanto à *UEM-Co2*, observam-se ganhos genéticos variando de 5,2% a 14,7 % para RG enquanto para CE os valores oscilaram de 1,6% a 12,7%. Ganhos genéticos superiores também foram encontrados em outras culturas por meio deste índice de seleção, a exemplo de Bhering et al. (2012) que, ao trabalharem com o pinhão-manso (*Jatropha curcas* L.), observaram que o índice

Subandi foi o mais efetivo na distribuição dos ganhos para todas as variáveis, permitindo aumento do ganho total em 81,43% e, portanto, considerada a melhor estratégia de seleção para a espécie. Pedrozo et al. (2009) também constataram que em todas as populações em que aplicou o índice multiplicativo de Subandi, este proporcionou os maiores ganhos, atingindo 24,77%, 22,15% e 48,02% para as três populações de primeira geração clonal de cana-de-açúcar.

Quadro 5 - Estatísticas C_i calculadas para comparar ganhos genéticos estimados por índices de seleção, em duas populações de milho-pipoca

Índices	C_i^\dagger		Média
	<i>UEM-Co1</i>	<i>UEM-Co2</i>	
	RG-CE	RG-CE	
SH_{CVg}	12,33	13,78	13,05
$SH_{350,1}$	7,57	7,99	7,78
$SH_{1,1}$	12,33	13,78	13,05
W_{CVg}	9,36	12,79	11,07
$W_{350,1}$	6,77	7,49	7,13
$W_{1,1}$	9,36	12,79	11,07
MM_{CVg}	2,40	2,90	2,65
$MM_{350,1}$	17,28	16,79	17,03
$MM_{1,1}$	2,73	3,34	3,03
$Cunn_{CVg}$	5,48	4,25	4,86
$Cunn_{350,1}$	13,57	17,01	15,29
$Cunn_{1,1}$	3,72	4,48	4,10
$Tallis_{CVg}$	2,53	3,68	3,10
$Tallis_{350,1}$	2,53	3,68	3,10
$Tallis_{1,1}$	2,53	3,68	3,10
PB_{1-DPG}	2,66	3,80	3,23
Sub	2,16	2,78	2,47

[†]Valores menores de C_i indicam que os índices de seleção estimam ganhos genéticos altos e consistentes para as características RG e CE.

Para o índice de Mulamba e Mock_(CVg), em relação a RG foi verificado variação nos ganhos genéticos entre os ciclos de 5,2 % a 11,5 %, enquanto para CE foi observada variação de 1,4 % a 6,9 % para o composto *UEM-Co1*. Para o composto *UEM-Co2*, houve variação para o RG, entre os ciclos de 4,6 e 14,2 %, e para a CE a oscilação genética foi de 1,4 a 12,4 % (Quadros 3 e 4). Cunha et al. (2010), utilizando pesos arbitrários, também obtiveram resultados promissores com o índice de seleção Mulamba e Mock, sendo este índice o que proporcionou os melhores resultados para a seleção de famílias de irmãos completos do 12º ciclo de seleção recorrente em milho, com ganhos satisfatórios para peso de espiga e peso

de grãos 9,59% e 9,58 %, respectivamente. Na seleção de progênies superiores de milho-pipoca, o índice de Mulamba e Mock proporcionou ganhos para CE e RG, com valores de 5,11 % e 7,78 %, respectivamente, igualmente utilizando pesos econômicos aleatórios. Outros trabalhos destacam este índice como sendo o mais indicado para a seleção de características como CE e RG, a exemplo de Vilarinho et al. (2002), Vilarinho et al. (2003), Santos et al. (2007), Freitas Júnior et al. (2009), Rangel et al. (2011), Ribeiro et al. (2012) e Freitas (2013).

Além destas informações que identificam os menores valores de C_i em cada índice, para ambos os compostos estudados no presente trabalho foram identificados valores de C_i um pouco maiores. Apesar disto, também são considerados ideais para os objetivos deste estudo. Desta forma, ao analisar os compostos individualmente, algumas considerações podem ser indicadas. Para o composto *UEM-Co1*, percebe-se que os menores valores de C_i foram evidenciados para os índices, Tallis_{CVg}, Tallis_{350,1} e Tallis_{1,1} (2,53 para todos os pesos econômicos para este índice), seguidos de PB_{1-DPg} (2,66) e de MM_{1,1} (2,73). Quanto ao comportamento dos valores de C_i para o composto *UEM-Co2*, nota-se que os índices MM_{1,1}, Tallis_{CVg}, Tallis_{350,1}, Tallis_{1,1} e PB_{1-DPg} também apresentaram valores interessantes de C_i , sendo obtidos 3,34, 3,68 (para todos os pesos econômicos do índice Tallis) e por fim, 3,80 para PB_{1-DPg} (Quadro 5).

Bhering et al. (2012) constataram que os melhores índices para a seleção de plantas foram os multiplicativos e restritivos. A utilização de índices de seleção é relevante para maximizar os ganhos genéticos em pinhão-manso e favorece uma melhor distribuição de características desejáveis. No presente estudo, constatou-se que, dentre os melhores índices de seleção para RG e CE em milho-pipoca, Subandi (multiplicativo) e Tallis (restrito) também foram considerados interessantes e permitiram ganhos genéticos consideráveis à cultura no decorrer dos ciclos de seleção.

Utilizando o índice Pesek e Baker (1969), considerando o desvio padrão genotípico como peso econômico, Freitas Junior et al. (2009) constataram ganhos simultâneos preditos de 7,99 % para RG e 10,75 % para CE, na avaliação de 200 famílias de irmãos completos do ciclo C_4 da população UENF-14. No presente trabalho, foram obtidos ganhos com este índice para *UEM-Co1*, variando de 5,3 % a 10,9 % para RG e 2,1 % a 7,3 % para CE, do ciclo C_0 ao C_3 . Em relação à *UEM-Co2*, para RG, houve ganhos genéticos de 5,0 % a 12,3 %, enquanto para a CE, a

variação de ganhos foi de 2,0 % a 11,4 % do ciclo C₀ ao C₃. Tais ganhos basearam-se no peso econômico, um desvio padrão genético (1-Dpg). Foi observado ainda que, para ambos os compostos, houve uma pequena variação entre as duas características avaliadas (CE e RG), quando utilizado o índice de seleção de Tallis para todos os pesos econômicos adotados. Os ganhos genéticos obtidos para ambos os compostos e diferentes índices de seleção encontram-se nos Quadros 3 e 4.

Tais resultados confirmam que o uso destes índices com os respectivos pesos econômicos são úteis em programas de melhoramento de milho-pipoca, podendo estimar ganhos elevados e balanceados em características que se correlacionam negativamente, como é o caso do RG e CE.

No Quadro 6, encontram-se os valores fenotípicos para CE e RG dos dois compostos de milho-pipoca, em dois ciclos de seleção recorrente, C₀ e C₁. Observa-se que houve um incremento nas duas variáveis quando aplicada a seleção. Constatações semelhantes foram observadas por Rangel et al. (2011), que encontraram variabilidade genética a ser explorada em ciclos futuros, em uma população de quinto ciclo de seleção recorrente intrapopulacional em famílias de irmãos-completos de milho-pipoca, incluindo as características do presente trabalho.

Quadro 6 - Valores máximos médios e mínimos de capacidade de expansão (CE) e rendimento de grãos (RG) em dois compostos de milho-pipoca *UEM-Co1* e *UEM-Co2*, em dois ciclos de seleção recorrente

Famílias	CE (mL g ⁻¹)		RG (kg ha ⁻¹)	
	C ₀ *	C ₁	C ₀	C ₁
<i>UEM-Co1</i>				
Máximo	38	39	2.913	3.274
Mínimo	18	20	1.088	1.286
Média	30	31	1.967	2.167
<i>UEM-Co2</i>				
Máximo	31	38	3.093	3.763
Mínimo	11	17	1.349	1.739
Média	23	29	2.176	2.631

*C₀ e C₁ representam os ciclos de seleção recorrente, 0 e 1, respectivamente.

Ao analisar os resultados do Quadro 7, verificou-se diferença significativa, a 5% de probabilidade, entre as 169 famílias, para ambos os compostos, nos dois ciclos de seleção estudados (C₀ e C₁). Nota-se, também, elevados percentuais de herdabilidade para as características em estudo, sendo possível obter ganhos no

decorrer dos ciclos de seleção. Para *UEM-Co1*, verificou-se as maiores porcentagens de herdabilidade para o ciclo C_0 : 63,8 % para CE e 63,4 % para RG. Percentuais menores foram encontrados no ciclo C_1 , para ambas as variáveis (54,0% e 41,5 % para CE e RG, respectivamente). Para *UEM-Co2*, constatou-se valores expressivos de herdabilidade, no ciclo C_0 , para ambas as variáveis, sendo encontrados porcentagens de 75,4 e 69,7 %, respectivamente, para CE e RG. Diferentemente dos resultados obtidos para *UEM-Co1*, para CE, no ciclo C_1 , foi observado maior percentual de herdabilidade, 76,2 %, e, para RG, no composto *UEM-Co2*, 42,2 %. Arnold et al. (2009) constataram que a CE apresentou valores mais elevados comparativamente ao RG, o que corrobora, em parte, os resultados obtidos no presente estudo, pelo fato de terem sido encontrados percentuais reduzidos do ciclo C_0 ao C_1 , para RG, nos dois compostos.

Quadro 7 - Análise de variância (Anova) para capacidade de expansão (CE) e rendimento de grãos (RG) em duas populações de milho-pipoca sob dois ciclos de seleção e dois compostos de milho-pipoca

Fontes de variação	GL	Quadrados médios			
		CE (mL g ⁻¹)		RG (kg ha ⁻¹)	
		C_0	C_1	C_0	C_1
<i>UEM-Co1</i>					
Famílias	168	27,30*	22,30*	1,90 ^{E+5*}	1,67 ^{E+5*}
Bloco/Repetições	24	9,50	10,80	0,89 ^{E+5}	1,26 ^{E+5}
Repetições	1	18,90	10,00	2,52 ^{E+5}	7,34 ^{E+6}
Erro	144	9,90	10,30	7,00 ^{E+4}	9,70 ^{E+4}
CVg		9,96	8,02	12,48	8,58
Herdabilidade		0,638	0,540	0,634	0,415
<i>UEM-Co2</i>					
Famílias	168	31,20*	26,0*	1,98 ^{E+5*}	1,70 ^{E+5*}
Blocos/Repetições	24	11,30	5,50	0,96 ^{E+5}	1,22 ^{E+5}
Repetições	1	0,10	1,10	0,73 ^{E+5}	1,70 ^{E+5}
Erro	144	7,70	6,20	6,00 ^{E+4}	9,84 ^{E+4}
CVg		15,04	11,10	12,06	7,20
Herdabilidade		0,750	0,762	0,697	0,422

*Significativo a 5 % de probabilidade. * C_0 e C_1 , correspondem aos ciclos de seleção recorrente, 0 e 1, respectivamente.

Os valores de CE obtidos nesta pesquisa são comparáveis aos encontrados por Pacheco et al. (1998) (60 %) e Coimbra et al. (2001) (61 %). Faria et al. (2008) obtiveram 60,48 e 45,69 % em pipoqueira de ar quente e metric weight volume tester, respectivamente, para híbridos $S_0 \times S_0$ e 20,40 % para híbridos $S_1 \times S_1$ em

pipoqueira de ar quente. Arnold et al. (2009) verificaram percentagens maiores para CE em relação ao RG em três locais, sendo obtidos percentuais de 74, 85 e 67 %, para CE, e de 62, 53, e 48 % para RG. O comportamento distinto observado para as duas principais variáveis do milho-pipoca denota que a capacidade de expansão é uma característica menos influenciada pelo ambiente e pelos desvios de dominância quando comparada ao rendimento de grãos, o que pode acarretar maior associação entre desempenho *per si* e em cruzamento (Arnold et al., 2009).

No Quadro 8, encontram-se os valores médios referentes às 169 famílias de meio-irmãos de milho-pipoca e a média das famílias selecionadas pela seleção truncada a uma intensidade de seleção de 20 % (34 famílias). Embora os valores obtidos sejam elevados para ambas as características, a estratégia de seleção direta não é eficiente para o melhoramento em que os objetivos sejam a obtenção de ganhos genéticos satisfatórios simultâneos para várias características, como é o caso da CE e RG, que se correlacionam negativamente (Pacheco et al., 1998; Carpentieri-Pípolo et al., 2002; Daros et al., 2004a; Faria et al., 2008). Esta é uma condição indesejável para o melhoramento do milho-pipoca, pois estes são caracteres fundamentais para uma aceitação de novos materiais, tanto pelos agricultores quanto pelo consumidor final. Tal afirmação corrobora Scapim et al. (2002), ao mencionarem que, para o agricultor, interessa produtividade elevada e os demais atributos de boa população de milho normal; ao consumidor, alta capacidade de expansão (CE), que confere à pipoca melhor textura e maciez.

Quadro 8 – Médias das 169 famílias de meio-irmãos de milho-pipoca e médias das famílias selecionadas pela seleção direta, para CE e RG

População	CE ⁺	RG ⁺	CE ⁺⁺	RG ⁺⁺
<i>UEM-Co1/Ciclo C₀</i>	30	1.967	34	2.406
<i>UEM-Co1/Ciclo C₁</i>	30	2.166	35	2.577
<i>UEM-Co2/Ciclo C₀</i>	23	2.176	28	2.614
<i>UEM-Co2/Ciclo C₁</i>	28	2.631	33	3.050

⁺média geral das famílias de meio-irmãos; ⁺⁺média das famílias selecionadas pela seleção direta para uma intensidade de seleção de 20 %. CE e RG foram expressos em mL g⁻¹ ekg ha⁻¹, respectivamente.

No Quadro 9, encontram-se os valores da estatística F_i para as 169 famílias do composto *UEM-Co1*, ciclo C₀, para os dois valores de importância relativa (IR): 0,5 para ambas as características e 0,7 e 0,3 para CE e RG, respectivamente.

Ao observar os valores de F_i para a população *UEM-Co1*, ciclo C_0 , com a importância relativa de 0,5 para ambas as características, observa-se que sete famílias das 169 avaliadas apresentaram valores de F_i positivos. Isso indica, de forma geral, que essas famílias são superiores à média das famílias selecionadas pela seleção direta (Quadro 8) para ambas as características (Quadro 9).

Levando em consideração a importância relativa igual para ambas as variáveis, nota-se que a família 36 apresentou o maior valor de F_i , com 14,25. Esta família destaca-se também quando considerada a importância relativa de 0,7 para CE e 0,3 para RG, sendo obtidos 6,63 para o valor de F_i . O resultado de F_i (Quadro 9) foi reduzido quando se atribuiu maior importância para CE, pois esta se encontra com valor abaixo da média dos selecionados pela seleção direta (Quadro 8) (média da família é 32 mL g^{-1} e da seleção direta, 34 mL g^{-1}); porém, o valor de F_i não é negativo, pois tal característica encontra-se ancorada pelo RG (2.913 kg ha^{-1}), pois nesta família esta variável apresentou valor superior à média dos selecionados pela seleção direta (2.406 kg ha^{-1}) (Quadro 8).

Observa-se, por outro lado, que, para a família 72, houve um aumento do valor de F_i (Quadro 9) quando utilizado importância relativa de 0,7 para CE e 0,3 para RG. Isso pode ser explicado, pois esta família apresenta valores elevados de CE (38 mL g^{-1}) e de RG (2.318 kg ha^{-1}) muito próximos do valor da média dos selecionados pela seleção truncada, sendo observado valor para RG, 2.318 kg ha^{-1} na família e na seleção direta, 2.406 kg ha^{-1} (Quadro 8).

Com o uso da estatística F_i foi possível a identificação de famílias promissoras para ambas as características de interesse, de forma simultânea, diferentemente da seleção truncada, em que tal inferência é feita apenas sobre variáveis independentemente. Esta constatação pode ser extrapolada para os dois compostos e ciclos de seleção (Quadros 9, 10, 11 e 12).

As informações obtidas a partir da estatística F_i são valiosas ao melhorista, pois permite a indicação de famílias com melhores características para prosseguirem nos programas de melhoramento de milho-pipoca.

No Quadro 10, podem ser observados os valores relacionados às estatísticas F_i das 169 famílias de meio-irmãos para o composto *UEM-Co1*, ciclo C_1 , para os dois valores de importância relativa (IR), 0,5 para ambas as características e 0,7 e 0,3 para CE e RG, respectivamente.

Quadro 9 - Estatísticas F_i das 169 famílias de meio-irmãos, na população *UEM-Co1*, ciclo C_0 , para os dois valores de importância relativa (IR)

Famílias	Características		IR	
	CE (mL g^{-1})	RG (kg ha^{-1})	0,5 – 0,5	0,7 – 0,3
1	31	2.243	-5,01	-5,64
2	31	1.915	-18,87	-13,96
3	27	1.829	-39,30	-37,82
4	24	1.904	-50,19	-57,23
5	29	2.218	-12,21	-15,27
6	21	2.255	-52,70	-72,61
7	30	1.472	-63,18	-43,39
8	29	2.729	-3,19	-9,86
9	30	1.972	-19,04	-16,90
10	23	2.048	-45,35	-56,87
11	29	2.263	-11,26	-14,70
12	30	2.284	-7,81	-10,17
13	34	2.580	1,72	0,85
14	30	2.590	-3,33	-6,42
15	36	1.891	-16,77	-9,78
16	33	1.968	-13,45	-8,89
17	32	2.213	-4,04	-3,74
18	26	2.187	-25,68	-33,49
19	19	1.921	-87,33	-110,11
20	27	2.416	-15,62	-21,87
21	25	1.902	-44,38	-49,00
22	31	1.518	-54,25	-35,19
23	29	2.440	-9,85	-13,86
24	32	1.776	-28,01	-18,72
25	32	2.337	-2,70	-3,54
26	31	1.702	-35,32	-23,83
27	32	1.891	-18,80	-12,59
28	27	2.139	-20,22	-24,63
29	34	1.546	-47,80	-28,71
30	37	2.376	1,87	2,67
31	33	2.106	-6,36	-4,26
32	24	2.270	-35,09	-48,17
33	36	1.903	-15,58	-8,77
34	38	1.951	-9,69	-2,85
35	27	2.211	-20,27	-26,41
36	32	2.913	14,25	6,63
37	34	1.726	-30,09	-18,24
38	31	1.493	-57,20	-36,96
39	37	2.416	1,94	2,70
40	26	1.596	-65,04	-57,11
41	26	1.902	-36,51	-38,01
42	34	1.756	-27,51	-16,69
43	26	1.997	-30,95	-34,67
44	29	1.659	-45,97	-35,53
45	27	2.006	-25,95	-28,07
46	28	1.841	-34,18	-31,38
47	31	1.733	-33,59	-23,63
48	27	1.826	-39,57	-37,99
49	30	1.980	-17,26	-14,78

Quadro 9, Cont.

50	33	2.260	-2,41	-2,27
51	32	1.957	-15,45	-11,19
52	34	2.150	-4,27	-2,60
53	30	2.189	-9,90	-11,42
54	28	2.182	-16,82	-20,96
55	32	1.896	-19,18	-13,43
56	29	2.183	-13,13	-15,82
57	25	1.859	-47,28	-50,74
58	30	1.791	-29,94	-22,38
59	28	1.636	-50,00	-39,35
60	35	1.855	-19,49	-11,61
61	28	2.064	-19,23	-20,89
62	32	1.810	-24,61	-16,08
63	24	1.549	-78,30	-71,67
64	30	2.166	-9,24	-9,96
65	24	1.978	-42,68	-50,30
66	24	1.759	-60,92	-63,67
67	34	2.503	0,38	0,04
68	32	2.102	-7,59	-5,87
69	24	2.275	-35,01	-48,13
70	33	1.903	-16,91	-10,59
71	29	2.025	-19,31	-19,53
72	38	2.318	3,19	4,88
73	36	1.968	-12,05	-6,95
74	34	1.920	-15,49	-9,48
75	32	2.382	-2,44	-3,38
76	28	1.988	-22,98	-23,14
77	35	2.344	-0,25	-0,15
78	31	1.865	-22,21	-15,97
79	28	2.005	-22,06	-22,59
80	27	2.029	-26,98	-30,43
81	33	2.281	-1,56	-1,38
82	28	2.086	-20,21	-23,00
83	26	1.282	-101,79	-77,18
84	28	1.693	-46,40	-38,71
85	27	1.898	-34,48	-34,93
86	30	1.762	-33,66	-25,68
87	27	1.960	-28,48	-29,59
88	35	1.687	-33,31	-19,90
89	33	1.961	-13,83	-9,12
90	30	1.479	-61,02	-41,03
91	28	1.162	-111,72	-76,38
92	32	2.017	-12,16	-9,22
93	25	2.205	-27,83	-36,87
94	18	2.069	-88,81	-118,48
95	28	1.773	-39,51	-34,57
96	32	2.073	-9,57	-7,66
97	20	1.863	-78,19	-94,25
98	24	1.955	-44,00	-51,09
99	35	1.780	-25,29	-15,17
100	35	1.088	-112,19	-67,23
101	33	2.020	-10,19	-6,56

Quadro 9, Cont.

102	30	1.928	-21,59	-18,44
103	30	1.186	-101,75	-65,47
104	23	1.827	-62,08	-69,57
105	32	1.764	-28,26	-18,27
106	31	1.990	-14,47	-11,32
107	32	2.143	-6,87	-6,04
108	29	2.087	-14,87	-15,58
109	31	1.990	-14,46	-11,32
110	32	1.888	-19,00	-12,71
111	29	1.967	-20,75	-19,10
112	27	2.277	-16,70	-22,52
113	33	2.457	-0,86	-1,34
114	30	1.686	-40,37	-29,70
115	35	2.138	-4,63	-2,77
116	32	2.285	-2,59	-2,87
117	31	2.032	-12,32	-10,03
118	28	2.040	-22,23	-24,20
119	28	1.551	-60,81	-47,35
120	31	1.640	-42,27	-28,83
121	27	1.872	-36,19	-35,96
122	26	2.559	-21,09	-30,73
123	29	1.828	-29,92	-24,61
124	28	1.582	-55,56	-42,69
125	30	1.935	-19,84	-16,32
126	25	1.978	-39,78	-46,24
127	32	1.592	-45,23	-29,06
128	27	1.498	-71,05	-56,88
129	31	1.207	-96,25	-60,39
130	30	1.494	-59,30	-40,00
131	29	1.736	-38,91	-31,29
132	32	1.748	-30,40	-20,16
133	35	1.901	-16,38	-9,75
134	32	1.806	-25,69	-17,34
135	30	2.078	-13,80	-13,76
136	34	2.392	-0,24	-0,33
137	31	1.887	-20,70	-15,06
138	32	2.093	-8,71	-7,15
139	33	2.224	-3,17	-2,73
140	23	1.609	-81,41	-81,17
141	36	1.973	-11,78	-6,79
142	33	1.706	-32,67	-20,43
143	35	1.757	-27,19	-16,31
144	31	1.819	-26,57	-19,41
145	27	1.965	-28,20	-29,42
146	30	2.150	-9,77	-10,28
147	33	1.883	-18,21	-11,38
148	31	2.124	-9,47	-9,16
149	29	1.899	-26,51	-23,85
150	29	1.620	-48,22	-35,59
151	29	2.201	-12,64	-15,53
152	25	2.022	-37,49	-44,87

Quadro 9, Cont.

Famílias	Características		IR	
	CE (mL g ⁻¹)	RG (kg ha ⁻¹)	0,5 – 0,5	0,7 – 0,3
153	30	2.503	-4,92	-7,37
154	33	1.906	-17,18	-11,13
155	32	1.978	-13,48	-9,40
156	35	1.904	-16,15	-9,61
157	30	1.787	-31,61	-24,45
158	29	1.599	-50,36	-36,87
159	29	2.069	-15,65	-16,05
160	32	2.416	-1,64	-2,30
161	26	1.704	-54,48	-50,77
162	32	2.791	7,97	3,47
163	29	2.506	-7,67	-11,26
164	32	1.853	-21,36	-14,13
165	30	1.798	-29,41	-22,06
166	29	1.653	-46,61	-35,91
167	32	1.998	-13,15	-9,81
168	25	1.587	-71,31	-65,16
169	26	2.483	-22,22	-31,41

IR: valores atribuídos para CE e RG, respectivamente, sendo obtidos a partir disto valores para a estatística F_i .

Por meio do Quadro 10, verifica-se que foi possível classificar as famílias mais promissoras. A família 8 foi selecionada por meio da F_i , para as duas importâncias relativas (IR) como a de maior destaque. Os valores de F_i foram 23,38 e 11,99, respectivamente, usando IR de 0,5 para CE e RG e 0,7 para CE e 0,3 para RG. Esta família apresenta valores elevados de F_i devido ao fato de ter um RG alto, superando em 21,3 % a média dos selecionados pela seleção direta (Quadro 8).

Quadro 10 - Estatísticas F_i das 169 famílias de meio-irmãos, na população *UEM-Co1*, ciclo C_1 , para os dois valores de importância relativa (IR).

Famílias	Características		IR	
	CE (mL g ⁻¹)	RG (kg ha ⁻¹)	0,5 – 0,5	0,7 – 0,3
1	31	2.381	-6,56	-7,53
2	31	1.913	-26,99	-18,96
3	30	2.096	-20,61	-18,98
4	22	1.954	-66,44	-76,46
5	32	2.315	-6,23	-5,79
6	22	2.097	-57,95	-71,32
7	32	1.747	-39,30	-25,62
8	32	3.274	23,38	11,99
9	31	2.329	-7,82	-8,32
10	27	2.353	-19,93	-25,76
11	30	2.276	-11,61	-12,39
12	29	2.314	-13,43	-15,85
13	36	2.719	1,29	0,95

Quadro 10, Cont.

14	30	2.704	-4,92	-7,58
15	35	2.187	-8,13	-4,88
16	32	2.270	-6,86	-5,57
17	33	2.528	-0,85	-1,08
18	24	2.024	-49,50	-56,26
19	20	1.943	-82,55	-98,43
20	34	2.471	-0,71	-0,51
21	26	2.048	-34,86	-36,86
22	32	1.626	-50,13	-31,60
23	29	2.626	-11,46	-16,14
24	33	2.197	-9,49	-7,13
25	29	2.107	-23,37	-23,29
26	31	1.993	-22,81	-17,37
27	27	2.158	-27,26	-30,68
28	30	2.440	-8,18	-10,65
29	34	1.573	-53,84	-32,39
30	38	2.501	2,65	3,96
31	33	2.181	-9,64	-6,81
32	25	2.282	-32,23	-41,41
33	37	2.063	-12,66	-6,44
34	38	2.040	-12,45	-5,11
35	26	2.345	-23,10	-30,04
36	31	2.481	-4,00	-5,20
37	33	1.721	-39,80	-24,45
38	31	1.823	-34,88	-24,56
39	37	2.396	-0,86	0,19
40	28	2.122	-24,80	-25,89
41	29	2.054	-24,76	-23,01
42	34	1.987	-18,89	-11,61
43	27	2.145	-25,62	-27,92
44	30	2.026	-23,36	-19,74
45	28	1.947	-34,86	-31,85
46	29	1.838	-39,25	-31,66
47	31	1.853	-32,58	-23,26
48	24	1.782	-64,24	-62,98
49	31	2.111	-15,08	-11,84
50	31	2.044	-18,63	-13,97
51	32	2.166	-11,59	-9,03
52	35	2.092	-12,53	-7,49
53	31	2.406	-6,14	-7,35
54	29	2.423	-9,75	-12,64
55	32	2.143	-12,60	-9,61
56	29	2.300	-12,53	-14,28
57	27	2.082	-28,65	-29,65
58	29	1.981	-28,92	-25,35
59	28	2.467	-14,20	-19,36
60	35	1.989	-18,44	-11,07
61	31	2.240	-9,64	-8,64
62	32	1.955	-23,18	-15,93
63	26	1.749	-61,08	-56,24
64	30	2.258	-12,30	-12,88
65	26	2.366	-24,66	-32,64
66	29	1.950	-30,90	-26,50

Quadro 10, Cont.

67	35	2.618	-0,01	-0,08
68	33	2.230	-8,16	-6,30
69	27	2.452	-18,30	-24,95
70	33	1.997	-19,78	-13,31
71	30	2.224	-14,94	-15,61
72	39	2.616	4,17	5,78
73	36	2.195	-7,73	-4,60
74	33	2.128	-11,44	-7,42
75	32	2.655	-3,01	-4,48
76	28	2.180	-21,64	-23,57
77	35	2.475	-0,55	-0,33
78	32	2.138	-12,82	-9,75
79	32	2.171	-12,19	-10,03
80	27	2.187	-25,43	-29,13
81	36	2.477	-0,47	-0,23
82	28	2.354	-15,92	-20,16
83	27	1.547	-73,97	-58,26
84	28	1.838	-42,32	-35,97
85	29	2.124	-22,36	-22,56
86	31	1.936	-26,27	-19,26
87	31	2.131	-15,05	-12,59
88	36	1.881	-25,74	-15,39
89	32	2.128	-14,05	-11,04
90	31	1.612	-55,07	-37,36
91	28	1.772	-47,91	-39,39
92	31	2.170	-12,32	-10,19
93	26	2.384	-21,80	-28,93
94	24	2.255	-38,27	-49,17
95	28	1.915	-36,87	-32,90
96	32	2.276	-7,44	-6,53
97	21	2.017	-69,76	-84,28
98	31	2.273	-10,58	-10,87
99	34	1.942	-21,58	-13,03
100	35	1.286	-88,91	-53,35
101	34	2.193	-8,51	-5,62
102	30	2.099	-19,01	-16,86
103	30	1.379	-83,37	-55,48
104	22	2.045	-57,61	-68,56
105	35	1.921	-23,05	-13,91
106	31	2.140	-14,68	-12,39
107	36	2.296	-3,97	-2,19
108	30	2.233	-13,20	-13,44
109	32	2.201	-10,11	-8,11
110	33	2.036	-16,75	-10,97
111	30	2.220	-13,71	-13,74
112	27	2.443	-18,42	-25,02
113	32	2.665	-1,42	-2,31
114	30	1.863	-33,98	-25,80
115	34	2.303	-4,63	-3,28
116	32	2.395	-5,10	-5,73
117	31	2.201	-12,01	-10,79
118	29	2.244	-15,71	-17,27
119	28	1.723	-54,18	-44,71

Quadro 10, Cont.

120	31	1.733	-43,48	-30,45
121	28	2.069	-28,98	-29,55
122	29	2.853	-5,73	-11,28
123	31	2.073	-17,89	-14,22
124	31	1.919	-28,60	-21,57
125	30	2.123	-19,21	-18,10
126	29	2.184	-18,12	-18,76
127	32	1.795	-35,91	-24,16
128	29	2.092	-22,14	-20,97
129	31	1.914	-27,70	-20,03
130	29	1.953	-30,59	-26,19
131	30	2.046	-22,15	-18,99
132	32	1.979	-20,99	-14,11
133	35	2.097	-12,28	-7,37
134	31	1.994	-21,67	-15,85
135	29	2.262	-13,87	-15,18
136	35	2.709	0,92	0,55
137	32	2.089	-15,34	-11,33
138	31	2.302	-7,60	-7,41
139	33	2.429	-2,44	-2,48
140	23	1.829	-65,77	-68,21
141	35	2.282	-4,59	-2,72
142	32	2.021	-18,29	-12,42
143	34	2.030	-16,09	-9,75
144	31	2.073	-17,10	-13,09
145	31	2.175	-13,19	-11,56
146	31	2.439	-5,50	-6,88
147	33	2.108	-12,94	-8,72
148	30	2.314	-9,41	-10,23
149	29	2.087	-21,20	-19,45
150	30	1.980	-24,72	-19,39
151	28	2.414	-14,97	-19,82
152	27	2.231	-24,12	-28,67
153	31	2.726	-3,23	-5,48
154	33	2.177	-10,29	-7,59
155	32	2.321	-6,01	-5,62
156	35	2.297	-4,19	-2,52
157	30	2.064	-22,36	-20,06
158	30	1.826	-38,42	-29,69
159	30	2.371	-10,46	-12,83
160	33	2.585	-1,75	-2,45
161	26	1.918	-47,64	-48,17
162	34	3.054	11,47	6,36
163	29	2.685	-9,19	-13,36
164	32	2.067	-16,39	-11,84
165	30	2.008	-24,20	-20,07
166	29	1.877	-37,46	-31,53
167	32	2.350	-6,05	-6,27
168	28	2.170	-21,97	-23,69
169	26	2.735	-20,66	-29,99

IR: valores atribuídos para CE e RG, respectivamente, sendo obtidos a partir disto valores para a estatística F_i .

Observam-se no Quadro 8 o valor de CE da família 8 não está tão abaixo da média dos selecionados pela seleção truncada.

Ao contrário do que ocorreu com a família 8, quando utilizado IR de 0,7 e 0,3, para as famílias 72 e 30, houve um incremento nos valores de F_i , 5,78 e 3,96, respectivamente, devido ao valor de CE ter sido expressivo em relação à seleção direta. Para as famílias 72 e 30, nota-se uma elevação de 10,3 % e 7,9 % em comparação à média das famílias selecionadas na seleção direta (Quadro 8).

Além disso, estas famílias contêm valores de RG muito próximo às médias dos selecionados, fato este que contribui para os valores de F_i encontrados (Quadro 10).

No Quadro 11, encontram-se os valores das estatísticas F_i das 169 famílias de meio-irmãos, na população *UEM-Co2*, ciclo C_0 , para os dois valores de importância relativa (IR).

Quadro 11 - Estatísticas F_i das 169 famílias de meio-irmãos, na população *UEM-Co2*, ciclo C_0 , para os dois valores de importância relativa (IR)

Famílias	Características		IR	
	CE (mL g ⁻¹)	RG (kg ha ⁻¹)	0,5 – 0,5	0,7 – 0,3
1	23	2.557	-10,76	-14,92
2	22	1.822	-48,01	-40,76
3	21	2.058	-40,29	-43,35
4	18	1.787	-78,44	-80,93
5	22	2.282	-23,79	-28,65
6	12	2.588	-123,78	-173,27
7	26	1.659	-49,97	-31,44
8	20	2.934	-26,64	-41,63
9	24	2.169	-16,51	-14,74
10	16	2.260	-75,73	-100,72
11	19	2.450	-35,09	-48,00
12	22	2.385	-16,88	-21,42
13	25	2.715	-4,23	-6,36
14	23	2.724	-11,78	-17,01
15	28	2.087	-14,51	-8,59
16	25	2.167	-13,45	-10,38
17	26	2.416	-4,55	-4,72
18	21	2.044	-37,49	-38,77
19	11	2.124	-150,53	-200,62
20	27	2.483	-0,96	-0,62
21	19	1.973	-56,88	-62,28
22	22	1.530	-79,02	-60,97
23	21	2.558	-19,73	-27,49
24	24	1.960	-29,40	-23,08
25	21	2.495	-19,90	-27,25
26	24	1.898	-34,90	-27,22

Quadro 11, Cont.

27	25	2.112	-15,92	-11,63
28	20	2.322	-36,90	-48,06
29	25	1.733	-45,91	-31,47
30	30	2.567	2,84	4,08
31	26	2.297	-7,75	-6,60
32	15	2.258	-90,19	-120,92
33	29	2.048	-16,52	-9,59
34	31	2.301	-1,66	1,81
35	19	2.391	-43,18	-58,34
36	30	3.023	10,50	7,66
37	28	1.667	-47,27	-28,27
38	28	1.662	-47,81	-28,69
39	30	2.510	0,84	1,63
40	19	1.826	-74,15	-77,57
41	18	1.850	-80,42	-87,92
42	26	1.952	-24,45	-15,71
43	19	2.196	-47,85	-59,62
44	21	1.859	-51,69	-48,26
45	20	2.306	-36,75	-47,43
46	18	2.070	-59,29	-70,50
47	26	1.906	-28,92	-19,29
48	20	1.830	-60,47	-58,66
49	18	2.158	-55,01	-68,23
50	25	2.399	-6,63	-7,32
51	24	2.135	-17,99	-15,51
52	27	2.368	-3,94	-2,95
53	20	2.438	-27,55	-37,26
54	19	2.393	-43,47	-58,81
55	23	2.111	-26,41	-26,29
56	21	2.402	-22,89	-30,15
57	19	2.078	-52,11	-60,81
58	22	2.035	-36,13	-36,43
59	22	2.351	-21,54	-27,22
60	25	2.047	-20,80	-15,52
61	21	2.352	-25,18	-32,35
62	25	2.007	-24,17	-18,29
63	16	1.748	-103,42	-113,09
64	26	2.364	-5,36	-4,86
65	14	2.190	-107,84	-143,38
66	15	2.245	-88,97	-118,82
67	26	2.705	-0,54	-1,10
68	25	2.308	-9,03	-8,67
69	17	2.612	-60,67	-84,94
70	26	2.246	-8,99	-6,88
71	21	2.259	-26,29	-31,49
72	31	2.665	5,07	6,99
73	29	2.150	-10,31	-5,34
74	26	2.349	-4,63	-3,53
75	24	2.570	-5,46	-7,56
76	21	2.177	-35,15	-41,13
77	24	2.532	-7,18	-9,78
78	23	2.231	-19,79	-21,49
79	20	2.230	-40,27	-50,15

Quadro 11, Cont.

80	17	2.216	-62,40	-80,67
81	26	2.471	-2,29	-2,34
82	20	2.533	-26,75	-37,17
83	19	1.867	-69,66	-73,94
84	21	1.912	-50,01	-49,23
85	18	2.046	-64,87	-77,19
86	22	2.268	-24,77	-29,61
87	21	2.288	-29,66	-37,04
88	29	1.860	-29,58	-17,37
89	26	2.361	-5,12	-4,45
90	18	1.652	-91,72	-89,36
91	15	1.349	-168,02	-167,62
92	25	2.247	-11,36	-10,22
93	18	2.397	-44,58	-60,42
94	11	2.264	-142,85	-194,83
95	23	1.972	-34,62	-31,03
96	27	2.632	-0,06	-0,10
97	15	2.088	-93,71	-119,49
98	20	2.362	-32,09	-42,23
99	28	1.952	-22,97	-13,66
100	30	1.376	-77,51	-43,75
101	27	2.198	-9,44	-5,89
102	28	2.107	-13,50	-8,05
103	24	1.364	-89,07	-58,71
104	16	2.019	-81,55	-99,21
105	26	1.995	-21,45	-13,85
106	25	2.183	-14,07	-11,85
107	25	2.339	-6,92	-6,48
108	23	2.288	-16,65	-18,80
109	25	2.190	-13,86	-11,82
110	26	2.113	-15,07	-10,50
111	23	2.122	-24,12	-23,52
112	21	2.450	-25,45	-34,49
113	26	2.621	-1,83	-2,56
114	23	1.865	-38,92	-30,77
115	24	2.318	-11,47	-12,36
116	26	2.465	-2,78	-2,95
117	25	2.225	-12,46	-11,07
118	22	2.281	-23,16	-27,75
119	21	1.754	-58,60	-50,83
120	24	1.846	-36,57	-26,31
121	21	2.083	-39,76	-43,75
122	19	2.769	-32,85	-47,00
123	23	2.063	-27,32	-25,44
124	22	1.746	-55,67	-46,14
125	24	2.119	-20,55	-18,40
126	20	2.153	-37,23	-43,15
127	26	1.781	-39,16	-25,53
128	20	1.689	-73,55	-66,81
129	25	1.396	-81,84	-51,97
130	24	1.697	-51,91	-37,18
131	22	1.961	-38,37	-35,68

Quadro 11, Cont.

132	25	1.934	-29,09	-21,19
133	28	2.090	-14,40	-8,58
134	25	1.999	-24,09	-17,75
135	23	2.271	-19,00	-21,64
136	27	2.611	-0,57	-0,79
137	24	2.035	-23,59	-18,84
138	25	2.260	-11,58	-10,91
139	25	2.382	-6,08	-6,23
140	16	1.782	-106,19	-119,41
141	28	2.146	-11,39	-6,70
142	26	1.879	-30,38	-19,71
143	28	1.944	-23,73	-14,25
144	24	2.036	-23,39	-18,65
145	20	2.144	-37,62	-43,33
146	24	2.332	-11,27	-12,41
147	27	2.069	-16,31	-10,30
148	24	2.310	-12,14	-13,09
149	22	2.111	-29,62	-30,78
150	23	1.835	-45,11	-37,54
151	22	2.435	-18,64	-24,74
152	17	2.248	-58,29	-75,93
153	24	2.742	-7,85	-11,69
154	26	2.147	-13,72	-9,99
155	26	2.218	-10,58	-8,19
156	28	2.159	-10,79	-6,34
157	22	2.094	-32,82	-34,50
158	23	1.868	-41,82	-35,05
159	23	2.341	-16,31	-19,69
160	26	2.692	-1,41	-2,23
161	19	1.979	-57,06	-62,87
162	26	3.093	10,05	4,41
163	23	2.736	-11,04	-16,09
164	26	2.102	-16,10	-11,49
165	23	2.038	-27,50	-24,49
166	22	1.907	-40,92	-36,19
167	25	2.254	-10,85	-9,70
168	20	1.842	-58,03	-56,07
169	19	2.752	-35,10	-49,94

IR: valores atribuídos para CE e RG, respectivamente, sendo obtidos a partir disto valores para a estatística F_i .

Em relação ao Quadro 11, percebe-se que as duas melhores famílias para 0,5 de IR foram 36 e 162 para o ciclo C_0 , composto *UEM-Co2*, com valores de 10,5 e 10,05 para F_i . Isso foi evidenciado em decorrência dos bons valores de RG em ambas as famílias. A família 36 também se destaca com o uso do IR de 0,7 e 0,3, sendo obtido valor de 7,66 para F_i , superando as demais famílias deste composto, pelo fato de, além de ter uma ótima produtividade (3.023 kg ha^{-1}), apresenta média de CE (30 mL g^{-1}) acima da média dos selecionados pela seleção truncada (Quadro 8). Para a família 162, obteve-se 3.093 kg ha^{-1} para RG e 26 mL g^{-1} para CE, sendo

RG superior em 15,5 % aos selecionados pela seleção direta (2.614 kg ha^{-1}) (Quadro 8).

Resultados semelhantes quanto às limitações da seleção direta/truncada em milho-pipoca, devido à correlação negativa entre as características CE e RG, também foram encontradas por Vilarinho et al. (2003), Daros et al. (2004a), Rangel et al. (2007), Santos et al. (2007) e Vieira et al. (2009). Para contornar tal situação, Freitas Júnior et al. (2009) sugerem a aplicação de índices de seleção, cuja eficácia estatística sobrepõe correlação negativa e permite a seleção de progênies produtivas e com elevada qualidade da pipocamento dos grãos em programas de seleção recorrente, o que corrobora o resultados evidenciados por meio da seleção realizada pelo novo índice F_i .

Vilarinho et al. (2003) também encontraram a correlação genotípica negativa entre os caracteres CE e produção de grãos, indicando que a seleção truncada em apenas um desses caracteres poderá ocasionar mudanças indesejáveis no outro. Complementando tal condição genética, Arnold et al. (2009) encontraram as maiores correlações estimadas para CE em relação às encontradas para RG, sendo estas devidas principalmente ao fato de CE ser um caráter menos influenciado pelo ambiente e por fatores genéticos não aditivos.

No Quadro 12, encontram-se os resultados da estatística F_i relativos às 169 famílias de meio-irmãos, da população *UEM-Co2*, ciclo C_1 , para duas importâncias relativas (IR), 0,5 para CE e RG, 0,7 para CE e 0,3 para RG.

Para o composto *UEM-Co2*, ciclo C_1 , por meio da estatística F_i , detectou-se como sendo a família mais promissora para ambas as IR estudadas na presente pesquisa, a família 8, com valores de 13,86 e 4,68, respectivamente, para as IR. Tal família demonstra ter bom potencial para a variável RG, com média de 3.736 kg ha^{-1} , superando em 19 % a média das famílias selecionadas na seleção direta. A redução do valor de F_i , quando imposto uma IR de 0,7 e 0,3, é evidenciada pelo fato desta família conter CE inferior à média dos selecionados. No entanto, o valor não é negativo por dois fatores: pela ótima produtividade e pelo valor de CE não ser tão abaixo da média dos selecionados. Assim, pode-se afirmar que esta família é a mais indicada dentre as 169 para a utilização nos programas de melhoramento de seleção recorrente. Outra família interessante neste aspecto, quando se atribui maior importância para CE, é a família 72, a qual apresenta valor de F_i de 4,52. Esta família apresenta produtividade pouco acima da média dos selecionados e, no

quesito CE, está 11 % acima da média dos selecionados de forma direta. Isso demonstra que a F_i é efetiva na seleção de famílias de meio-irmãos por proporcionar ganhos acima da seleção truncada, em ambas as variáveis estudadas.

Quadro 12 - Estatísticas F_i das 169 famílias de meio-irmãos, na população *UEM-Co2*, ciclo C_1 , para os dois valores de importância relativa (IR)

Famílias	Características		IR	
	CE (mL g ⁻¹)	RG (kg ha ⁻¹)	0,5 – 0,5	0,7 – 0,3
1	30	2.868	-5,73	-7,07
2	29	2.404	-20,85	-17,16
3	26	2.590	-24,39	-28,04
4	21	2.447	-64,64	-79,99
5	31	2.810	-3,73	-3,57
6	21	2.589	-59,17	-76,70
7	32	2.240	-24,72	-15,64
8	30	3.763	13,86	4,68
9	29	2.817	-9,21	-11,32
10	23	2.840	-38,25	-52,28
11	28	2.765	-13,50	-16,56
12	27	2.806	-16,68	-21,64
13	34	3.208	0,92	0,56
14	29	3.195	-5,05	-7,68
15	33	2.682	-5,09	-3,22
16	30	2.767	-6,31	-6,52
17	35	3.024	0,43	0,62
18	23	2.523	-46,68	-57,34
19	19	2.439	-82,35	-104,50
20	37	2.967	2,97	4,36
21	24	2.541	-36,55	-43,68
22	30	2.117	-34,82	-23,63
23	26	3.117	-16,59	-23,36
24	30	2.689	-8,12	-7,61
25	31	2.603	-9,68	-7,78
26	29	2.485	-18,75	-17,04
27	31	2.649	-7,48	-5,82
28	28	2.935	-11,05	-15,09
29	32	2.070	-35,19	-21,54
30	38	2.997	5,45	7,70
31	31	2.679	-7,42	-6,42
32	23	2.777	-36,04	-48,31
33	38	2.559	-3,16	2,54
34	36	2.532	-7,39	-2,60
35	24	2.836	-28,84	-39,06
36	35	2.971	0,69	1,14
37	34	2.212	-25,17	-14,98
38	33	2.318	-19,54	-11,88
39	35	2.888	-0,49	0,07
40	26	2.611	-26,09	-30,95
41	28	2.547	-19,70	-20,28
42	32	2.482	-12,65	-8,40
43	26	2.639	-25,21	-30,43
44	28	2.522	-20,62	-20,83

Quadro 12, Cont.

45	27	2.440	-27,97	-28,41
46	27	2.332	-33,13	-31,51
47	33	2.343	-18,22	-11,09
48	28	2.271	-32,47	-27,94
49	31	2.599	-9,79	-7,84
50	29	2.534	-15,42	-13,90
51	30	2.660	-10,03	-9,65
52	33	2.582	-7,93	-4,78
53	29	2.894	-6,69	-8,66
54	27	2.915	-13,13	-17,86
55	30	2.637	-10,68	-10,04
56	27	2.793	-14,85	-18,89
57	27	2.578	-20,53	-22,30
58	27	2.473	-24,47	-24,66
59	29	2.960	-7,53	-10,31
60	33	2.479	-11,98	-7,35
61	29	2.728	-9,55	-10,38
62	33	2.443	-13,34	-8,03
63	25	2.238	-48,16	-48,37
64	32	2.751	-3,76	-2,68
65	24	2.856	-31,55	-43,08
66	26	2.448	-29,81	-31,29
67	33	3.120	0,15	0,07
68	30	2.735	-7,00	-6,94
69	25	2.955	-24,67	-34,28
70	30	2.503	-14,23	-11,28
71	27	2.677	-17,49	-20,48
72	37	3.070	3,23	4,52
73	33	2.645	-5,94	-3,58
74	29	2.577	-15,32	-14,98
75	29	3.104	-5,71	-8,07
76	26	2.629	-25,51	-30,61
77	33	2.928	-0,73	-0,60
78	30	2.588	-12,23	-10,97
79	29	2.622	-13,85	-14,10
80	25	2.643	-30,32	-37,67
81	33	2.935	-0,51	-0,33
82	27	2.810	-16,61	-21,59
83	25	2.006	-61,02	-53,94
84	28	2.294	-29,45	-24,73
85	24	2.581	-38,12	-47,03
86	28	2.389	-26,32	-24,25
87	27	2.583	-22,42	-25,08
88	34	2.333	-18,41	-10,92
89	29	2.580	-13,79	-12,92
90	28	2.068	-43,64	-33,25
91	22	2.224	-68,37	-76,04
92	29	2.622	-12,43	-12,11
93	24	2.840	-31,79	-43,23
94	17	2.713	-87,61	-119,39
95	28	2.371	-25,45	-22,33
96	31	2.735	-5,24	-4,47

Quadro 12, Cont.

96	31	2.735	-5,24	-4,47
97	20	2.473	-71,88	-91,03
98	23	2.730	-40,36	-53,55
99	32	2.396	-15,98	-10,01
100	34	1.738	-62,15	-37,28
101	31	2.645	-7,59	-5,88
102	28	2.552	-19,54	-20,18
103	28	1.835	-63,84	-46,77
104	20	2.498	-66,61	-84,46
105	30	2.372	-21,14	-16,32
106	29	2.595	-14,72	-14,63
107	29	2.753	-8,98	-10,04
108	28	2.689	-15,26	-17,62
109	30	2.660	-10,04	-9,65
110	31	2.491	-13,72	-10,21
111	28	2.676	-15,62	-17,83
112	25	2.895	-25,21	-34,60
113	30	3.116	-3,27	-4,70
114	28	2.314	-30,15	-26,55
115	28	2.755	-11,97	-14,24
116	29	2.851	-7,24	-9,00
117	29	2.654	-12,91	-13,54
118	27	2.693	-19,14	-23,11
119	25	2.175	-49,28	-46,89
120	28	2.187	-35,68	-28,47
121	25	2.522	-31,70	-36,34
122	27	3.310	-12,10	-18,89
123	29	2.526	-17,15	-16,09
124	28	2.373	-25,38	-22,29
125	27	2.573	-20,68	-22,39
126	27	2.632	-20,83	-24,13
127	29	2.243	-29,31	-22,24
128	27	2.492	-25,79	-27,10
129	29	2.317	-26,62	-21,77
130	26	2.353	-34,30	-33,98
131	27	2.460	-25,02	-25,00
132	30	2.397	-19,94	-15,60
133	32	2.518	-10,76	-6,88
134	29	2.414	-21,86	-18,91
135	27	2.684	-19,38	-23,26
136	32	3.127	-0,32	-0,61
137	29	2.508	-16,39	-14,49
138	29	2.718	-11,22	-12,53
139	30	2.843	-4,96	-5,72
140	21	2.243	-75,00	-86,21
141	33	2.697	-4,69	-2,98
142	30	2.440	-17,97	-14,42
143	32	2.445	-14,21	-9,34
144	29	2.484	-18,80	-17,07
145	27	2.591	-22,15	-24,92
146	28	2.857	-10,17	-13,17

Quadro 12, Cont.

147	30	2.525	-13,37	-10,76
148	28	2.734	-14,18	-16,97
149	27	2.503	-25,32	-26,82
150	28	2.397	-25,97	-24,04
151	25	2.827	-23,45	-31,39
152	24	2.643	-33,16	-41,65
153	28	3.138	-8,55	-12,19
154	30	2.590	-12,17	-10,94
155	29	2.738	-9,33	-10,25
156	32	2.710	-4,70	-3,24
157	27	2.450	-27,54	-28,15
158	27	2.316	-34,01	-32,03
159	27	2.863	-15,80	-21,11
160	30	3.076	-4,51	-6,34
161	23	2.412	-51,36	-60,15
162	31	3.544	6,35	1,84
163	26	3.176	-16,18	-23,11
164	29	2.554	-14,67	-13,45
165	27	2.494	-23,62	-24,16
166	26	2.363	-36,16	-37,00
167	29	2.837	-8,88	-11,12
168	25	2.661	-27,12	-33,60
169	23	3.223	-32,27	-46,04

IR: valores atribuídos para CE e RG, respectivamente, sendo obtidos a partir disto valores para a estatística F_i .

Nos Quadros 13 e 14, encontram-se as cinco melhores famílias selecionadas pela estatística F_i , para as duas importâncias relativas (IR) utilizadas neste estudo.

A utilização do índice baseado na estatística F_i apresentou bons resultados, tendo em vista a obtenção de valores elevados para as duas variáveis simultaneamente. De maneira geral, pode-se dizer que a estatística proposta no presente trabalho foi eficiente devido à constatação de que as médias das famílias selecionadas por este índice foram superiores às médias das famílias selecionadas pela seleção direta, nas características individuais (Quadro 8) para CE e RG e nos quatro ciclos de seleção (Quadros 13 e 14). Reforçando tal observação, Cruz e Regazzi (2001) salientam que, comparações com a seleção direta permitem concluir que a utilização de índices como critério de seleção proporciona resultados relativamente superiores. De maneira geral, o ganho sobre uma característica é

reduzido, entretanto, tal redução é compensada por uma melhor distribuição de ganhos favoráveis nos demais caracteres.

Quadro 13 - Estatísticas F_i para as cinco melhores famílias, com valores de importância relativa 0,5 para ambas as características, CE e RG, para os compostos *UEM-Co1* e *UEM-Co2*, em dois ciclos de seleção

Compostos e ciclos	Famílias	Características		IR
		CE	RG	0,5 – 0,5
<i>UEM-Co1/Ciclo C₀</i>	36	32	2,913	14,25
	162	32	2,791	7,97
	72	38	2,318	3,19
	39	37	2,416	1,94
	30	37	2,376	1,87
<i>UEM-Co1/Ciclo C₁</i>	8	32	3,274	23,38
	162	34	3,054	11,47
	72	39	2,616	4,17
	30	38	2,501	2,65
	13	36	2,719	1,29
<i>UEM-Co2/Ciclo C₀</i>	36	30	3,023	10,50
	162	26	3,093	10,05
	72	31	2,665	5,07
	30	30	2,567	2,84
	39	30	2,510	0,84
<i>UEM-Co2/Ciclo C₁</i>	8	30	3,763	13,86
	162	31	3,544	6,35
	30	38	2,997	5,45
	72	37	3,070	3,23
	20	37	2,967	2,97

IR: valores atribuídos para CE e RG, respectivamente, sendo obtidos a partir destes valores para a estatística F_i .

Os resultados encontrados no presente trabalho sugerem que a estatística F_i foi útil para a identificação de famílias promissoras a serem utilizadas no programas de seleção recorrente do milho-pipoca. Ademais, o índice F_i pode ser aplicado em processos de seleção em que se busca o equilíbrio no ganho genético de características de interesse agrônomicos e comerciais, como é o caso do milho-pipoca, em que se observa correlação negativa entre RG e CE.

Kist (2006), trabalhando com populações de milho sob seleção recorrente, constataram que a correlação genética estabelecida entre algumas variáveis não permitiu que estas fossem melhoradas simultaneamente, em decorrência da resposta indireta associada às correlações indesejáveis estabelecidas entre alguns

pares de variáveis. Estes autores sugerem que seria pertinente o estabelecimento de índices de seleção que contemplem os efeitos da seleção sobre as variáveis de maior interesse dos agricultores.

Quadro 14 - Estatísticas F_i para as cinco melhores famílias, com valores de importância relativa 0,7 e 0,3, para as características CE e RG, respectivamente, para os compostos *UEM-Co1* e *UEM-Co2*, em dois ciclos de seleção

Compostos e ciclos	Famílias	Características		IR
		CE	RG	0,7 – 0,3
<i>UEM-Co1/Ciclo C₀</i>	36	32	2.913	6,63
	72	38	2.318	4,88
	162	32	2.791	3,47
	39	37	2.416	2,70
	30	37	2.376	2,67
<i>UEM-Co1/Ciclo C₁</i>	8	32	3.274	11,99
	162	34	3.054	6,36
	72	39	2.616	5,78
	30	38	2.501	3,96
	13	36	2.719	0,95
<i>UEM-Co2/Ciclo C₀</i>	36	30	3.023	7,66
	72	31	2.665	6,99
	162	26	3.093	4,41
	30	30	2.567	4,08
	34	31	2.301	1,81
<i>UEM-Co2/Ciclo C₁</i>	30	38	2.997	7,70
	8	30	3.763	4,68
	72	37	3.070	4,52
	20	37	2.967	4,36
	162	31	3.544	1,84

IR: valores atribuídos para CE e RG, respectivamente, sendo obtidos a partir destes, valores para a estatística F_i .

5. CONCLUSÕES

O emprego de índices de seleção para a estimação dos ganhos genéticos mostrou-se eficiente, promovendo ganhos genéticos equilibrados e elevados para CE e RG.

Em termos gerais, o índice de Tallis, para todos os pesos econômicos, e de Pesek e Baker, com peso econômico 1-DPG, foram os mais promissores na identificação de famílias superiores para ambos os compostos.

Com a aplicação da estatística C_i , o índice que promoveu os maiores ganhos balanceados foi o índice de Subandi, seguido de Mulamba e $Mock_{(CVg)}$, para os dois compostos, *UEM-Co1* e *UEM-Co2*.

A estatística F_i foi eficiente na seleção de famílias, gerando ganhos elevados para ambas as características estudadas, superando as médias das famílias selecionadas pela seleção direta.

A F_i pode ser usada como uma nova proposta de seleção, em que se busquem ganhos em múltiplas características, como para RG e CE. Por ser de fácil manuseio, possibilita ao melhorista escolher a importância relativa de acordo com os objetivos do seu programa de melhoramento.

6. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

AGRIANUAL. **Anuário da Agricultura Brasileira**. FNP Consultoria e Comércio. São Paulo: Editora Argos, 2012. 172p.

ALEXANDER, D.E. Breeding special industrial and nutritional types. In: SPRAGUE, G.F.; DUDLEY, J.W. (eds.). **Corn and corn improvement**. Madison: American Society of Agronomy, 1988. p. 69-80.

ALEXANDER, D.E.; GREECH, R.G. Popcorn. In: SPRAGUE, G.F. (ed.). **Corn and corn improvement**. New York: Academic Press, 1977. p. 385-386.

AMARAL JÚNIOR, A.T.; FREITAS JÚNIOR, S.P.; RANGEL, R.M.; PENA, G.F.; RIBEIRO, R.M.; MORAIS, R.C.; SCHUELTER, A.R. Improvement of a popcorn population using selection indexes from a fourth cycle of recurrent selection program carried out in two different environments. **Genetics and Molecular Research**, 9:340-347, 2010.

AMARAL JÚNIOR, A.T.; FREITAS JÚNIOR, S.P.; RANGEL, R.M.; PENA, G.F.; RIBEIRO, R.M.; MORAIS, R.C.; SCHUELTER, A.R. Improvement of a popcorn population using selection indexes from a fourth cycle of recurrent selection program carried out in two different environments. **Genetics and Molecular Research**, 9:340-347, 2010a.

AMARAL JÚNIOR, A.T.; GONÇALVES, L.S.A.; FREITAS JÚNIOR, S.P.; CANDIDO, L.S.; VITTORAZZI, C.; PENA, G.F.; RIBEIRO, R.M.; SILVA, T.R.C.; PEREIRA, M.G.; SCAPIM, C.A.; VIANA, A.P.; CARVALHO, G.F. UENF 14: a new popcorn cultivar. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, 13:218-220, 2013.

ARNOLD, E.; VIANA, J.M.; SILVA, R.G. Associação de desempenho entre famílias S3 e seus híbridos topcross de milho-pipoca. **Revista Ciência e Agrotecnologia**, 40:396-399, 2009.

ARNOLD, E.; VIANA, J.M.; SILVA, R.G. Associação de desempenho entre famílias S3 e seus híbridos topcross de milho-pipoca. **Revista Ciência e Agrotecnologia**, 40:396-399, 2009a.

BAKER, R. **Selection indices in plant breeding**. Florida: CRC Press, 1986. 218p.

BARBOSA, M.H.P.; PINTO, C.A.B. Eficiência de índices de seleção na identificação de clones superiores de batata, **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, 33:149-156, 1999.

BARGHINI, A. **O milho na américa do sul pré-colombiana: uma história natural**, São Leopoldo: Unisinos, 2004, 170p.

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. **Revista Semina**, 33:873-890, 2012.

BESPALHOK FILHO, J.C.; GUERRA, E.P.; OLIVEIRA, R.A. **Noções de genética quantitativa**. Cap. 5. Disponível em: <http://www.bespa.agrarias.ufpr.br/paginas/livro/capitulo%205.pdf>. Acesso em: 20, novembro, 2012.

BESPALHOK FILHO, J.C.; GUERRA, E.P.; OLIVEIRA, R.A. **Variedades híbridas: obtenção e predição**. Cap. 15. Disponível em: <http://www.bespa.agrarias.ufpr.br/paginas/livro/capitulo%2015.pdf>. Acesso em: 20, novembro, 2012a.

BHERING, L.L.; LAVIOLA, B.G.; SALGADO, C.C.; SANCHEZ, C.F.B.; ROSADO, T.B.; ALVES, A.A. Genetic gains in physic nut using selection indexes. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, 47:402-408, 2012.

BISON, O.; RAMALHO, M.A.P.; RAPOSO, F.V. Potencial de híbridos simples de milho para extração de linhagens. **Ciência e Agrotecnologia**, 27:348-355, 2003.

BORÉM, A. **Melhoramento de plantas**, Viçosa: UFV, 2005. 525p.

BRASIL. Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento. **Registro Nacional de Cultivares - RNC**. Disponível em: <http://www.agricultura.gov.br/>. Acesso em: 10, jan., 2012a.

BRASIL. Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento. **Registro Nacional de Cultivares - RNC**. Disponível em: <http://www.agricultura.gov.br/>. Acesso em: 10, jan., 2012b.

BRASIL. Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento. **Projeções do agronegócio: Brasil 2012/2013 a 2022/2023** / Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento. Assessoria de Gestão Estratégica. Brasília: Mapa/ACS, 2013. 96p.

BROCCOLI, A.M.; BURAK, R. Effect of genotype x environment interactions in popcorn maize yield and grain quality. **Spanish Journal of Agricultural Research**, 2:85-91, 2004.

BUENO, L.C.S.; MENDES, A.N.G.; CARVALHO, S.P. **Melhoramento de plantas: princípios e procedimentos**. Lavras:UFLA, 2006. 319p.

CANDIDO, L.S.; COUTO, M.F.; GARCIA, F.Q.; ANDRADE, J.A.C. Ganhos Genéticos por índices de seleção na população Isanão VF-1 de milho em época de segunda safra. XXVIII CONGRESSO NACIONAL DE MILHO E SORGO, 2010. **Resumos...** Goiânia: Associação Brasileira de Milho e Sorgo, 2010. p. 2960-2965. Disponível em CD-Rom.

CARENA, M.J. Maize commercial hybrids compared to improved population hybrids for grain yield and agronomic performance. **Euphytica**, 141:201-208, 2005.

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

CARVALHO, C.; VENCATO, A.Z.; KIST, B.B.; SANTOS, C.; REETS, E.R.; POLL, H.; BELING, R.R. **Anuário brasileiro do milho 2013**. Santa Cruz do Sul: Gazeta Santa Cruz, 2013. 128p.

CARVALHO, M.S.N.; MANGOLIN, C.A.; SCAPIM, C.A.; SILVA, T.A.; MACHADO, M.F.P.S. A collection of popcorn as a reservoir of genes for the generation of lineages. **Molecular Biotechnology**, 53:300-207, 2013a.

CEASA/SEAB/PR. **Cotação dos produtos industrializados**. Disponível em: http://celepar7.pr.gov.br/ceasa/hoje_com_dia.asp. Acesso em: 14, novembro, 2013.

CEASA-CAMPINAS. **ITEC.Net - Informações técnico-econômicas. Boletim informativo diário de preços.** Disponível em: <http://www.ceasacampinas.com.br/cotacoes/documentos/cotacao.pdf>. Acesso em: 15, novembro, 2013a.

CÉRON-ROJAS, J.J.; CROSSA, J.; SAHAGUN-CASTELLANOS, J.; CASTILLO-GONZALEZ, F.; SANTACRUZ-VARELA, A. A selection index method based on eigenanalysis. **Crop Science**, 46:1711–1721, 2006.

CLARY, G.E. **A study of the inheritance of popping expansion in popcorn.** West Lafayette: Purdue University, 1954. 87p.. Tese (PhD of Engineering).

COIMBRA, R.R.; MIRANDA, G.V.; VIANA, J.M.S.; CRUZ, C.D. Correlações entre caracteres na população de milho-pipoca DFT-1 Ribeirão, **Revista Ceres**, 48:427-435, 2001.

COIMBRA, R.R.; MIRANDA, G.V.; VIANA, J.M.S.; CRUZ, C.D.; MURAKAMI, D.M.; SOUZA, L.V.; FIDELIS, R.R. Estimation of genetic parameters and prediction of gains for DFT1-Ribeirão popcorn population. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, 2:33-38, 2002.

COMPTON, W.A.; LONQUIST, J.H. A multiplicative selection index applied to four cycles of full-sib recurrent selection in maize. **Crop Science**, 22:981-982, 1982.

CONAB. Companhia Nacional de Abastecimento. **Acompanhamento de safra brasileira: grãos, décimo segundo levantamento, setembro 2013.** Brasília: Conab, 2013. 30p. (Publicação mensal).

COSTA, M.M.; DI MAURO, A.O.; UNÊDA-TREVISOLI, S.H.; ARRIEL, N.H.C.; BÁRBARO, I.M.; MUNIZ, F.R.S. Ganho genético por diferentes critérios de seleção em populações segregantes de soja. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, 39:1095-1102, 2004.

CROSBIE, T.M.; MOCK, J.J.; SMITH, O.S. Comparison of gains predicted by several selection methods for cold tolerance traits of two maize populations. **Crop Science**, 20:649-655, 1980.

CRUZ, C.D. Programa Genes: Biometria. Editora UFV. Viçosa (MG). 2006. 382p.

CRUZ, C.D.; CARNEIRO, P.C.S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa, MG: Editora UFV, 2003. 585p.

CRUZ, C.D.; REGAZZI, A.J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa, MG: UFV, 2001. 390p.

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

CRUZ, C.D.; VENCOSKY, R.; SILVA, S.O.; TOSELLO, G.A. Comparison of gains from selection from selection among corn progenies, based on different criteria. **Revista Brasileira de Genética**, 16:79-89, 1993.

CUNHA, K.S. **Marcadores moleculares aplicados à seleção recorrente recíproca em famílias de irmãos completos em milho (*Zea mays* L.)**. Campos dos Goytacazes: Universidade Estadual do Norte Fluminense, 2010. 73p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas).

CUNHA, K.S.; GABRIEL, A.P.C.; FREITAS JÚNIOR, S.P.F.; IDALINO, W.S.S.; CARVALHO, G.F.; PEREIRA, M.G. Predição de ganhos genéticos utilizando índice de seleção em um programa de seleção recorrente recíproca de famílias de irmãos completos em milho (*Zea mays* L.). In: XXVIII CONGRESSO NACIONAL DE MILHO E SORGO. Goiânia, 2010. **Resumos Expandidos...** Goiânia: Associação Brasileira de Milho e Sorgo, 2010, p. 3027-3131.

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

DANDOLINI, T.S.; SCAPIM, C.A.; AMARAL JÚNIOR, A.T.; MANGOLIN, C.A.; MACHADO, F.P.S.; MOTT, A.S.; LOPES, A.D. Genetic divergence in popcorn lines detected by microsatellite markers. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, 8:313-320, 2008.

DAROS, M.; AMARAL JÚNIOR, A.T.; PEREIRA, M.G. Genetic gain for grain yield and popping expansion in full-sib recurrent selection in popcorn. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, 2:339-344, 2002.

DAROS, M.; AMARAL JUNIOR, A.T.; PEREIRA, M.G.; SANTOS, F.S.; GABRIEL, A.P.C.; SCAPIM, C.A.; FREITAS JUNIOR, S.P.; SILVERIO, L. Recurrent selection in inbred popcorn families. **Scientia Agricola**, 61:609-614, 2004a.

DAROS, M.; AMARAL JUNIOR, A.T.; PEREIRA, M.G.; SANTOS, F.S.; SCAPIM, C.A.; FREITAS JUNIOR, S.P.; DAHER, R.F.; AVILA, M.R. Correlações entre caracteres agronômicos em dois ciclos de seleção recorrente em milho-pipoca. **Ciência Rural**, 34:1389-1394, 2004b.

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**, 31:715-718, 1991.

DOVALE, J.C.; FRITSCHÉ-NETO, R.; SILVA, P.S.L. Índice de seleção para cultivares de milho com dupla aptidão: minimilho e milho verde. **Bragantia**, 70:781-787, 2011.

EBERHART, S.A. **Ciba-geigy Agrochemicals**. Maize. Basle, Switzerland: Ciba-Geigy Agrochemicals, 1979. 105p.

ELOI, I.B.O.; MANGOLIN, C.A.; SCAPIM, C.A.; GONÇALVES, C.S.; MACHADO, M.F.P.S. Selection of high heterozygosity popcorn varieties in Brazil based on SSR markers. **Genetics and Molecular Research**, 11:1851-1860, 2012.

ELSTON, R.C. A weight-free index for the purpose of ranking or selection with respect to several traits at a time. **Biometrics**, 19:85-97, 1963.

EMBRAPA HORTALIÇAS. **Milho verde**. Disponível em: http://www.cnph.embrapa.br/laborato/pos_colheita/dicas/pagina_milho_verde.html. Acesso em: 20, novembro, 2012.

FARIA, V.R.; VIANA, J.M.S.; SOBREIRA, F.M.; SILVA, A.C. Seleção recorrente recíproca na obtenção de híbridos interpopulacionais de milho-pipoca. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, 43:1749-1755, 2008.

FARIAS, F.J.C. **Índice de seleção em cultivares de algodoeiro herbáceo**. Piracicaba: Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, 2005. 121p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas).

FERREIRA, A.; CECON, P.R.; CRUZ, C.D.; FERRÃO, R.G.; SILVA, M.F.; FONSECA, A.F.A.; FERRÃO, M.A.G. Seleção simultânea de *Coffea canephora* por meio da combinação de análise de fatores e índices de seleção **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, 40:1189-1195, 2005.

FRANZONI, J.; SCAPIM, C.A.; BEVILAQUA, M.R.R.; MACHADO, M.F.P.; PACHECO, C.A.P.; MANGOLIN, C.A. Evaluating heterozygosity during selection cycles of the popcorn compound CMS-43 (*Zea mays* L.) using microsatellite markers. **Plant Breeding**, 131:479-485, 2012.

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. **Revista Semina**, 30:803-814, 2009.

FREITAS, I.L.J. **Ganhos genéticos na população UENF-14 de milho pipoca sob seleção recorrente**. Campos dos Goytacazes: Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, 2013. 59p. Tese (Doutorado em Produção Vegetal).

FREITAS, J.P.X.; OLIVEIRA, E.J.; JESUS, O.N.; CRUZ NETO, A.J. SANTOS, L.R. Formação de população base para seleção recorrente em maracujazeiro-amarelo com uso de índices de seleção. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, 47:393-401, 2012.

GALVÃO, J.C.C.; SAWAZAKI, E.; MIRANDA, G.V. Comportamento de híbridos de milho pipoca em Coimbra, Minas Gerais. **Revista Ceres**, 47:201-218, 2000.

GAMA, E.E.G.; MAGNAVACA, R.; SILVA, J.B.; SANS, L.M.A.; VIANA, P.A.; PARENTONI, S.N.; PACHECO, C.A.P.; CORREA, L.A.; FERNANDES, F.T. **Informativo Agropecuário**, 14:8-12, 1990.

GONÇALVES, G.M.; VIANA, A.P.; BEZERRA NETO, F.V.; PEREIRA, M.G.; PEREIRA, T.N.S. Seleção e herdabilidade na predição de ganhos genéticos em maracujá-amarelo. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, 42:193-198, 2007.

GOODMAN, M.M.; SMITH, J.S.C. Botânica. In: PATERNIANI, E.; VIÉGAS, G.P. (eds.). **Melhoramento e produção de milho**. Campinas: Fundação Cargill, 1987. p. 41-78.

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**, 37:101-108, 2002.

GREEN JUNIOR, V.E.; HARRIS JUNIOR, E.D. Popcorn quality and the measurement of popping expansion. **Proceedings of the Soil and Crop Science Society of Florida**, 20:28-41, 1960.

GRISSEON, D.B. **Heritability and association of characters affecting popping volume in dent corn-pop corn crosses**. Ames: Iowa State College, 1951. 92p. Dissertação (Mestrado em Genética)

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

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

HEINZ, R.; MOTA, L.H.S.; GONÇALVES, M.C.; VIÉGAS NETO, A.L.; CARLESSO, A. Seleção de progênies de meio-irmãos de milho para eficiência no uso de nitrogênio. **Revista Ciência Agronômica**, 43:731-739, 2012.

ITOK, Y.; YAMADA, Y. Comparisons of selection indices achieving predetermined proportional gains. **Genetika**, 19:69-82, 1987.

JAFARI, A.; PAKNEJAD, F.; AL-AHMADI, M.J. Evaluation of selection indices for drought tolerance of corn (*Zea mays* L.) hybrids. **International Journal of Plant Production**, 3:33-38, 2009.

JAMES, J.W. Index selection with restrictions. **Biometrics**, 24:1015-1018, 1968.

JUGENHEIMER, R.W. **Corn improvement, seed production and uses**. New York, John Wiley, 1976. 670p.

KANTETY, R.V.; ZENG, X.P.; BENNETZEN, J.L.; ZEHR, B.E. Assessment of genetic diversity in dent and popcorn (*Zea mays* L.) inbred lines using inter-simple sequence repeat (ISSR) amplification. **Molecular Breeding**, 1:365-373, 1995.

KAUFFMANN, K.D.; DUDLEY, J.W. Selection indices for corn grain yield, percent protein, and kernel weight. **Crop Science**, 19:583-588, 1979.

KEMPTHORNE, O.; NORDSKOG, A.W. Restricted selection indices. **Biometrics**, 15:10-19, 1959.

KIST, V. **Seleção recorrente de famílias de meio-irmãos em população composta de milho (*Zea mays* L.) procedente de Ancheita – SC**. Florianópolis: Universidade Federal de Santa Catarina, 2006. 163p. Dissertação (Mestrado em Ciências).

KRAUSE, W.; SOUZA, R.S.; NEVES, L.G.; CARVALHO, M.L.S.; VIANA, A.P.; FALEIRO, F.G. Ganho de seleção no melhoramento genético intrapopulacional do maracujazeiro-amarelo. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, 47:51-57, 2012.

LEAL, A.A.; MANGOLIN, C.A.; AMARAL JÚNIOR, A.T.; GONÇALVES, L.S.A.; MOTT, A.S.; ELOI, I.B.O.; CORDOVÉS, V.; SILVA, M.F.P. Efficiency of RAPD versus SSR markers for determining genetic diversity among popcorn lines. **Genetics and Molecular Research**, 9:9-18, 2010.

LIMA, M.; ZINSLY, J.R.; MÔRO, J.R. Seleção massal estratificada no milho-pipoca (*Zea mays* L.) visando o aumento da produtividade, caracteres agrônômicos e capacidade de expansão. **Relatório Científico da ESALQ**, 7:83-88, 1973.

LIN, C.Y. A simple stepwise procedure of deriving selection index with restrictions. **Theoretical and Applied Genetics**, 70:147-150, 1985.

LIN, C.Y. A simultaneous procedure for deriving selection indexes with multiple restrictions. **Journal of Animal Science**, 83:531-536, 2005.

LUZ, M.L.S.; DALPASQUALE, V.A.; SCAPIM, C.A; BRACCINI, A.L.; ROYER, M.R.; MORA, F. Influência da umidade das sementes na capacidade de expansão de três genótipos de milho- três genótipos de milho-pipoca (*Zea mays* L.). **Acta Scientiarum Agronomy**, 27:549-553, 2005.

MAGNUSSEN, S. Selection index: economic weights for maximum simultaneous genetic gain. **Theoretical and Applied Genetics**, 79:289-293, 1990.

MANGELSDORF, P.M. **Corn its origin evolution and improvement**. Cambridge: Harward University Press, 1974. 273p.

MARINHO, C.D. **Análise de estabilidade fenotípica e uso de índices para seleção de linhagens de feijão-vagem**. Campos dos Goytacazes: Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro. 2012. 135p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas).

MARTIN, S.K.; LOESCH JÚNIOR, P.J.; DEMOPULOS-RODRIGUEZ, J.T.; WISER, W.J. Selection indices for the improvement of opaque-2 maize. **Crop Science**, 22:478-485.

MATTA, F.P. **Seleção entre e dentro de famílias de meio-irmãos na população de milho pipoca Beija-Flor (*Zea mays* L.)**. Viçosa: Universidade Federal de Viçosa, 2000. 83p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento).

MELO, M.R.C.; MIRANDA FILHO, J.B.; ZINSLY, J.R.; LIMA, M. Avaliação de germoplasma de milho-pipoca. **Relatório Científico da ESALQ**, 5:106-112, 1971.

MIRANDA, G.A.; COIMBRA, R.R.; GODOY, C.D.; SOUZA, L.V.; GUIMARÃES, L.J.M.; MELO, A.V. Potencial de melhoramento e divergência genética de cultivares de milho-pipoca. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, 38:681-688, 2003.

MORAES NETO, S.P. Índices de seleção para progênies de *Pinus oocarpa*. In: IX SIMPÓSIO NACIONAL CERRADO/II SIMPÓSIO INTERNACIONAL SAVANAS TROPICAIS. Brasília, 2008. **Resumos expandidos...** Brasília: Embrapa Cerrados promotora do evento, 2008. p. 76-77.

MOTERLE, L.M.; BRACCINI, A.L.; SCAPIM, C.A.; PINTO, R.J.B.; GONÇALVES, L.S.A.; RODRIGUES, R.; AMARAL JÚNIOR, A.T. Combining ability of popcorn lines for seed quality and agronomic traits. **Euphytica**, 185:337-347, 2012.

MOTERLE, L.M.; SCAPIM, C.A.; BRACCINI, A.L.; RODOVALHO, M.A.; BARRETO, R.R. Influência do estresse hídrico sobre o desempenho fisiológico de sementes de híbridos simples de milho-pipoca. **Ciência e Agrotecnologia**, 32:1810-1817, 2006.

MOTERLE, L.M.; SCAPIM, C.A.; BRACCINI, A.L.; RODOVALHO, M.A.; BARRETO, R.R. Influência do estresse hídrico sobre o desempenho fisiológico de sementes de híbridos simples de milho-pipoca. **Ciência e Agrotecnologia**, 32:1810-1817, 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**, 7:40-51, 1978.

MUNHOZ, R.E.F.; PRIOLI, A.J.; AMARAL JÚNIOR, A.T.; SCAPIM, C.A.; SIMON, G.A. Genetic distances between popcorn populations based on molecular markers and correlations with heterosis estimates made by diallel analysis of hybrids. **Genetics and Molecular Research**, 8:951-962, 2009.

NEVES, L.G.; BRUCKNER, C.H.; CRUZ, C.D.; VIANA, A.P.; BARELLI, M.A.A. Predição de ganhos, com diferentes índices de seleção, para características de frutos do maracujazeiro-amarelo. **Revista Brasileira de Fruticultura**, 33:1322-1330, 2011.

NEWLIN, J.J.; ANDERSON, E.; BRESSMAN, E.N. Popcorn. In: WALLACE, H.A.; BRESSMAN, E.N. **Corn and corn growing**. New York: John Wiley, 1949. p. 204-221.

NIEBEL, E.; VAN VLECK, L.D. Optimal procedures for restricted selection index. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, 100: 9-26, 1983.

OLIVEIRA, E.C. **Marcadores ISSR na formação de grupos heteróticos e na inferência evolutiva de milho pipoca**. Campos dos Goytacazes: Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, 2010. 95p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas).

OLIVEIRA, E.J.; SANTOS, V.S.; LIMA, D.S.; MACHADO, M.D.; LUCENA, R.S.; MOTTA, T.B.N.; CASTELLEN, M.S. Seleção em progênies de maracujazeiro-amarelo com base em índices multivariados. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, 43:1543-1549, 2008.

ÖZ, A.; KAPAR, H. Determination of grain yield, some yield and quality traits of Promising hybrid popcorn genotypes. **Turkish Journal of Field Crops**, 16:233-238, 2011.

PACHECO, C.A.P.; CASTOLDI, F.L.; ALVARENGA, E.M. Efeito do dano mecânico na qualidade fisiológica e na capacidade de expansão de sementes de milho-pipoca. **Revista Brasileira de Sementes**, 7:267-270, 1996.

PACHECO, C.A.P.; GAMA, E.E.G.; GUIMARÃES, P.E.O.; SANTOS, M.X.; FERREIRA, A.S. Estimativas de parâmetros genéticos nas populações CMS-42 e CMS-43 de milho pipoca. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, 33:1995-2001, 1998.

PACHECO, C.A.P.; GARCIA, R.C.; OLIVEIRA, X.C.; MONTEIRO, J.A. Avaliação de milho pipoca de diferentes marcas comerciais disponíveis no mercado brasileiro. In: XIX CONGRESSO NACIONAL DE MILHO E SORGO. XXXVII REUNIÃO TÉCNICA ANUAL DE MILHO. XXI REUNIÃO TÉCNICA ANUAL DO SORGO. Porto Alegre, 1992. **Resumos...** Porto Alegre: SAA, 1992, 45p.

PARODA, R.S.; JOSHI, B. Correlations, path-coefficients and the implication of discriminant function for selection in wheat (*Triticum aestivum*). **Heredity**, 25:383-392, 1970.

PATERNIANI, E. **Estudos recentes sobre heterose**. São Paulo: Fundação Cargill, 1974. 36p. (Boletim n.1).

PATERNIANI, E. Selection among and within half-sibs families in a Brazilian population of maize (*Zea mays* L.). **Crop Science**, 7:212-216, 1967.

PATERNIANI, E.; CAMPOS, M.S. Melhoramento do milho, In: BORÉM, A. (ed.). **Melhoramento de espécies cultivadas**. Viçosa: UFV, 1999. p. 429-478.

PATERNIANI, E.; MIRANDA FILHO, J.B. Melhoramento de populações. In: PATERNIANI, E.; VIÉGAS, G.P. (eds.). **Melhoramento e produção do milho**. Campinas: Fundação Cargill, 1987. p. 217-274.

PAULA, R.C.; PIRES, I.E.; BORGES, R.C.G.; CRUZ, C.D. Predição de ganhos genéticos em melhoramento florestal. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, 37:159-165, 2002.

PAULA, T.O.M. **Adaptabilidade e estabilidade, divergência genética e otimização experimental em milho pipoca**. Goytacazes: Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, 2009. 205p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas).

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

PEREIRA, L.K.; SCAPIM C.A.; MANGOLIN, C.A.; MACHADO, M.F.P.; PACHECO, C.A.P.; MORA, F. Heterozygosity following half-sib recurrent selection in popcorn using isoenzyme markers. **Electronic Journal of Biotechnology**, 11:41-49, 2008.

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

PESEK, J.; BAKER, R.J. Desired improvement in relation to selected indices. **Canadian Journal of Plant Science**, 49:803-804, 1969.

PIMENTEL, M.A.G. **Novo padrão de classificação do milho é aprovado**. Jornal eletrônico da embrapa milho e sorgo. Disponível em: http://www.cnpms.embrapa.br/grao/30_edicao/grao_em_grao_materia_02.htm. Acesso em: 12, novembro, 2013.

PINTO, R.J.B. **Introdução ao melhoramento genético de plantas**. Maringá: Eduem, 2009. 351p.

RANGEL, R.M. **Análise biométrica na população UENF de milho pipoca sob seleção recorrente**. Campos dos Goytacazes: Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, 2009. 94p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas).

RANGEL, R.M.; AMARAL JÚNIOR, A.T.; GONÇALVES, L.S.A.; FREITAS JÚNIOR, S.P.; CANDIDO, L.S. Análise biométrica de ganhos por seleção em população de milho-pipoca de quinto ciclo de seleção recorrente. **Revista Ciência Agronômica**, 42:473-481, 2011.

RANGEL, R.M.; AMARAL JÚNIOR, A.T.; VIANA, A.P.; FREITAS JÚNIOR, S.P.; PEREIRA, M.G. Prediction of popcorn hybrid and composite means. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, 7:288-296, 2007.

RAO, C.R. Problems of selection with restrictions. **Journal of the Royal Statistical Society**, Series B, 24:401-405, 1962.

RESENDE, M.D.V.; OLIVEIRA, E.B.; HIGA, A.R. Utilização de índices de seleção no melhoramento de eucalipto. **Boletim de Pesquisa Florestal**, 21:1-13, 1990.

RESH, F.S. **Diversidade genética de genótipos de milho-pipoca utilizando análise molecular**. Maringá: Universidade Estadual de Maringá, 2009. 82p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento).

RIBEIRO, R.M.; AMARAL JÚNIOR, A.T.; GONÇALVES, L.S.A.; CANDIDO, L.S.; SILVA, T.R.; PENA, G.F. Genetic progress in the UNB-2U population of popcorn under recurrent selection in Rio de Janeiro. **Genetics and Molecular Research**, 11:1417-1423, 2012.

RICCI, G.C.L. **Comportamento meiótico em linhagens de milho-pipoca (“Zea mays L.”) com diferentes níveis de heterozigose**. Maringá: Universidade Estadual de Maringá, 2006, 53p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento).

ROCHA, R.B.; RAMALHO, A.R.; TEIXEIRA, A.L.; LAVIOLA, B.G.; SILVA, F.C.G.; MILITÃO, J.S.L.T. Eficiência da seleção para incremento do teor de óleo do pinhão-mansão. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, 47:44-50, 2012.

RODOVALHO, M.A.; SCAPIM, C.A.; PINTO, R.J.B.; BARRETO, R.R.; FERREIRA, F. R.A.; CLÓVIS, L.R. Comparação de testadores em famílias S₂ obtidas do híbrido simples de milho-pipoca IAC-112. **Bioscience Journal**, 28:145-154, 2012.

ROSADO, L.D.S.; SANTOS, C.E.M.; BRUCKNER, C.H.; NUNES, E.S.; CRUZ, C.D. Simultaneous selection in progenies of yellow passion fruit using selection indices. **Revista Ceres**, 59:95-101, 2012.

ROSIELLE, A.A.; FREY, K.J. Application of restricted selection indices for grain yield improvement in oats. **Crop Science**, 15:544-547, 1975.

SAAVEDRA, J.; SILVA, T.A.; MORA, F.; SCAPIM, C.A. Bayesian analysis of the genetic structure of a Brazilian popcorn germplasm using data from simple sequence repeats (SSR). **Chilean Journal of Agricultural Research**, 73:99-107, 2013.

SANCHES, R.E.; SCAPIM, C.A.; TESSMANN, D.J.; VIEIRA, R.A.; RODOVALHO, M.A.; MILANI, K.F. Genetic analysis of tropical rust resistance in popcorn lines. **Ciência Rural**, 41:967-971, 2011.

SANTACRUZ-VARELA, A.; WIDRLECHNER, M.P.; ZIEGLER, K.E.; ALVADOR, R.J.; MILLARD, M.J.; BRETTING, P.K. Phylogenetic relationships among North American popcorns and their evolutionary links to Mexican and South American popcorns. **Crop Science**, 44:1456-1467, 2004.

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

SANTOS, F.S.; AMARAL JÚNIOR, A.T.; FREITAS JÚNIOR, S.P.; RANGEL, R.M.; SCAPIM, C.A.; MORA, F. Genetic gain prediction of the third recurrent selection cycle in a popcorn population. **Acta Scientiarum Agronomy**, 30:651-655, 2008.

SANTOS, J.F. **Heterozigosidade em ciclos de seleção do composto CMS-43 de milho pipoca (*Zea mays* L.) utilizando marcadores microssatélites**. Maringá: Universidade Estadual de Maringá, 2008. 47p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento).

SAWAZAKI, E. **Melhoramento do milho-pipoca**. Campinas: Instituto Agronômico, 1995. 21p.

SAWAZAKI, E. **Parâmetros genéticos em milho-pipoca (*Zea mays* L.)**. Piracicaba: Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, 1996. 157p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas).

SAWAZAKI, E. A cultura do milho pipoca no Brasil. **O agrônomo**, 53:11-13, 2001.

SAWAZAKI, E. **O milho-pipoca**. Disponível em: http://www.abms.org.br/cn_milho/palestras/010.pdf. Acesso em: 17, novembro, 2013.

SAWAZAKI, E.; CASTRO, J.L.; GALLO, P.B.; PATERNIANI, M.E.A.G.Z.; SILVA, R.M.; LUDER, R.R. Potencial de híbridos temperados de milho pipoca em cruzamentos com o testador semitropical IAC 12. **Revista Brasileira de Milho e Sorgo**, 2:61-70, 2003.

SAWAZAKI, E.; GALLO, P.B.; SARDI, G.; LONGO, L.S. Estudo da capacidade de expansão em cruzamentos dialélicos entre variedades de milho pipoca. In: XV CONGRESSO NACIONAL DE MILHO E SORGO, Brasília, 1986. **Resumos...** Brasília: EMBRAPA-DDT, 1986. p.157-160.

SAWAZAKI, E.; PATERNIANI, M.E.A.G.Z.; CASTRO, J.L.; GALLO, P.B.; GALVÃO, J.C.C.; SAES, L.A. Potencial de linhagens de populações locais de milho pipoca para síntese de híbridos. **Bragantia**, 59:143-151, 2000.

SCAPIM, C.A.; AMARAL JÚNIOR, A.T.; VIEIRA, R.A.; MOTERLE, L.M.; TEXEIRA, L.R.; VIGANÓ, J.; SANDOVAL JÚNIOR, G.B. Novos compostos de milho-pipoca para o Brasil. **Revista Semina**, 31:321-330, 2010.

SCAPIM, C.A.; BRACCINI, A.L.; PINTO, R.J.B.; AMARAL JÚNIOR, A.T.; RODOVALHO, M.A.; SILVA, R.M.; MOTERLE, L.M. Componentes genéticos de médias e depressão por endogamia em populações de milho pipoca. **Ciência Rural**, 36:36-41, 2006.

SCAPIM, C.A.; MORA, F. Genetic gain prediction of the third recurrent selection cycle in a popcorn population. **Acta Scientiarum Agronomy**, 30:651-655, 2008.

SCAPIM, C.A.; PACHECO, C.A.P.; TONET, A.T.; BRACCINI, A.L.; BARTH PINTO, R.J. Análise dialélica e heterose de populações de milho pipoca. **Bragantia**, 61:219-230, 2002.

SCHEINBERGZ, E.; BELL, A.E.; ANDERSON, V.L. Genetic gain in populations of *Tribolium castaneum* under uni-stage tandem selection and under restricted selection indice. **Genetics**, 55:69-90, 1967.

SEZEGEN, B.; CARENA, M.J. Divergent recurrent selection for cold tolerance in two improved maize populations. **Euphytica**, 167:237-244, 2009.

SHARMA, R.C.; DUVEILLER, E. Selection index for improving helminthosporium leaf blight resistance, maturity, and kernel weight in spring wheat. **Crop Science**, 43:2031-2036, 2003.

SHULL, G.H. The composition of a field of maize, **American Breeders Association Report**, 4:296-301, 1908.

SILVA, E.S.; LIMA E SILVA, P.S.; NUNES, G.H. DE S.; BARBOSA E SILVA, K.M. Estimaco de parâmetros genéticos no composto de milho ESAM-1. **Caatinga**, 12:43-52, 2001.

SILVA, G.O.; VIEIRA, J.V. Componentes genéticos e fenotípicos para caracteres de importância agrônômica em população de cenoura sob seleço recorrente. **Horticultura Brasileira**, 26: 481-485, 2008.

SILVA, M.G.M.; VIANA, A.P.; GONÇALVES, G.M. AMARAL JÚNIOR, A.T.; PEREIRA, M.G. Seleço recorrente intrapopulacional no maracujazeiro amarelo: alternativa de capitalizaço de ganhos genéticos. **Ciência e Agrotecnologia**, 33:170-176, 2009.

SILVA, T.A.; PINTO, R.J.B.; SCAPIM, C.A.; MANGOLIN, C.A.; MACHADO, M.F.P.S.; CARVALHO, M.S.N. Genetic divergence in popcorn genotypes using microsatellites in bulk genomic DNA. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, 9:31-36, 2009.

SIMON, G.A.; SCAPIM, C.A.; PACHECO, C.A.P.; PINTO, R.J.B.; BRACCINI, A.L.; TONET, A. Depressão por endogamia em populações de milho-pipoca. **Bragantia**, 63:55-62, 2004.

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

SMITH, O.S.; HALLAUER, A.R.; RUSSEL, W.A. Use of index selection in recurrent selection programs in maize. **Euphytica**, 30:611-6198, 1981.

SODAVADIYA, P.R.; PITHIA, M.S.; MEHTA, D.R.; SAVALIYA, J.J. Selection indices for yield improvement in pigeonpea [*Cajanus cajan* (L.) Millsp]. **Agricultural Science Digest**, 32:156-159, 2012.

SUBANDI, W.; COMPTON, A.; EMEIG, L.T. Comparison of the efficiencies of selection indices for three traits in two variety crosses of corn. **Crop Science**, 13:184-186, 1973.

SUWANTARADON, K.; EBERHART, S.A.; MOCK, J.J.; OWENS, J.C.; GUTHRIE, W.D. Index selection for several agronomic traits in the BSSS maize population. **Crop Science**, 15:827-833, 1975.

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

TARDIN, F.D.; PEREIRA, M.G.; GABRIEL, A.P.C.; AMARAL JÚNIOR, A.T.; SOUZA FILHO, G.A. Selection index and molecular markers in reciprocal recurrent selection in maize. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, 7:225-233, 2007.

TEIXEIRA, A. Rio grande do sul, Notícias do Piratini. **Dia de Campo estimulará produção de milho pipoca em áreas irrigadas**. 2008. Disponível em: <http://www.estado.rs.gov.br/direciona.php?key=Y2FwYT0xJmludD1ub3RpY2lhJm5vdGlkPTY0MTY2Jm1lbnU9MTMmc3VibWVudT0mdmc9JnZhYz0=>. Acesso em: 08, novembro, 2013.

TEIXEIRA, D.H.L.; OLIVEIRA, M.S.P.; GONÇALVES, F.M.A.; NUNES, J.A.R. Índices de seleção no aprimoramento simultâneo dos componentes da produção de frutos em açaizeiro. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, 47:237-243, 2012.

TRINDADE, A.P.R.; PINTO, R.J.B.; AMARAL JÚNIOR, A.T.; MANGOLIN, C.A.; MACHADO, M.F.P.S.; SCAPIM, C.A. Genetic diversity of breeding popcorn lines determined by SSR markers. **Electronic Journal of Biotechnology**, 13:1-9, 2010.

VENDRUSCOLO, E.C.G.; SCAPIM, C.A.; PACHECO, C.A.P.; OLIVEIRA, V.R.; BRACCINI, A.L.; GONÇALVES-VIDIGAL, M.C. Adaptabilidade e estabilidade de cultivares de milho-pipoca na região centro-sul do Brasil. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, 36:123-130, 2001.

VIANA, J.M.S.; SILVEIRA, M.G.; PACHECO, C.A.P.; CRUZ, C.D.; CARVALHO, C.R. Hibridação em milho, In: BORÉM, A. **Hibridação artificial de plantas**. Viçosa: MG:UFV, 2009. 625p.

VIEIRA, R.A.; NETO, I.L.S.; BIGNOTTO, L.S.; CRUZ, C.D.; AMARAL JÚNIOR, A.T.; SCAPIM, C.A. Heterotic parametrization for economically important traits in popcorn. **Acta Scientiarum Agronomy**, 31:411-419, 2009.

VIEIRA, R.A.; RODOVALHO, M.A.; SCAPIM, C.A.; TESSMANN, D.J.; AMARAL JÚNIOR, A.T.; BIGNOTTO, L.S. Desempenho agrônômico de novos híbridos de milho-pipoca no noroeste do Estado do Paraná, Brasil. **Acta Scientiarum Agronomy**, 31:29-36, 2009.

VIEIRA, R.A.; SCAPIM, C.A.; TESSMAN, D.J.; HATA, F.T. Diallel analysis of yield, popping expansion, and southern rust resistance in popcorn lines. **Revista Ciência Agronômica**, 42:774-780, 2011.

VIEIRA, R.A.; SOUZA NETO, I.L.; BIGNOTTO, L.S.; CRUZ, C.D.; AMARAL JÚNIOR, A.T.; SCAPIM, C.A. Heterotic parametrization for economically important traits in popcorn. **Acta Scientiarum Agronomy**, 31:411-419, 2009b.

VILARINHO, A.A.; VIANA, J.M.S.; CÂMARA, T.M.M.; SANTOS, J.F. Seleção de progênies endogâmicas S_1 e S_2 em um programa de melhoramento

intrapopulacional de milho pipoca. **Acta Scientiarum Agronomy**, 24:1419-1425, 2002.

VILARINHO, A.A.; VIANA, J.M.S.; SANTOS, J.F.; CÂMARA, T.M.M. Eficiência da seleção de progênies S_1 e S_2 de milho-pipoca, visando à produção de linhagens. **Bragantia**, 62:9-17, 2003.

VITTORAZZI, C.; AMARAL JÚNIOR, A.T.; GONÇALVES, L.S.A.; CANDIDO, L.S.; SILVA, T.R.C. Seleção de pré-cultivares de milho-pipoca baseado em índices não-paramétricos. **Revista Ciência Agronômica**, 44:356-362, 2013.

WELLS, W.C.; KOFOID, K.D. Selection indices to improve an intermating population of spring wheat. **Crop Science**, 26:1104-1109, 1986.

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

XIMENES, P.A.; TORRES, M.C.L.; PACHECO, C.A.P.; COUTO, D. Avaliação de alguns aspectos qualitativos e quantitativos de cultivares de milho pipoca (*Zea mays* L.). **Agronomia e Veterinária**, 25:115-121, 1995.

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

ZINSLY, J.R.; MACHADO, J.A. Milho-pipoca. In: PATERNIANI, E. (ed.). **Melhoramento e produção de milho no Brasil**. Piracicaba, ESALQ: Fundação Cargill. 1978. p. 339-348.

ZINSLY, J.R.; MACHADO, J.A. Milho-pipoca. In: PATERNIANI, E.; VIÉGAS, G.P. (eds.). **Melhoramento e produção do milho**. Campinas: Fundação Cargill, 1987. p. 413-421.