

UNIVERSIDADE FEDERAL DA GRANDE DOURADOS

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

RENATA MARCHIORI

**DOURADOS
MATO GROSSO DO SUL
2017**

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

RENATA MARCHIORI
Biotecnologista

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

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

DOURADOS
MATO GROSSO DO SUL
2017

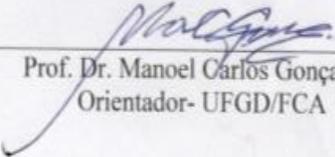
**BIOMETRIA APLICADA À SELEÇÃO DE PROGÊNIES
PARCIALMENTE ENDOGÂMICAS DE MILHO PIPOCA**

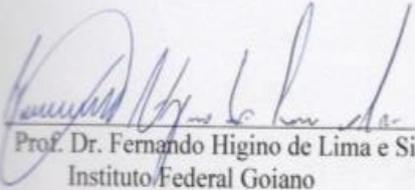
Por

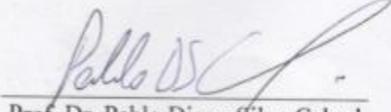
Renata Marchiori

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

Aprovada em: 19/05/2017


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


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


Prof. Dr. Pablo Diego Silva Cabral
Instituto Federal Goiano

Dados Internacionais de Catalogação na Publicação (CIP).

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

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

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

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

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

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

Aos meus amados pais Luiz e Pierina Marchiori,

DEDICO

AGRADECIMENTOS

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

A UFGD e Capes, pela oportunidade e apoio financeiro.

SUMÁRIO

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

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

LISTA DE FIGURAS

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

LISTA DE TABELAS

CAPÍTULO I

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

CAPÍTULO II

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

RESUMO

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

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

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

ABSTRACT

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

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

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

1. INTRODUÇÃO

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

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

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

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

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

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

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

2. OBJETIVOS

2.1 GERAL

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

2.2 ESPECÍFICOS

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

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

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

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

3. REVISÃO DE LITERATURA

3.1 Milho pipoca: características gerais e importância econômica

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

3.2 Melhoramento genético da cultura do milho pipoca

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

3.3 Caracteres fenotípicos do milho pipoca

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

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

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

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

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

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

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

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

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

3.4 Correlações entre caracteres no milho pipoca

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

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

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

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

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

Alguns trabalhos de correlação entre caracteres para a cultura do milho pipoca são encontrados na literatura, dentre eles, Carpentieri-Pípolo et al. (2002), que observaram resultados de correlação negativa, tanto genotípicas quanto fenotípicas, entre os dois caracteres de principal interesse para a cultura do milho pipoca, a capacidade de expansão e a produtividade. Daros et al. (2004) também realizaram um estudo de correlação entre caracteres de milho pipoca, utilizando famílias de meio-irmãos em primeiro ciclo e em segundo ciclo de seleção recorrente e linhagens S_1 e obtiveram correlações genotípicas negativas, mesmo que não significativas, entre os caracteres capacidade de expansão e produtividade de grãos.

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

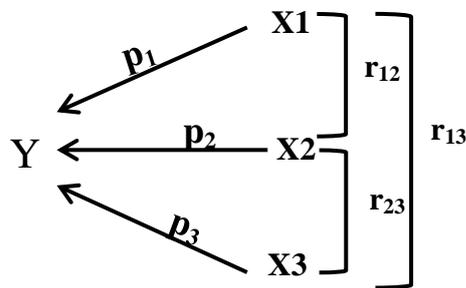


Figura 1. Diagrama casual da análise de trilha de uma cadeia, ilustrando os efeitos diretos e indiretos dos caracteres X_1 , X_2 e X_3 , respectivamente, sobre o caráter principal Y.

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

e

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

Em que:

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

I: índice de seleção a ser estimado;

n: número de caracteres no índice;

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

y': matriz (1 x n) de médias;

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

Seja:

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

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

Assim, o vetor b é estimado por meio de:

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

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

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

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

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

Onde:

G_j : j-ésima linha da matriz G;

i: intensidade de seleção;

$\hat{V}(I)$: variância do índice;

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

3.6.2 Índice de MULAMBA e MOCK (1978)

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

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

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

Onde:

I: valor do índice para determinado genótipo;

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

n: número de caracteres considerados no índice.

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

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

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

3.6.3 Índice de WILLIAMS (1962)

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

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

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

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

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

Onde:

I: índice de seleção;

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

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

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

3.6.4 Índice de PESEK e BAKER (1969)

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

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

Em que:

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

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

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

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

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

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

Em que:

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

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

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

n : número de caracteres no índice.

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

4. REFERÊNCIAS

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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



A pedido da autora os Capítulos 1 e 2 foram retirados do pdf.

5. CONSIDERAÇÕES FINAIS

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

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

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

6. ANEXOS

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

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

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

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