



UNIVERSIDADE FEDERAL DA GRANDE DOURADOS – UFGD
FACULDADE DE CIÊNCIAS BIOLÓGICAS E AMBIENTAIS – FCBA
CURSO DE BIOTECNOLOGIA

CLAUDIA BORSARI TREVIZAN

**AVALIAÇÃO E SELEÇÃO DE PROGÊNIES S₂ DE MILHO PIPOCA COM
BASE EM CARACTERÍSTICAS MORFOAGRONÔMICAS**

Dourados/MS

2016



UNIVERSIDADE FEDERAL DA GRANDE DOURADOS – UFGD
FACULDADE DE CIÊNCIAS BIOLÓGICAS E AMBIENTAIS – FCBA
CURSO DE BIOTECNOLOGIA

**AVALIAÇÃO E SELEÇÃO DE PROGÊNIES S₂ DE MILHO PIPOCA COM
BASE EM CARACTERÍSTICAS MORFOAGRONÔMICAS**

Claudia Borsari Trevizan

Orientadora: Prof^a. Dr^a. Liliam Silvia Candido

Trabalho de Conclusão de Curso
Apresentado a Faculdade de Ciências
Biológicas e Ambientais para obtenção
do título de Bacharel em Biotecnologia.

Dourados/MS

2016

CLAUDIA BORSARI TREVIZAN

**AVALIAÇÃO E SELEÇÃO DE PROGÊNIES S₂ DE MILHO PIPOCA COM
BASE EM CARACTERÍSTICAS MORFOAGRONÔMICAS**

Trabalho de Conclusão de Curso aprovado em 04 de março de 2016 como requisito parcial para obtenção do título de Bacharel em Biotecnologia na Universidade Federal da Grande Dourados, pela comissão formada por:

Prof^a. Dr^a. Liliam Silvia Candido

(Orientadora)

UFGD-FCBA

Prof^a. Dr^a. Lívia Maria Chamma Davide

(Membro da banca)

UFGD-FCA

Prof^a. Dr^a. Claudia Roberta Damiani

(Membro da banca)

UFGD-FCBA

Dr^a. Elaine Costa Souza

(Membro da banca)

UFGD-FCBA

Dourados/MS

2016

AGRADECIMENTOS

A Deus, por ter me dado saúde e força para superar as dificuldades.

Aos meus pais e minha irmã, que com toda humildade e simplicidade ensinaram-me a ser uma pessoa decente, a respeitar e buscar meus sonhos de forma honesta, ainda que seja com muito trabalho, mas sem nunca passar por cima de nenhum semelhante.

Agradeço também a toda minha família por estar ao meu lado todo esse tempo me dando força, apoio e confiança.

A Universidade Federal da Grande Dourados, seu corpo docente, Direção, administração, e especialmente a todos os professores do curso de Biotecnologia, todos foram importantes para essa conquista. Obrigada pelos ensinamentos que levarei para vida toda.

A minha Orientadora, Prof^ª. Dr^ª. Liliam Silvia Candido quem muito admiro como pessoa e como profissional, presto também o meu agradecimento por se mostrar disponível para me ajudar, não apenas nesta fase final, mas também durante toda a graduação. Obrigada pelos grandes ensinamentos transmitidos, amparos e conselhos.

A banca examinadora desse trabalho, Prof^ª. Dr^ª. Lívia Maria Chamma Davide, Prof^ª. Dr^ª. Claudia Roberta Damiani e Dr^ª. Elaine Costa Souza que gentilmente aceitaram participar contribuindo em meu conhecimento.

A toda a equipe do Grupo de Melhoramento e Biotecnologia Vegetal (GMBV) pelo companheirismo, dedicação e prestabilidade com que me ajudaram nos experimentos. Sem vocês esse trabalho não seria possível.

A toda a equipe da Fazenda Experimental da Faculdade de Ciências Agrárias, especialmente ao Sr. Jesus, que nos ajudou nos tratos culturais do experimento.

Aos meus amigos e colegas que de uma forma direta ou indireta sempre me ajudaram e acreditaram que eu seria capaz, principalmente meu “bonde” que sempre esteve comigo, seja em momentos bons ou ruins, vocês fizeram a diferença.

E a todos aqueles que de alguma forma contribuíram para a conclusão deste trabalho.

Meus sinceros agradecimentos!

“O verdadeiro talento possui a capacidade de
conduzir o seu próprio destino!”

(Marcos Vinícius Rodrigues)

SUMÁRIO

1. INTRODUÇÃO	10
2. OBJETIVOS	12
3. REVISÃO BIBLIOGRÁFICA	13
3.1. Milho Pipoca: Origem e Características Gerais	13
3.2. Importância Econômica do Milho Pipoca	14
3.3. Melhoramento Genético do Milho Pipoca	15
3.4. Estimativas de Parâmetros Genéticos	17
3.5. Correlação e Respostas Correlacionadas	19
4. MATERIAL E MÉTODOS	21
5. RESULTADOS E DISCUSSÃO	23
6. CONCLUSÕES	30
7. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	31

LISTA DE TABELAS

Tabela 1. Quadrado médio das análises de variância para as características do florescimento feminino (FF), florescimento masculino (FM), altura de plantas (AP), altura de inserção da primeira espiga (AE), diâmetro de colmo (DC), acamamento e quebramento do colmo (AQ), número de espigas (NE), rendimento de grãos (REND), peso de 1000 grãos (P1000) e capacidade de expansão (CE) em 23 progênes S_2 de milho pipoca na safra de 2014/2015 em Dourados-MS. 23

Tabela 2. Agrupamento de médias para as características florescimento feminino (FF), florescimento masculino (FM), altura de plantas (AP), altura de espigas (AE), diâmetro de colmo (DC), acamamento e quebramento de colmo (AQ), número de espigas (NE), rendimento de grãos (REND), peso de 1000 grãos (P1000) e capacidade de expansão (CE) em 23 progênes S_2 de milho pipoca na safra de 2014/2015 em Dourados-MS. 24

Tabela 3. Estimativas da variância fenotípica (S^2_p), variância de ambiente (S^2_E), variância genética (S^2_G), herdabilidade média no sentido amplo (h^2_a), coeficiente de variação genético ($C.V_G$), e a razão entre os coeficientes de variação genético e de ambiente, obtidos para os componentes do florescimento feminino (FF), florescimento masculino (FM), altura de plantas (AP), altura de espigas (AE), diâmetro de colmo (DC), acamamento e quebramento de colmo (AQ), número de espigas (NE), rendimento de grãos (REND), peso de 1000 grãos (P1000) e capacidade de expansão (CE) em 23 progênes S_2 de milho pipoca na safra de 2014/2015 em Dourados-MS. 27

Tabela 4. Estimativas dos coeficientes de correlação genotípica (r_G), ganho genético em unidade (ΔG), porcentagem de ganho genético ($\Delta G\%$) por seleção direta e indireta entre os caracteres florescimento feminino (FF), florescimento masculino (FM), altura de plantas (AP), altura de espigas (AE), diâmetro de colmo (DC), acamamento e quebramento de colmo (AQ), número de espigas (NE), rendimento de grãos (REND), peso de 1000 grãos (P1000) e capacidade de expansão (CE) em 23 progênes S_2 de milho pipoca na safra de 2014/2015 em Dourados-MS. 28

Avaliação e seleção de progênies S₂ de milho pipoca com base em características morfoagronômicas

RESUMO

O investimento em programas de melhoramento genético é importante para o incentivo da agropecuária brasileira, pois contribui para a redução das importações e favorece os agricultores do país. Nesse sentido, a produção de híbridos de linhagens parcialmente endogâmicas é uma alternativa interessante devido ao menor custo e tempo de obtenção, pois necessita de menor número de autofecundações, o que ajuda a diminuir o valor aquisitivo das sementes. Este trabalho teve por objetivo avaliar e selecionar progênies S₂ de milho pipoca a partir de caracteres morfoagronômicos da cultura. O experimento foi conduzido na safra 2014/2015, em Dourados-MS. Foram avaliadas 23 progênies S₂ de milho pipoca em blocos casualizados com três repetições, sendo analisadas as características florescimento feminino (FF), florescimento masculino (FM), altura de plantas (AP), e da inserção da primeira espiga (AE), diâmetro de colmo (DC), acamamento e quebramento de colmo (AQ), número de espigas (NE), rendimento de grãos (REND), peso de 1000 grãos (P1000) e capacidade de expansão (CE). Para a fonte de variação progênies, constatou-se diferença estatística significativa para todas as características, exceto FF e FM, indicando existência de variabilidade entre as progênies. Para todas as características, as médias das progênies foram agrupadas, pelo teste de Scott-Knott, em dois grupos, exceto P1000, que foi agrupada em três grupos. A média geral de FF e do FM foi respectivamente 73 e 71 dias. A estimativa de herdabilidade foi superior a 70% para REND, P1000, AP e CE, indicando a que a maior parte da variação fenotípica foi devido as diferenças genéticas existente entre as progênies. Foi observado maior predição de ganho direto com a seleção nos caracteres altura da inserção da espiga (AE) (10,41%), rendimento de grãos (REND) (50,02%) e número de espigas (NE) (25,89%). A seleção com base na CE proporcionou estimativas baixas de ganho na maioria das características, destacando-se número de espigas (NE), peso de 1000 grãos (P1000) e REND, todos relacionados à produtividade. Quando a resposta da seleção indireta é negativa o melhoramento simultâneo de duas características é inviabilizado. Ressalta-se a ausência de correlação genética observada entre CE e NE, e CE e REND, e a correlação negativa entre CE e P1000 (-0,33). Entretanto, tanto a seleção com base no NE quanto no P1000 poderá proporcionar ganho indireto em REND, 36,89% e 41,44%, respectivamente. Isso é reflexo da alta correlação genética existente entre o NE e o REND e o P1000 e o REND, além do coeficiente de herdabilidade acima de 62% para as três características. A seleção com base na altura de plantas (AP) proporcionou maior predição de ganho indireto em AE (7,79%) do que o próprio ganho direto (6,42%). Para as características FF e FM não foi verificado resposta positiva com a seleção direta ou indireta, fato constatado devido à baixa variabilidade entre as linhagens para essas características.

Palavras-chave: *Zea Mays* L.; capacidade de expansão; parâmetros genéticos; correlação genética; reposta correlacionada.

Evaluation and selection of progenies S₂ of popcorn based on agronomic morphological characteristics

ABSTRACT

Investment in breeding programs is of importance to encouraging the Brazilian agriculture, reducing the number of imports and favoring farmers in the country. Accordingly, the production of hybrids partially inbred lines endogamy is an attractive alternative due to lower cost and acquisition time, requiring a smaller number of selfing, however decreasing the value of the seeds. This work had the objective to evaluate and select S₂ progenies of popcorn from morphological characteristics of the culture. The experiment was conducted in the 2014/2015 harvest, in Dourados-MS. We evaluated 23 progenies S₂ of popcorn in a randomized block design with three replications, and analyzed the features female flowering (FF), male flowering (FM), plant height (AP), and insertion the first ear (AE), stem diameter (DC), lodging and culm breakage (AQ), number of ears (NE), grain yield (REND), 1000 grain weight (P1000) and seed popping ability (CE). For all source of progenies variation, it is found statistic difference significant for all characteristics, except FF and FM, indicating existence of variability among progenies. All characteristics, the progenies average were grouped, by Scott-Knott test, in two groups, beyond P1000, that was grouped into three. The overall average of FF and FM was respectively 73 and 71 days. The heritability estimate was higher than 70% for REND, P1000, AP and CE, indicating that most of the phenotypic variation was due to genetic differences existing among progenies. It has been observed higher prediction in gain direct with selecting the characters height insertion the ear (AE) (10,41%), grain yield (REND) (50,02%) and number of ears (NE) (25,89%). Selection based on the EC provided low gain estimates in most characteristics, highlighting the number of ears (NE), 1000 grain weight (P1000) e REND, all related to productivity. When the response the selection indirect is negative the simultaneous improvement of two characteristics is inviable. It is noteworthy the lack of genetic correlation observed between CE and NE, and CE and REND, and the negative correlation in between CE and P1000 (-0,33). However, both the selection based on the NE as in P1000 can provide indirect gain in REND, 36,89% and 41,44%, respectively. This is reflects of high genetic correlation between the NE and the REND and P1000 and the REND, beyond the heritability coefficient above 62% for the three characteristics. Selection based on plant height (AP) provided larger prediction of indirect gain in AE (7,79%) than own direct gain (6,42%). For characteristics FF and FM was not verified positive response with the direct or indirect selection, fact confirmed due to low variability between strains for these characteristics.

Keywords: *Zea Mays* L.; popping ability; genetic parameters; genetic correlation; correlated response.

1. INTRODUÇÃO

O milho pipoca [*Zea mays* L. var. *everta* (Sturtev) L. H. Bailey] é considerado uma cultura agrícola de elevada rentabilidade entre os denominados “milhos especiais”. Apesar do seu apreço e sua popularidade no Brasil, seu processo de industrialização e produção ainda é pouco estudado e sua área de plantio comercial é insuficiente para atender o mercado nacional (MOTERLE et al., 2011; PENA et al., 2012; RIBEIRO et al., 2012; VITTORAZZI et al., 2013).

No Brasil, na década de 90, o plantio de milho pipoca era considerado modesto e dependia quase que exclusivamente das importações. A partir do ano 2000, mudanças no mercado da cultura começaram a ocorrer, havendo redução na importação de grãos, segundo as empresas empacotadoras. As principais regiões produtoras de milho pipoca são os municípios de Nova Prata-RS e Campo Novo do Parecis-MT (CARVALHO et al., 2013), concentrando a produção principal no estado de Mato Grosso. Segundo o Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística (IBGE, 2015) na safra 2014 a área de milho pipoca nesse mesmo estado diminuiu 20 mil hectares, passando a produção de 255 mil toneladas para 161 mil toneladas produzidas.

A capacidade de expansão (CE), que é normalmente expressa pela relação entre o volume de pipoca e o peso de grãos, constitui a diferença básica entre o milho pipoca e o milho comum, visto que ambos pertencem à mesma espécie *Zea mays* L. A capacidade de expansão é um dos fatores mais importantes quando se faz referência à sua qualidade. Assim Matta e Viana (2001) descreveram que valores entre 25 mL g⁻¹ e 30 mL g⁻¹ são considerados como regular de 30 mL g⁻¹ a 35 mL g⁻¹ são valores bons e acima de 35 mL g⁻¹ são classificadas como excelentes. Em relação aos componentes genéticos, a capacidade de expansão é afetada por genes com efeito de aditividade (DOFING et al., 1991; PACHECO et al., 1998; PEREIRA E AMARAL JÚNIOR, 2001).

O reduzido número de cultivares de milho pipoca que reúnem características agronômicas favoráveis e com alto índice de capacidade de expansão é considerado um dos principais entraves para cultura no país (FREITAS JÚNIOR et al., 2009; MENDES DE PAULA et al., 2010; MIRANDA et al., 2003; SILVA et al., 2010). Contudo, investimentos em programas de melhoramento de milho pipoca, que visem o desenvolvimento de populações melhoradas e/ou híbridos adaptados às condições brasileiras são imprescindíveis para diminuir a dependência da importação de germoplasma de pipoca (LEONELLO et al., 2009; VILARINHO et al., 2002) e conseqüentemente de grãos.

Para um programa de melhoramento é de grande importância às estimativas dos parâmetros genéticos, que são estimados pela variabilidade genética, visando conhecer a

estrutura genética das populações para fins de seleção. Um dos parâmetros mais utilizados pelos melhoristas é a herdabilidade, que quantifica a confiabilidade do valor fenotípico como guia para o valor genético.

Num programa de obtenção de híbridos de milho, a etapa mais onerosa e demorada é a obtenção e avaliação das linhagens (MIRANDA FILHO e VIÉGAS, 1987). Contudo, é importante ressaltar que linhagens parcialmente endogâmicas, ou seja, aquelas que ainda não estão em nível total de homozigose, variam de S_2 a S_6 , de segunda e sexta geração de autofecundação, respectivamente. Esse tipo de linhagem é obtida em menor tempo, pois necessita de menor número de autofecundações, e, podem possuir maior produtividade e apresentar maior facilidade no manuseio quando comparadas com linhagens endogâmicas, mantendo elevado potencial produtivo com adaptabilidade a região.

O problema, no entanto, é que o rendimento de grãos geralmente é inversamente correlacionado com a CE (ANDRADE, 1996; SAWAZAKI et al., 2000; COIMBRA et al., 2001; DAROS et al., 2004), representando um problema adicional ao melhoramento dessa cultura, pois dificulta a obtenção de ganhos simultâneos por seleção em ambas as características. Dessa forma, cabe ao melhorista buscar soluções que favoreçam a obtenção de um produto que agrade tanto ao agricultor como ao consumidor (ZINSLY e MACHADO, 1987). Ao produtor interessa elevada produtividade, ao consumidor importa alta capacidade de expansão, que confere à pipoca melhor maciez e textura. Nesse caso, a seleção direta para um destes caracteres poderá levar a mudanças indesejáveis no outro.

Hallauer e Miranda Filho (1988) ressaltam que a estimativa de coeficientes de correlação tem importância no melhoramento de plantas, porque quantifica o grau de associação genético e não-genético entre dois ou mais caracteres. Cruz e Regazzi (1997) ressaltam a importância das correlações afirmando que essas associações quantificam a possibilidade de ganhos indiretos por seleção em caracteres correlacionados. Características quando correlacionadas facilitam a seleção indireta de um caráter de baixa herdabilidade, podendo ser selecionado a partir de outras características que possuem alta herdabilidade.

2. OBJETIVOS

GERAL

Avaliar e selecionar progênies S_2 de milho pipoca a partir de caracteres morfoagronômicos importantes para a cultura.

ESPECÍFICOS

Avaliar 23 progênies S_2 de milho pipoca em relação a caracteres morfológicos, de produção e qualidade da pipoca.

Estimar componentes de variância e parâmetros genéticos a fim de conhecer as propriedades genéticas das progênies S_2 de milho pipoca.

Predizer os ganhos com a seleção direta e indireta entre 10 caracteres, visando à seleção de possíveis progenitores para continuidade do programa de obtenção de linhagens endogâmicas.

3. REVISÃO BIBLIOGRÁFICA

3.1. Milho pipoca: Origem e Características Gerais

O milho pipoca [*Zea mays* L. var. *everta* (Sturtev) L. H. Bailey] pertence a família Poaceae, uma gramínea da subfamília Panicoide, tribo Maydeae, gênero *Zea*, espécie *Zea mays* L., assim como o milho comum (HOSENEY et al., 1983). O gênero *Zea* inclui tanto a planta cultivada, quanto alguns indivíduos do parente silvestre, como por exemplo, o teosinte. As plantas de milho (*Zea mays mays* L.) são anuais, monóicas e autotetraploides ($2n=4x=20$) (OLIVEIRA, 1984; KOO E JIANG, 2008).

Evidências genéticas e citológicas tornaram plausíveis inferências de que o milho comum, assim como o pipoca compartilharam de parentesco com o teosinte. A mesma ploidia e homologia entre os cromossomos de milho e do teosinte, além da compatibilidade de intercruzamentos, originando descendentes geralmente férteis, consolidam tais evidências (GOODMAN e SMITH, 1987).

De acordo com Zinsly e Machado (1980), o milho mais antigo é o milho pipoca, visto que, em certas tumbas peruanas pré-históricas, havia utensílios de barro supostamente utilizados para o preparo de pipoca juntos com sementes de milho pipoca. Além disso, a mais remota descoberta do milho foi do tipo pipoca, identificado em “Bat Cave”, Novo México, EUA, com data estimada em 2.500 a.C.

Segundo Eberhart (1979), a variedade do milho pipoca provém do milho tipo duro, no que concordam Zinsly e Machado (1980). Para Kantety et al. (1995), o milho pipoca também adveio do milho comum do tipo duro. Os mesmos autores utilizaram marcadores moleculares ISSR (Inter Simple Sequence Repeat) como ferramenta, e revelaram proximidade genética maior entre essas formas de milho em relação ao tipo dentado.

Em relação ao milho comum, o milho pipoca apresenta porte menor, colmo mais fino, menor número de folhas, várias espigas por plantas (prolificidade) e maior tamanho do pendão (ZIEGLER e ASHMAN, 1994). O sistema radicular do milho pipoca é fasciculado e superficial, o que lhe oferece menor tolerância à seca (ZINSLY e MACHADO, 1987; SAWAZAKI, 2001).

O fruto do milho é do tipo cariopse, seco e indeiscente. O pericarpo pode apresentar diversas colorações e ser de espessura variável. A função do pericarpo é proteger o interior da semente, dificultando o ataque de patógenos. A cariópse de milho pipoca, assim como os demais cereais, é composto pelo pericarpo (casca dura externa), embrião (fração rica em lipídios) e endosperma (rico em amido). Além destes compostos, podemos encontrar proteínas, fibras e vitaminas do complexo B. Os grãos são potencialmente calóricos devido a

presença de grandes quantidades de açúcares e lipídios. O milho pipoca contém vários sais minerais como ferro, fósforo, potássio e zinco, no entanto é rico em ácido fítico, um agente quelante que dificulta a absorção dos mesmos (SAWAZAKI, 1986).

A capacidade de expandir os grãos constitui a principal diferença entre o milho pipoca e o milho comum, visto que ambos pertencem à mesma espécie (*Zea mays* L.). A característica de expansão dos grãos pode ser explicada pela resistência do pericarpo à expansão dos lipídios endógenos e à umidade presentes no grão. Quando os grãos são submetidos à temperatura apropriada, os lipídios e a água presentes no grão pressionam o pericarpo até ele se romper e, assim, expõe o endosperma (ZINSLY e MACHADO, 1987). Neste âmbito Miranda et al. (2003) definem a capacidade de expansão (CE) dos grãos de milho pipoca como a relação entre o volume de pipoca e o volume de grãos ou, ainda, a relação entre o volume de pipoca e o peso de grãos.

3. 2. Importância Econômica do Milho Pipoca

O milho pipoca é considerado uma cultura de elevada rentabilidade. Seu produto final possui grande aceitação popular e, em muito, movimentou a economia informal, apesar de seu cultivo ainda se restringir a pequenas áreas, mas com boas perspectivas de expansão (RANGEL et al., 2011). O mercado nacional era altamente dependente da importação de sementes de milho pipoca, mas nos últimos anos esse mercado vem passando por mudança, refletindo-se principalmente na quantidade importada, pressupõe-se que pela utilização em maior escala de sementes de cultivares nacionais (MOTERLE et al., 2012; RIBEIRO et al., 2012; SILVA et al., 2013).

Apesar das limitações, de acordo com os últimos levantamentos feitos para a cultura, apenas no primeiro semestre de 2011 a produção nacional de milho pipoca comercializada na CEAGESP (SP) chegou a 36 toneladas, atingindo o preço médio de R\$ 1,70 o quilo. Ressaltando a indisponibilidade de dados atuais de milho pipoca, e por meio de um comparativo entre milho pipoca e milho comum, foi observado que a produção nacional do milho comum, na safra de 2011/2012, ultrapassou 62 milhões de toneladas, em uma área colhida de 14,8 milhões de hectares, sendo comercializado em média a US\$ 283,00 a tonelada, o que, atualmente, corresponderia a algo em torno de R\$ 0,75 o quilo (AGRIANUAL, 2015). Assim, considerando as devidas proporções e custos de produção, o milho pipoca alcançou mais que o dobro do preço do milho comum nesse ano.

O Instituto Mato-Grossense de Economia Agropecuária (IMEA, 2015) estimou o custo de produção total de milho comum, na safra 2014/2015, de alta e média tecnologia, em R\$1.355,74/ha e R\$ 1.034,33/ha, respectivamente, distribuídos entre sementes, fertilizantes,

defensivos, operações com máquinas e mão de obra. De acordo com o mesmo instituto, os defensivos em geral são responsáveis por 20,13% do custo de produção do milho. Com relação aos gastos com defensivos, os produtos fungicidas correspondem isoladamente a R\$ 5,67%/ha do custo total de produção. Neste sentido, um fator comprovante com relação ao custo de produção da cultura do milho pipoca é o elevado custo, tendo em vista a maior predisposição às doenças.

A área de milho pipoca no Estado de Mato Grosso diminuiu 20 mil hectares nesta safra, passando de 56 mil hectares em 2014 para 36 mil hectares em 2015, conforme dados do Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística (IBGE, 2015), passando a produção de 255 mil toneladas para 161 mil toneladas produzidas. Entretanto, o estudo das projeções de produção do cereal, realizado pela Assessoria de Gestão Estratégica do Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento (MAPA, 2015), indica aumento de 19,11 milhões de toneladas entre a safra de 2008/2009 e 2019/2020. Em 2019/2020, a produção deverá ficar em 70,12 milhões de toneladas e o consumo em 56,20 milhões de toneladas.

O desenvolvimento de programas de melhoramento do milho pipoca é de fundamental importância ao incentivo da agropecuária brasileira, reduzindo o número de importações e favorecendo os agricultores do país. De acordo com o MAPA (2015), no Brasil existem 69 registros entre cultivares, híbridos e linhagens no Serviço Nacional de Proteção aos Cultivares (SNPC), entretanto aproximadamente 80% das mesmas são de acesso restrito às empresas.

3.3. Melhoramento Genético do Milho Pipoca

O melhoramento de milho pipoca no Brasil não é recente. Iniciou-se em 1932, no Instituto Agrônomo de Campinas (IAC). No ano de 1941 ocorreu o lançamento da primeira variedade nacional, proveniente de ciclos de seleção massal na população-base “South American Mushroom” (SAM), utilizada nos E.U.A. e derivada de “South American”, procedente da América do Sul. Depois desse lançamento, os trabalhos no país só foram retomados no início dos anos 80, com o lançamento do híbrido simples modificado IAC-112, em 1988, oriundo da combinação de linhagens obtidas a partir da variedade SAM com linhagens provenientes do híbrido intervarietal Guarani x UFV amarelo (SAWAZAKI et al., 2000; SAWAZAKI, 2001).

O híbrido IAC 112 é ainda um dos mais cultivados no país, se destaca em relação aos híbridos disponíveis no mercado por apresentar alta capacidade de expansão da pipoca e boa produtividade, além de plantas e grãos uniformes, bom empalhamento e sanidade das espigas e boa resistência às principais doenças do milho.

Para o melhoramento do milho-pipoca, podem ser aplicados todos os métodos utilizados para o milho comum. Dificuldades adicionais existem, pois o melhoramento deve ser concomitante para a produtividade e a capacidade de expansão (ZINSLY e MACHADO, 1987).

No melhoramento genético do milho basicamente existem duas alternativas que podem ser conduzidas: a obtenção de populações melhoradas (variedades de polinização aberta) e a obtenção de híbridos. No primeiro caso, a utilização adequada de métodos de seleção possibilita o aumento gradativo da frequência dos alelos favoráveis na população melhorada, sendo esta superior à original. No segundo caso, a estratégia de melhoramento visa à obtenção de linhagens endogâmicas que, quando em combinações adequadas, produzirão híbridos superiores às populações de origem dessas linhagens (PATERNIANI e MIRANDA FILHO, 1978).

Para desenvolver um híbrido, é necessário obter linhagens mediante sucessivas autofecundações, seja de uma população não melhorada, um composto ou mesmo de um híbrido. Após, em média, seis autofecundações, obtém-se uma nova linhagem, em que os indivíduos são uniformes com características fixadas dentro da linha. A seguir, essas linhagens são cruzadas em diversas combinações e os híbridos superiores podem ser lançados como produto comercial (BORÉM e MIRANDA, 2005).

O melhoramento genético para obtenção de híbridos envolve várias etapas que demandam tempo e recurso. Uma alternativa interessante para diminuir o tempo para obtenção de sementes híbridas é a produção de híbridos de linhagens parcialmente endogâmicas, onde não há necessidade de condução das linhagens até a homozigose completa (S6 - S8) (CARVALHO et al., 2004).

Davis (1927) observou que características como a produtividade de grãos, podem ser fixadas após cruzamentos em linhagens S_2 , e as combinações testadas apresentaram produtividade 70% maior do que linhagens derivadas em S_5 . Carvalho et al. (2013) concluíram que híbridos de linhagens parcialmente endogâmicas podem substituir com vantagens alguns híbridos comerciais disponíveis no mercado. A grande variabilidade genética para peso de espiga despilhada dos híbridos de linhagens S_2 possibilitou a seleção das progênies com desempenhos superiores em cruzamentos posteriores, realizados por Silveira e Moro (2009).

3. 4. Estimativas de Parâmetros Genéticos

A estimativa de parâmetros genéticos é importante em programas de melhoramento de plantas, pois permite conhecer a estrutura genética das populações para fins de seleção. A determinação da magnitude das estimativas de herdabilidade fornece subsídios para definição das estratégias de seleção bem como auxiliam a predição de ganhos genéticos obtidos (FEHR, 1987).

Os parâmetros genéticos são estimados por meio da variabilidade genética, que é resultado da recombinação genética e o acúmulo de mutações, em um indivíduo ou em um grupo, que ocorrem em decorrência dos processos naturais do próprio organismo ou por exposição a fatores externos. Para estratégias de obtenção de parâmetros genéticos faz-se necessário definir planos de melhoramento, como planejamento e execução adequada, local e definição dos métodos para a experimentação, escolha das características a serem melhoradas e predição dos ganhos de seleção (QUINTAL, 2009).

Para Paterniani e Miranda Filho (1978), quando se deseja alterar as frequências gênicas de uma população, por exemplo por meio da seleção, deve-se analisar a variabilidade genética presente na população, que é consequência da frequência gênica na população original, o método de seleção empregado, a técnica e precisão das avaliações dos genótipos, a influência do ambiente, bem como a interação com o ambiente (locais e anos), os efeitos pleiotrópicos, o tamanho efetivo da população, e as correlações fenotípicas, genotípicas e de ambiente, que atuam contra ou a favor da seleção.

Os componentes de variância, do ponto de vista genético, são considerados estudos de caráter quantitativo que se baseiam na sua variação total. A ideia central é dispor os componentes de variação e atribuir a diferentes fatores. A grandeza relativa desses componentes de variância determina as propriedades genéticas da população para um determinado caráter (FALCONER, 1993). Já do ponto de vista estatístico, são variâncias associadas aos efeitos aleatórios de um modelo matemático (BARBIN, 1993).

O valor observado ou medido, é denominado valor fenotípico. Esse valor pode ser decomposto em dois componentes devidos às influências do genótipo analisado e do ambiente no qual ele se desenvolveu. Entende-se variância genética a combinação de genes do genótipo, que é causada pelas diferenças genéticas entre os indivíduos, logo, um valor elevado deste componente informa uma ampla variabilidade genética, o que é interessante para identificação de genótipos superiores para programas de melhoramento. Variância fenotípica entende-se qualquer outro fator não genético que possa influenciar o fenótipo (FALCONER, 1993). Na variação ambiental o mesmo genótipo pode responder diferentemente a alterações no ambiente, logo indivíduos com o mesmo genótipo podem

apresentar variação no fenótipo em função de influências ambientais.

Os parâmetros genéticos estimados mediante as variâncias mencionadas, geralmente são: coeficiente de variação genético (CVg%), coeficiente de variação ambiental (CVe%), índice de variação (CVg/CVe), herdabilidade no sentido amplo, no sentido restrito, ganhos genéticos absolutos e relativos, correlações fenotípica, genética e ambiental (BUSO, 1978; MIRANDA et al., 1988; SIQUEIRA et al., 1994). Um dos parâmetros genéticos de maior utilidade pelos melhoristas, a herdabilidade, representada como h^2 , reflete a proporção da variação fenotípica que poderá ser transmitida para a próxima geração, ou seja, quantifica a confiabilidade do valor fenotípico como guia para o valor genético. Apenas o valor fenotípico de um indivíduo pode ser mensurado, porém, é o valor genético que influenciará a próxima geração. Sendo assim, é importante o conhecimento de quanto da variação fenotípica é atribuída à variação genotípica e este é medido pela herdabilidade (FALCONER e MACKAY, 1996). No sentido amplo, a herdabilidade pode ser definida como a razão da variância genotípica pela variância fenotípica, enquanto que, no sentido restrito, a razão da variância genética aditiva pela variância fenotípica. Portanto, a diferença está no numerador da fração (ALLARD, 1971; FALCONER e MACKAY, 1996).

O coeficiente de variação genético (CVg), é expresso pela relação entre o desvio padrão e a média dos genótipos, sendo expresso em porcentagem. Segundo Rodrigues et al., (1998) o CVg indica de forma relativa a presença de variabilidade genética e a possibilidade de obtenção de mudanças, por meio de seleção, para uma determinada característica. O coeficiente de variação ambiental (CVe) é utilizado para avaliar a precisão do experimento. É um parâmetro estatístico e não genético, obtido pela relação entre o desvio padrão e a média do experimento, normalmente expresso em porcentagem.

A relação entre o coeficiente de variação genético e o coeficiente de variação ambiental, ou seja, CVg/CVe, é denominado de índice de variação genotípico (I_v). Segundo Vencovsky e Barriga (1992), quando o valor de I_v atingir valor igual ou superior à unidade da experimentação, indica uma situação mais favorável a seleção.

A expressão do ganho genético para uma determinada característica é o parâmetro que exprime o avanço da geração seguinte em relação a população original, decorrente da seleção efetuada. O progresso genético é expresso em % de ganho, e para efeito de comparação normal, é dado em ganho por ano. A expressão do ganho genético é definida como $\Delta g = DS \times h^2/X_0$, em que, Δg é o ganho genético, DS é o diferencial de seleção, ou seja, a diferença entre a média da população selecionada e a média da população original e X_0 é a média da população original (RIBEIRO, 2015).

A associação genética também é de grande importância entre as características no melhoramento genético, avaliada pela correlação genética. Se a correlação genética for favorável e positiva, a seleção para uma característica implica mudanças na outra, pois a unidade de seleção é o genoma completo e não apenas um conjunto de genes que agem sobre a característica específica (ROSO et al., 1995).

3. 5. Correlação e Respostas Correlacionadas

A correlação pode ser definida como uma medida de intensidade de associação entre duas variáveis, ou ainda uma medida do grau de variação conjunta de duas variáveis, podendo ser positiva, quando ocorre aumento nas duas variáveis ou negativa, quando ocorre acréscimo de uma e decréscimo de outra (STEEL e TORRIE, 1980). O estudo e a magnitude das relações existentes entre caracteres morfológicos e agronômicos é evidentemente importante em programas de melhoramento, uma vez que, tem-se a preocupação de aprimorar um genótipo ou uma população não para caracteres isolados, mas para um conjunto destes, simultaneamente. Por exemplo, produtividade, arquitetura de plantas, características comerciais, resistência a doenças, entre outras. Além disso, é sempre importante saber como o melhoramento de uma característica pode causar alterações em outras (VENCOVSKY e BARRIGA, 1992).

As correlações que podem ser estimadas são as fenotípicas, genotípicas e ambientais. A correlação estimada com base nos dados diretamente mensurados é a fenotípica. Ela, por sua vez, tem duas causas, a genética e a ambiental. A correlação genotípica e a ambiental são componentes da correlação fenotípica, mas apenas a genotípica é que encerra uma associação de características herdáveis e é utilizada na orientação dos programas de seleção (ROBINSON et al., 1951).

As principais causas da correlação genética é a pleiotropia e a ligação gênica. A pleiotropia é definida como sendo o fenômeno pelo qual um gene controla dois ou mais caracteres (RAMALHO et al., 2004). Desta forma, se um gene estiver segregando causará variação simultânea nos dois caracteres (BÁRBARO, 2006). O grau de correlação originado pelo pleiotropismo expressa o quanto duas características são influenciadas pelos mesmos genes (GALVANI, 2008).

Cruz e Regazzi (1997) ressaltaram a importância das correlações, afirmando que elas quantificam a possibilidade de ganhos indiretos por seleção em caracteres correlacionados e que caracteres de baixa herdabilidade têm a seleção mais eficiente quando realizada sobre caracteres que lhe são correlacionados. Dessa forma, a seleção correlacionada com um caráter de alta herdabilidade e de fácil mensuração pode ser mais conveniente e

conduzir a progressos mais rápidos no melhoramento (CRUZ e REGAZZI, 1997). Além dos casos de baixa herdabilidade a correlação também é estudada, principalmente, quando é difícil a seleção de uma característica desejável, em razão da herança complexa, manifestações em gerações avançadas ou de problemas de medição e identificação (VENCOVSKY e BARRIGA, 1992).

Se dois caracteres apresentam correlação genética favorável, é possível obter ganhos para um deles por meio da seleção indireta no outro associado. Em alguns casos, a seleção indireta, com base na resposta correlacionada, pode levar a progressos mais rápidos do que a seleção direta do caráter desejado. Entretanto, se um caráter correlacionar-se negativamente com alguns e positivamente com outros, deve-se tomar o cuidado de, ao selecionar esse, não provocar mudanças indesejáveis em outros (FALCONER e MACKAY, 1996).

Sabe-se que nos programas de melhoramento de plantas avaliam-se simultaneamente várias características, o que permite estudar a magnitude das relações existentes entre as características de grande relevância para a cultura. Assim, é possível conhecer alterações que possam ocorrer em um caráter quando realiza-se a seleção em um outro caráter a ele correlacionado e, principalmente, quando a seleção em um deles apresenta dificuldades pela baixa herdabilidade e/ou dificuldade de mensuração, possibilitando a seleção indireta (VENCOVSKY e BARRIGA, 1992; RAMALHO et al., 2004).

Em milho pipoca, dois caracteres são de relevante interesse para o melhoramento de plantas, capacidade de expansão e rendimento de grãos, por atenderem as necessidades do produtor e do consumidor. Tem sido verificado, todavia, que a capacidade de expansão é negativamente correlacionada com a produção de grãos, devido estarem ligadas a herança genética diferentes, sendo uma de herança genética aditiva e outra de dominância, ou seja, genes distintos que governam as características (BRUNSON, 1937; MERLO et al., 1988; LIMA et al., 1971; ZINSLY e MACHADO, 1987; DOFING et al., 1991; ANDRADE, 1996; CARPENTIERI-PÍPOLO et al., 2002). Assim, a correlação negativa entre as duas principais características em milho pipoca gera uma dificuldade adicional ao melhoramento da cultura, merecendo atenção especial nos programas de melhoramento.

4. MATERIAL E MÉTODOS

O experimento foi conduzido no período correspondente à safra 2014/2015, na Fazenda Experimental de Ciências Agrárias (FAECA) da Universidade Federal da Grande Dourados (UFGD), localizada no município de Dourados-MS. A FAECA está localizada a 22° 11' 55" S de latitude, 54° 56' 07" W de longitude e 452 metros de altitude. O clima da região de Dourados, segundo a classificação de Köppen é do tipo Cwa, com verões quentes e invernos secos, temperaturas máximas durante os meses de dezembro e janeiro e as temperaturas mínimas entre maio e agosto (FIETZ; FISCH, 2008).

Antes da semeadura foi realizado, em laboratório, o tratamento das sementes (TS) com dois inseticidas, Fipronil 800 e Semevin, juntamente com o fungicida Tiofanato Metílico, utilizados 20 mL por quilo de semente.

Em campo, de modo convencional, com uma aração e uma gradagem, o solo foi preparado. Em 24 de setembro de 2014 foram semeadas 23 progênies S₂ de milho pipoca em delineamento de blocos ao acaso, com três repetições. As parcelas foram constituídas de duas linhas de três metros de comprimento, espaçadas entre si de 0,90 m e entre plantas de 0,20 m. Para a adubação foram utilizados 300 kg ha⁻¹ da fórmula 8-20-20 (N-P-K). Aos 30 dias após a semeadura, para a obtenção do estande recomendado foi feito o desbaste, deixando uma planta por cova.

Após 45 dias da semeadura, quando iniciou o florescimento feminino das plantas deu-se início aos trabalhos de autofecundação com o cobrimento da parte feminina das plantas, geralmente a primeira espiga, que foram cobertas com saco plástico para que não ocorresse à contaminação de pólen estranho. Quando os pendões das plantas estavam começando a liberar pólen, a parte masculina das plantas foi coberta com um saco de papel kráft. No dia seguinte realizava-se a autofecundação propriamente dita colocando-se o pólen depositado no papel kráft na espiga da própria planta que estava coberta com saco plástico. As espigas colhidas dessas autofecundações constituíram a terceira geração de autofecundação das progênies (S₃).

As características morfoagronômicas mensuradas foram: dias para o florescimento feminino (FF) e florescimento masculino (FM), altura de plantas (AP), altura de inserção da primeira espiga (AE), diâmetro de colmo (DC), acamamento mais quebramento de colmo (AQ). A altura de plantas e da inserção da primeira espiga foram obtidas em centímetros, com auxílio de uma régua milimetrada, mensuradas em dez plantas competitivas, tomadas ao acaso da parcela; considerando, respectivamente, a distância do solo até a inserção da folha-bandeira e a distância do solo até o ponto de inserção da espiga superior,

respectivamente. O diâmetro de colmo, obtido em milímetros, foi mensurado no entrenó médio do colmo, com ajuda de paquímetro. O florescimento masculino e feminino foi avaliado, anotando-se a data em que 50% de plantas da parcela apresentaram pendões e estilo-estigma emitidos, respectivamente para o florescimento masculino e feminino. Também foi contado o número de plantas quebradas e plantas acamadas de cada parcela para quantificar a característica acamamento mais quebramento das plantas.

Posteriormente foram realizadas no laboratório de Melhoramento Vegetal da Faculdade de Ciências Biológicas e Ambientais da UFGD as características pós-colheitas: o número de espiga (NE) de cada parcela, o rendimento de grãos (REND), em que os grãos das espigas de cada parcela foram debulhados e pesados, em kg parcela; peso de 1000 grãos (P1000) de cada parcela, em gramas, e a capacidade de expansão dos grãos (CE) das progênies. Na capacidade de expansão foram utilizadas amostras de 30 gramas de grãos em saco kraft especial, com duas repetições cada, e um forno microondas com potência de 1.000 watts por 2 minutos. Posteriormente o volume de pipoca produzido foi mensurado em proveta de 1000 mL. A capacidade de expansão foi expressa pela razão entre o volume de pipoca produzido (mL) e o peso dos grãos (g).

Os dados obtidos foram compilados e submetidos à análise de variância, e teste de Scott-Knott ao nível de 5% de significância. Foram estimados os parâmetros genéticos: variância fenotípica, variância genética, variância ambiental, herdabilidade média no sentido amplo, coeficiente de variação genético, e a razão entre os coeficientes de variação genético e de ambiente. Além das correlações, ganho direto e indireto entre os caracteres, de acordo com as equações:

- Ganho esperado com seleção de intensidade 20% entre progênies (\hat{G})-

$$\hat{G} = k\hat{\sigma}_p^2 / \sqrt{\hat{\sigma}_F^2}; \text{ sendo } k = 1,3998 \text{ o diferencial de seleção estandarizado corresponde à intensidade de seleção de 20\% (HALLAUER e MIRANDA FILHO, 1998), } \sigma_p^2 = \text{variância de progênies e } \sigma_F^2 = \text{variância fenotípica;}$$

- Ganho indireto de um caráter (x) mediante seleção no caráter (y) -

$$GI_{(x/y)} = k \cdot \frac{COV_{pxy}}{\sqrt{\sigma_{Fy}^2}}; \text{ sendo } COV_{pxy} = \text{covariância entre os caracteres x e y e } \sigma_{Fy}^2 =$$

variância fenotípica do caráter y.

Todas as análises foram realizadas com o auxílio do software GENES (CRUZ, 2006).

5. RESULTADOS E DISCUSSÃO

De acordo com as análises de variância, exceto para as características florescimento feminino (FF) e masculino (FM), foram encontradas diferenças estatísticas significativas pelo teste F, indicando a existência de variabilidade entre as progênies para as características altura de plantas (AP), altura de inserção da primeira espiga (AE), diâmetro de colmo (DC), acamamento e quebramento do colmo (AQ), número de espigas (NE), rendimento de grãos (REND), peso de 1000 grãos (P1000) e capacidade de expansão (CE) (Tabela 01).

Tabela 01 – Quadrado médio das análises de variância para as características florescimento feminino (FF), florescimento masculino (FM), altura de plantas (AP), altura de inserção da primeira espiga (AE), diâmetro de colmo (DC), acamamento e quebramento do colmo (AQ), número de espigas (NE), rendimento de grãos (REND), peso de 1000 grãos (P1000) e capacidade de expansão (CE) em 23 progênies S₂ de milho pipoca na safra 2014/2015 em Dourados-MS.

Fonte de variação	GL	FF (dias)	FM (dias)	AP (cm)	AE (cm)	DC (mm)
Blocos	2	4,579	9,231	3,890	110,372	76,914
Genótipos	22	12,479 ^{ns}	9,736 ^{ns}	347,477*	260,829**	9,037*
Resíduo	44	9,610	8,171	103,489	78,959	4,948
Média	-	73,144	71,623	159,565	84,660	21,835
CV %	-	4,238	3,991	6,375	10,495	10,187
Fonte de Variação	GL	AQ	NE	REND (kg.parcela)	P1000 (g)	CE (mL g ⁻¹)
Blocos	2	12,884	22,623	0,028	2041,766	9,602
Genótipos	22	31,328**	21,752**	0,035**	2572,192**	41,626**
Resíduo	44	9,262	8,153	0,008	674,919	9,233
Média	-	8,811	8,811	0,221	132,659	19,768
CV %	-	34,539	32,405	41,745	19,583	15,371

^{ns, **, *} Não significativo, Significativo a 1% e 5% de probabilidade respectivamente, pelo teste F.

Os valores do coeficiente de variação (CV) variaram de 3,99 a 41,74% para o florescimento masculino e rendimento de grãos, respectivamente. Para os caracteres florescimento feminino, masculino e altura de plantas o CV obtido foi inferior a 10% indicando uma boa precisão experimental. Os valores de CV entre 10,18 e 19,58% indicam uma precisão mediana, porém adequado para experimentos a campo com a cultura do milho (SCAPIM et al., 1995 e PIMENTEL GOMES, 2009).

Tabela 02 – Agrupamento de médias para as características florescimento feminino (FF), florescimento masculino (FM), altura de plantas (AP), altura de espigas (AE), diâmetro de colmo (DC), acamamento e quebramento de colmo (AQ), número de espigas (NE), rendimento de grãos (REND), peso de 1000 grãos (P1000) e capacidade de expansão (CE) em 23 progênies S₂ de milho pipoca na safra 2014/2015 em Dourados-MS.

Tratamento	FF (dias)	FM (dias)	AP (cm)	AE (cm)	DC (mm)
1	70,33a	70,33a	168,16a	90,83a	18,59a
2	73,66a	71,33a	163,83a	89,00a	21,27a
3	71,33a	70,00a	176,50a	97,83a	23,97a
4	72,33a	71,00a	170,16a	88,16a	23,54a
5	72,66a	70,00a	175,16a	102,83a	23,76a
6	69,33a	68,66a	164,66a	93,00a	24,31a
7	75,00a	71,66a	162,66a	82,50b	20,24a
8	77,33a	75,00a	140,95b	69,86b	18,87a
9	77,00a	76,00a	171,33a	86,50a	20,15a
10	71,66a	71,00a	132,16b	63,66b	22,54a
11	74,66a	72,66a	155,00a	75,00b	19,76a
12	70,00a	69,00a	168,50a	77,16b	21,93a
13	71,33a	70,00a	156,00a	73,83b	21,93a
14	72,66a	70,33a	165,50a	96,50a	24,25a
15	73,66a	71,33a	158,33a	79,48b	21,90a
16	74,66a	72,33a	161,71a	90,41a	23,50a
17	73,33a	73,33a	144,83b	88,66a	20,82a
18	73,66a	72,33a	156,18a	88,50a	22,72a
19	74,00a	72,00a	156,16a	76,11b	23,20a
20	71,66a	72,00a	158,66a	85,83a	21,41a
21	75,00a	73,00a	155,50a	83,66a	19,42a
22	72,66a	70,33a	159,83a	87,66a	21,43a
23	74,33a	73,66a	148,16b	80,16b	22,66a

Tratamento	AQ (unidade)	NE (unidade)	REND (kg.parcela)	P1000 (g)	CE (mL g ⁻¹)
1	13,66a	9,33b	0,25 ^a	153,61b	20,94a
2	8,33b	9,00b	0,27 ^a	130,71c	19,05b
3	8,00b	7,66b	0,25 ^a	145,24b	26,94a
4	7,33b	9,00b	0,17b	115,62c	22,00a
5	11,00a	8,33b	0,25 ^a	153,6b	21,05a
6	11,33a	9,33b	0,19b	118,86c	17,72b
7	7,66b	5,66b	0,14b	123,93c	24,27a
8	5,33b	3,66b	0,05b	107,02c	18,33b
9	11,00a	12,33a	0,47 ^a	195,54a	16,83b
10	2,33b	9,66b	0,09b	85,44c	16,66b
11	8,33b	9,66b	0,36 ^a	178,63a	14,88b
12	7,66b	8,66b	0,05b	94,76c	20,16b
13	9,00b	12,33a	0,28 ^a	123,62c	16,66b
14	14,33a	8,00b	0,22 ^a	194,39a	13,94b
15	9,33b	13,66a	0,35 ^a	134,75c	22,16a
16	10,33a	5,66b	0,11b	137,63c	12,66b
17	14,66a	13,66b	0,32 ^a	109,05c	24,61a
18	5,66b	6,66b	0,16b	130,34c	24,61a
19	4,33b	7,00b	0,19b	126,35c	22,33a
20	12,33a	6,33a	0,18b	108,41c	19,38b
21	4,66b	9,66b	0,28 ^a	141,61b	22,55a
22	9,00b	12,00a	0,28 ^a	147,55b	16,00b
23	7,00b	5,33b	0,05b	94,44c	20,83a

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

Já as características que apresentaram valores de CV acima de 20%, como rendimento, número de espigas e acamamento mais quebramento apesar de serem considerados altos são comuns na literatura. Merece destaque o CV encontrado para capacidade de expansão (CE), 15,37%, indicando que, embora também seja uma característica de herança quantitativa, seu controle genético provavelmente é feito por uma quantidade menor de genes que a produção (ALEXANDER e CREECH, 1977).

No agrupamento de médias (Tabela 02) para as características FF e FM foi formado apenas um grupo, em conformidade com os resultados da ANOVA (Tabela 01) no qual essas características não apresentaram diferenças significativas. Para o DC, embora tenha sido constatada diferença significativa pela ANOVA (Tabela 01), todas as progênies foram agrupadas em um único grupo de médias. No entanto, para os demais caracteres a significância do teste de Scott-Knott promoveu a formação de ao menos dois grupos. Para P1000 houve formação de três grupos, demonstrando variabilidade entre as progênies.

Embora as médias não tenham se diferenciado estatisticamente para florescimento masculino e feminino, observou-se uma variação. Para o FF as médias variaram entre 77,3 (progênie 8) e 69,3 dias (progênie 6) e para o FM 76,0 (progênies 9) e 68,6 dias (progênie 6) (Tabela 02).

Foi observado também variação na altura das plantas entre 176,50 a 132,16 cm (Tabela 02). As 23 progênies foram agrupadas em apenas dois grupos pelo teste de Scott-Knott para essa característica. Em relação à altura de espiga, as progênies apresentaram média entre 102,83 a 63,66 cm (Tabela 02). A altura da espiga tem especial importância na seleção das plantas de milho, uma vez que se trata de uma característica fundamental no momento da colheita, seja ela manual ou mecânica, e também no índice de acamamento.

As médias para capacidade de expansão foram distribuídas em dois grupos. A progênie 3 apresentou a maior capacidade de expansão, de 26,94 mL g⁻¹ (Tabela 02). Foi observada que a mesma progênie também apresentou resultado satisfatório para diâmetro de colmo (23,97 mm). Assim, pode-se considerar, como exemplo, que essa progênie tem características recomendadas, podendo dar continuidade no programa de melhoramento, uma vez que pode apresentar, além de boa CE, maior tolerância ao acamamento, principalmente na região de Dourados que tem relatos de ocorrência de ventos fortes.

Dentre as 23 progênies, nove apresentaram CE acima de 21 mL g⁻¹. Segundo Galvão et al., (2000) e Scapim et al., (2002), populações de milho-pipoca com CE acima de 21 mL g⁻¹ tem potencial para melhoramento e ganhos em ciclos seletivos. Ribeiro et al., (2012) verificaram aumento de 20,0 mL g⁻¹ para 32,0 mL g⁻¹ na variedade de milho pipoca UENF-14, durante sete ciclos de seleção recorrente. Portanto, verifica-se potencial seletivo nas progênies avaliadas a partir dos valores de capacidade de expansão, sendo que é a característica de maior importância da cultura.

As progênies 3 e 17 apresentaram capacidade de expansão 26,94 e 24,61 mL g⁻¹, sendo que as mesmas apresentaram respectivamente um rendimento de 0,25 e 0,32 kg parcela, resultados importantes que também devem ser considerados em seleções num programa de melhoramento, pois além desses caracteres serem de interesse por atenderem as necessidades do produtor e do consumidor, tem sido verificado que a capacidade de expansão é negativamente correlacionada com a produção de grãos, o que dificulta a obtenção de resultados favoráveis para as duas características simultaneamente. A progênie 9 apresentou uma das maiores médias em NE, conseqüentemente tendo maior média em produtividade e peso de 1000 grãos.

Na Tabela 03 estão apresentados os parâmetros genéticos para os caracteres avaliados. Em oito dos dez caracteres, a variância genética foi maior que o componente ambiental, constatando que houve menor influência ambiental na estimativa destas características. Para FF e FM foi verificado baixos valores de herdabilidade, 22,99% e 16,07% respectivamente. Assim, para essas características foi constatado que a influência do ambiente foi maior que a genotípica, na expressão do fenótipo. Observa-se uma consistente variância genotípica para as características AP, AE e P1000, acompanhadas de elevados valores de herdabilidade, sendo que foi superior a 70% para AP, AQ, REND, P1000 e CE.

Para o parâmetro CV_G os valores variaram de 1,00 a 42,45%, constatando-se que de maneira geral as características possuem uma boa variabilidade genética, destacando os valores de REND (42,45%), AQ (30,77%), P1000 (18,95%) e CE (16,62%) (Tabela 03). Para Resende (2002), o coeficiente de variação genético é uma estatística que é expressa em relação à média da população e das características, assim suas estimativas permitem comparar os níveis de variabilidade presentes em diferentes populações, ambientes e características. Dessa forma, esse parâmetro permite inferir variabilidade presente nas populações em diferentes características.

O índice de variação (CV_g/CV_e) (Tabela 03), demonstrou magnitudes superior a 1,0 para REND e CE, indicando a que a maior parte da variação fenotípica foi devido as

diferenças genéticas existente entre as progênes, indicando possibilidade de sucesso com a seleção.

Tabela 03 – Estimativas da variância fenotípica (S^2_p), variância de ambiente (S^2_E), variância genética (S^2_G), herdabilidade média no sentido amplo (h^2_a), coeficiente de variação genético ($C.V_G$), e a razão entre os coeficientes de variação genético e de ambiente, obtidos para os componentes do florescimento feminino (FF), florescimento masculino (FM), altura de plantas (AP), altura de espigas (AE), diâmetro de colmo (DC), acamamento e quebramento de colmo (AQ), número de espigas (NE), rendimento de grãos (REND), peso de 1000 grãos (P1000), capacidade de expansão (CE) em 23 progênes S_2 de milho pipoca na safra de 2014/2015 em Dourados-MS.

Parâmetros	FF (dias)	FM (dias)	AP (cm)	AE (cm)	DC (mm)
S^2_p	4,159	3,245	115,825	86,943	3,012
S^2_E	3,203	2,723	34,496	26,319	1,649
S^2_G	0,956	0,521	81,329	60,623	1,363
h^2_a (%)	22,994	16,075	70,217	69,727	45,247
$C.V_G$ (%)	1,337	1,008	5,651	9,196	5,346
$C.V_G/CV_E$	0,315	0,252	0,886	0,876	0,524
Parâmetros	AQ (unidade)	NE (unidade)	REND (kg.parcela)	P1000 (g)	CE (mL g ⁻¹)
S^2_p	10,442	7,250	0,011	857,397	13,875
S^2_E	3,087	2,717	0,002	224,973	3,077
S^2_G	7,355	4,532	0,008	632,424	10,797
h^2_a (%)	70,432	62,516	75,623	73,760	77,817
$C.V_G$ (%)	30,777	24,162	42,451	18,956	16,622
$C.V_G/CV_E$	0,891	0,745	1,016	0,968	1,081

Para as características FF e FM não foi verificado resposta positiva com a seleção direta ou indireta (Tabela 04), devido à constatação de ausência de variabilidade entre as linhagens para essas características. Porém, selecionando as linhagens mais precoces em relação ao florescimento masculino, observa-se um ganho de 0,78% no florescimento feminino. Como já mencionado, a seleção de linhagens precoces é interessante para melhor adaptação às condições da safrinha sul-mato-grossense, marcada por secas e geadas.

A seleção com base em NE e P1000 proporcionarão elevados ganhos em REND (36,89 e 41,44%), maior que na própria seleção direta nesses caracteres, com diferença de 11 e 32,64% respectivamente. Esse resultado é reflexo da alta correlação genética observada entre NE e REND e P1000 e REND, além do coeficiente de herdabilidade das características, acima de 62% (Tabela 03).

O aumento da produtividade por meio do aumento do número de espigas é uma opção para se conseguir ganhos de produtividade no milho pipoca sem que ocorra perda de qualidade dos grãos, uma vez que há correlação negativa entre produtividade e qualidade da pipoca (CARPENTIERI-PÍPOLO et al., 2002).

Tabela 04. Estimativas dos coeficientes de correlação genotípica (r_G), ganho genético em unidade (Δ_G), porcentagem de ganho genético ($\Delta_G\%$) por seleção direta e indireta entre os caracteres florescimento feminino (FF), florescimento masculino (FM), altura de plantas (AP), altura de espigas (AE), diâmetro de colmo (DC), acamamento e quebraamento de colmo (AQ), número de espigas (NE), rendimento de grãos (REND), peso de 1000 grãos (P1000) e capacidade de expansão (CE) em 23 progênies S_2 de milho pipoca na safra 2014/2015 em Dourados-MS.

Características selecionadas	Progênies selecionadas	SELEÇÃO DIRETA E INDIRETA										
		FF (dias)	FM (dias)	AP (cm)	AE (cm)	DC (mm)	AQ	NE	REND (kg.parcela)	P1000 (g)	CE (mL g ⁻¹)	
FF	6-12-1-3-13	r_G	1,0	1,06	-0,83	-0,79	-1,13	-0,45	-0,23	0,58	0,46	0,03
		Δ_G	0,63	0,50	-4,90	-4,01	-0,85	-0,80	-0,31	0,03	7,60	0,06
		$\Delta_G\%$	0,87	0,7	-3,07	-4,74	-3,94	-9,19	-3,61	16,05	5,73	0,35
FM	6-12-3-5-13	r_G	1,06	1,0	-1,32	-1,14	-1,60	-0,31	-0,21	0,66	0,16	0,33
		Δ_G	0,56	0,39	-6,51	-4,84	-1,01	-0,46	-0,24	0,03	2,19	0,60
		$\Delta_G\%$	0,78	0,55	-4,08	-5,73	-4,66	-5,27	-2,79	15,22	1,66	3,07
AP	10-8-17-23-11	r_G	-0,83	-1,32	1,0	0,74	0,34	0,46	0,05	0,31	0,71	0,22
		Δ_G	-0,92	-1,08	10,23	6,59	0,45	1,42	0,12	0,03	20,55	0,83
		$\Delta_G\%$	-1,27	-1,52	6,42	7,79	2,09	16,16	1,45	15,19	15,49	4,23
AE	10-8-13-11-19	r_G	-0,79	-1,14	0,74	1,0	0,56	0,73	-0,03	0,25	0,60	0,28
		Δ_G	-0,87	-0,93	7,61	8,80	0,74	2,24	-0,07	0,02	17,09	1,04
		$\Delta_G\%$	-1,2	-1,31	4,77	10,41	3,42	25,43	-0,91	12,15	12,89	5,27
DC	6-14-3-5-4	r_G	-1,13	-1,60	0,34	0,56	1,0	-0,00	-0,16	-0,39	-0,22	-0,12
		Δ_G	-1,00	-1,05	2,82	4,01	1,06	-0,02	-0,31	-0,03	-5,16	-0,36
		$\Delta_G\%$	-1,38	-1,47	1,77	4,74	4,87	-0,26	-3,54	-15,23	-3,89	-1,84
AQ	10-19-21-8-18	r_G	-0,45	-0,31	0,46	0,73	0,00	1,0	0,40	0,48	0,65	-0,19
		Δ_G	-0,51	-0,25	4,74	6,46	-0,01	3,08	0,99	0,05	18,66	-0,74
		$\Delta_G\%$	-0,7	-0,36	2,97	7,64	-0,06	35,0	11,24	23,25	14,07	-3,76
NE	15-17-9-13-22	r_G	-0,23	-0,21	0,05	-0,03	-0,16	0,40	1,0	0,81	0,31	0,06
		Δ_G	-0,24	-0,16	0,50	-0,27	-0,20	1,18	2,28	0,08	8,43	0,24
		$\Delta_G\%$	-0,33	-0,23	0,32	-0,33	-0,92	13,49	25,89	36,89	6,36	1,22
REND	9-11-15-17-13	r_G	0,58	0,66	0,31	0,25	-0,39	0,48	0,81	1,0	0,83	0,01
		Δ_G	0,67	0,56	3,34	2,32	-0,54	1,53	2,03	0,11	24,85	0,05
		$\Delta_G\%$	0,92	0,78	2,1	2,74	-2,48	17,47	23,09	50,02	18,74	0,25
P1000	9-14-11-1-5	r_G	0,46	0,16	0,71	0,60	-0,22	0,65	0,31	0,83	1,0	-0,33
		Δ_G	0,52	0,13	7,55	5,44	-0,30	2,05	0,77	0,09	29,26	-1,26
		$\Delta_G\%$	0,72	0,19	4,73	6,43	-1,4	23,38	8,8	41,44	22,06	-6,39
CE	3-17-18-7-21	r_G	0,03	0,33	0,22	0,28	-0,12	-0,19	0,06	0,01	-0,33	1,0
		Δ_G	0,03	0,29	2,41	2,61	-0,16	-0,64	0,17	0,0	-9,93	3,92
		$\Delta_G\%$	0,05	0,41	1,51	3,08	-0,78	-7,31	1,98	0,66	-7,49	19,87

De modo geral, os caracteres de maior importância agrônômica, como rendimento de grãos, peso de 1000 grãos e número de espigas apresentaram correlação baixa, praticamente nula, e negativa com CE (0,01; -0,33 e 0,06 respectivamente), evidenciando a dificuldade de seleção indireta e ganho simultâneo nos dois componentes, produtividade e qualidade. Já a AP obteve maior predição de ganho indireto em AE (7,79%) do que o próprio ganho direto em AP (6,42%).

É possível constatar que apesar de haver possibilidade de ganho com a seleção indireta nos caracteres morfológicos e de produção, a seleção das progênies com base na CE não proporcionará ganhos no P1000.

Contudo, AP e AE possuem correlação genética positiva com P1000 (0,60 e 0,71) e com DC (0,34 e 0,56), podendo ocasionar ganhos indiretos para produtividade e, conseqüentemente, menos acamamento e quebramento das plantas devido maior diâmetro de colmo, também contribuindo para produtividade, já que AQ possui alta correlação com caracteres ligados a produtividade, REND (0,48) e P1000 (0,65).

Tanto para seleção direta, quanto para seleção indireta, o FF, a AE, AP e o REND são eficientes no aumento do P1000 das progênies S₂ de milho pipoca.

6. CONCLUSÕES

Existe variabilidade genética entre as progênies de milho pipoca, indicando potencial para melhoramento e sucesso na realização de seleção, com exceção do ciclo de florescimento. As progênies 3, 5, 11, 13 e 17 foram as que mais se destacaram com possibilidade de ganhos em futuros ciclos seletivos.

Há possibilidades para obtenção de ganhos com a seleção indireta nos caracteres relacionados à produtividade, porém se a capacidade de expansão for utilizada como critério para seleção será possível apenas à obtenção de ganho direto.

7. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- AGRIANUAL. **Anuário estatístico da agricultura brasileira**. São Paulo> FNP – Consultoria e Comércio, 2015. p. 153-162.
- ALEXANDER, D. E.; CREECH, R. G. **Popcorn**. Corn and corn improvement. In: SPRAGUE, F. G. (Ed.). New York: Academic, 1977. p.385-386.
- ALLARD, R. W. **Princípios de melhoramento genético das plantas**. São Paulo: Edgard Blücher, 1971. 381p.
- ANDRADE, R. A. **Cruzamentos dialélicos entre seis variedades de milho pipoca**. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento) – Curso de Pós-graduação em Genética e Melhoramento, Universidade Federal de Viçosa, 1996, 79f.
- BÁRBARO, I. M. **Análises genéticas em populações de soja com precocidade e resistência ao cancro da haste**. Tese (Doutorado em Agronomia) - Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Universidade Estadual Paulista, Jaboticabal, 2006, 75f.
- BARBIN, D. **Componentes de variância: teoria e aplicações**. Piracicaba, SP: FEALQ, 1993, 120p.
- BORÉM, A.; MIRANDA, G. V. **Melhoramento de plantas**. Viçosa, MG: UFV, 2005, 525p.
- BRUNSON, A. M. **Popcorn breeding**. Yearbook Agricultural, 1937 1: 395-404.
- BUSO, J. A. **Estimativas de parâmetros genéticos de caracteres de plantas e bulbo de cebola (*Allium cepa* L.)**. Dissertação - Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 1978, 132p.
- CARPENTIERI-PÍPOLO, V.; TAKAHASHI, H. W.; ENDO, R. M.; PETEK, M. R.; SEIFERT, A. L. Correlações entre caracteres quantitativos em milho pipoca. **Horticultura Brasileira**, Brasília, 2002, v.20, n.4, p.551–554.
- CARVALHO, A. D. F.; SOUZA, J. C.; RAMALHO, M. A. P. Capacidade de combinação de progênies parcialmente endogâmicas obtidas de híbridos comerciais de milho. **Revista Brasileira de Milho e Sorgo**, Sete Lagoas, v. 3, n. 3, p. 429-437, 2004.
- CARVALHO, A. D. F. D.; SOUZA, J. C. D.; RIBEIRO, P. H. E. Desempenho de híbridos de linhagens parcialmente endogâmicas de milho em regiões dos Estados de Roraima e Minas Gerais. **Ciência e Agrotecnologia**, Lavras, 2013, v.2, n.5, 985-990.
- 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**, n. 48 427-435, 2001.
- CRUZ, C.D.; REGAZZI, A.J. **Modelos Biométricos Aplicados ao Melhoramento Genético**. Viçosa: Editora da UFV, 1997. 390 p.
- CRUZ, C. D. **Programa Genes: Biometria**. Editora UFV. Viçosa, MG. 382p. 2006.
- DAROS, M., AMARAL JR., A.T., PEREIRA, M.G., SANTOS, F.S. Correlações entre caracteres agrônômicos em dois ciclos de seleção recorrente em milho-pipoca. **Ciência Rural**, 34:1389-1394, 2004.

- DAVIS, R. L. **Report of plant breeder**. Mayaguez: Puerto Rico Agricultural Experiment Station, 1927.
- DOFING, S. M.; D'CROZ-MASON, N.; THOMAS-COMPTON, M. A. Inheritance of expansion volume and yield in two popcorn x dent corn crosses. **Crop Science**, Madison, 1991, v.31, p.715-718, 1991.
- EBERHAR. S. A. **Ciba-Geigy Agrochemicals. Maize Basle**, Switzerland: Ciba-Geigy Agrochemicals, 1979, 105p.
- FALCONER, D. S.; MACKAY, T. F. C. **Introduction to quantitative genetics**. 4th ed. New York: Longman, 1996. 464p
- FALCONER, D. S. **Introduction to quantitative genetics**. Ed. 3. London: Longman Group, 1993. 438p.
- FEHR, W. R. **Principles of cultivar development**. New York: Macmillan Publishing Company, 1987. 536p.
- FIETZ, R. C.; FISCH, G. F. **O clima da região de Dourados, MS**. Dourados: Embrapa Agropecuária Oeste, 2008, p.32.
- FREITAS JÚNIOR, S. P.; AMARAL JÚNIOR, A. T. do; RANGEL, R.M.; VIANA, A.P. Genetic gains in popcorn by full-sib recurrent selection. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 9, n.1, 2009.
- GALVANI, R. **Variabilidade para florescimento prematuro em cenoura 'Brasília' no cultivo de outono-inverno**. Dissertação (Mestrado em Agronomia) - Faculdade de Ciências Agrônômicas, Universidade Estadual Paulista, Botucatu, 2008, 65p.
- GALVÃO, J. C. C.; SAWAZAKI, E.; MIRANDA, G. V. Comportamento de híbridos de milho pipoca em Coimbra, Minas Gerais. **Ceres**, Viçosa, MG, v. 47, n. 270, p.201-218, 2000.
- GOODMAM, M. M.; SMITH, J. S. C. **Botânica**. In Paterniani, E. e Viegas, G.P. (eds). **Melhoramento e Produção de Milho**. 1. Ed. Campinas: Fundação Cargill, 1987, p. 41-78.
- HALLAUER, A.R.; MIRANDA FILHO, J.B. **Quantitative genetics in maize breeding**. 2nd ed. Iowa State University Press, Ames, Iowa, 1988. 468 p.
- HOSENEY, R. C.; ZELEZNAK, K.; ABDELRAHMAN, A. Mechanism of popcorn popping. **Journal Cereal Chemistry**. n. 1:43-52, 1983.
- INSTITUTO BRASILEIRO DE GEOGRAFIA E ESTATÍSTICA – IBGE. 2015. Disponível em: <http://www.ibge.gov.br/home/default.php>.
- INSTITUTO MATO-GROSSENSE DE ECONOMIA AGROPECUÁRIA – IMEA. 2015. Disponível em: Disponível em: <http://www.imea.com.br/upload/publicacoes>.
- KANTETY, R.V.; ZENG, X.; BENNETZEN, J.; 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**, n. 1, 365-373. 1995.
- KOO, D., JIANG, J. Extraordinary tertiary constrictions of *Tripsacum dactyloides* chromosomes: implications for karyotype evolution of polyploids driven by segmental chromosome losses. **Genetics**, 179: 1119-1123, 2008.

LEONELLO, L. A. F.; Cazetta, D. A.; Fornasieri Filho, D. Características agronômicas e qualidade comercial de cultivares de milho pipoca em alta população. **Acta Scientiarum Agronomy**, Maringá, v. 31, n.2, p. 215-220, 2009.

LIMA, M.; ZINSLY, J. R.; VENCOVSKY, R.; MELO, M. R. Resultados parciais de um programa de melhoramento do milho (*Zea mays* L.) visando o aumento da produtividade, caracteres agronômicos e capacidade de expansão. **Relatório Científico do Departamento e Instituto de Genética**, Escola Superior de Agricultura Luiz de Queirós, v.5, p.84–93, 1971.

MATTA, F. P.; VIANA J. M. S. Testes de capacidade de expansão em programas de melhoramento de milho pipoca. **Scientia Agricola**, Piracicaba, v. 58, n. 4, p. 845-851, 2001.

MENDES DE PAULA, T. O.; GONÇALVES, L. S. A.; AMARAL JÚNIOR, A. T. D.; OLIVEIRA, É. C. D.; SILVA, V. Q. R. D.; SCAPIM, C. A.; LOPES, A. D. Magnitude of the genetic base of commercial popcorn and in recommendation in Brazil. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 10, n. 04, p. 289-297, 2010.

MERLO, E.; FORNASIERI FILHO, D.; LAM-SÁNCHEZ, A. Avaliação de sete cultivares de milho pipoca (*Zea mays*, L.) em três densidades de semeadura. **Científica**, Jaboticabal, v.16, n.2, p.245–251, 1998.

MINISTÉRIO DA AGRICULTURA, PECUÁRIA E ABASTECIMENTO - MAPA. 2015. Online. Disponível em <http://www.agricultura.gov.br/>.

MIRANDA J. E. C.; COSTA C. P.; CRUZ, C. D. Correlações genotípica, fenotípica e de ambiente entre caracteres de fruto e planta de pimentão (*Capsicum annunn* L.). **Revista Brasileira de Genética**, Ribeirão Preto, v.11, n.2, p. 457-468, 1988.

MIRANDA, G. V.; COIMBRA, R. R.; GODOY, C. L.; SOUZA, L. V.; GUIMARÃES, L. J. M.; MELO, A. V. Potencial de melhoramento e divergência genética de cultivares de milho pipoca. **Pesquisa agropecuária brasileira**, Brasília, v.38, n.6, p. 681 – 688, 2003.

MIRANDA FILHO, J. B.; VIÉGAS, G. P. **Milho híbrido**. In: Paterniani, E.; Viégas, G. P. (Ed.). Melhoramento e produção de milho. Campinas: Fundação Cargill, v. 1, n. 6, p. 275-340, 1987.

MOTERLE, L. M. **Análise dialéctica da qualidade fisiológica e produtividade das semente de milho pipoca e milho**. Tese (Doutorado em Produção Vegetal) – Universidade Estadual de Maringá (UEM) – Maringá – Paraná, 2011.

MOTERLE, L. M.; DE LUCCA, A.; SCAPIM, C. A.; PINTO, R. J. B.; GONÇALVES, L. S. A.; RODRIGUES, R.; DO AMARAL JÚNIOR, A. T. Combining ability of popcorn lines for seed quality and agronomic traits. **Euphytica**, v.185, n.3, 337-347, 2012.

OLIVEIRA, J. M. V. **O milho**. LISBOA: Clássica, 1984, 214p.

PACHECO, C.A.P.; GAMA, E.P.; 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**. n. 33, 1995-2001, 1998.

PATERNIANI, E., MIRANDA FILHO, J.B. **Melhoramento de populações**. In: PATERNIANI, E. (Ed.). Melhoramento e produção de milho no Brasil. Piracicaba: ESALQ, 1978. cap. 6, p.202-246.

PENA, G.F.; AMARAL JÚNIOR, A.T. do; GONÇALVES, L.S.A.; CANDIDO, L.S.; VITTORAZZI, C.; RIBEIRO, R.M.; FREITAS JÚNIOR, S.P. Stability and adaptability of

popcorn genotypes in the State of Rio de Janeiro, Brazil. **Genetics and Molecular Research**, v.11, p.3042-3050, 2012.

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

PIMENTEL-GOMES, F. **Curso de estatística experimental**. Piracicaba: FEALQ, 2009. 15 ed. 451p.

QUINTAL, S. S. R. **Caracterização e avaliação de um banco de germoplasma de mamoeiro para estudo dos parâmetros genéticos e diversidade genética**. Dissertação (Programa de pós graduação em genética e melhoramento de plantas) - Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, 2009.

RAMALHO, M. A P.; SANTOS, J. B.; PINTO, C. A. B. P. **Genética na agropecuária**. Lavras. Ed. UFLA, 2004, p.326.

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

RESENDE, M.D.V. **Genética biométrica e estatística no melhoramento de plantas perenes**. Brasília: Embrapa Informação Tecnológica, 2002.

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

RIBEIRO, R. M. **Impacto da seleção recorrente na variabilidade genética da população UENF-14 de milho-pipoca**. Tese (Programa de pós graduação em genética e melhoramento de plantas) - Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, 2015.

ROBINSON, H. F.; COMSTOCK, R. E.; HARVEY, P. H. Genotypic correlations in corn and their implications in selection. **Agronomy Journal**, Madison, v. 43, n. 6, p. 282-284, 1951.

RODRIGUES, R. E. S.; RANGEL, P. H. N.; ZIMMERMANN, J. P.; NEVES, P. C. Estimativa de parâmetros genéticos e resposta à seleção nas populações de arroz irrigado CNA-IRAT 4PR e CNA-IRAT 4 ME. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 33, n. 6, p. 685-691, 1998.

ROSO, V.M.; FRIES, L.A.; MARTINS, E.S. Parâmetros genéticos em características de desempenho e qualidade de carcaça em suínos da raça Duroc. **Revista Sociedade Brasileira de Zootecnia**, v.24, p.310- 316, 1995.

SAZAWAKI, 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 sínteses de híbridos. **Bragantia**, v. 59, n. 2, p. 143-151, 2000.

SAWAZAKI, E.; MORAIS, G. F. L.; LAGO, A. A. D. **Influência do tamanho e umidade do grão na expansão da pipoca**; Campinas, 1986, p. 157 – 160.

SAWAZAKI, E. A cultura do milho-pipoca no Brasil. **O Agrônomo**, Campinas, 2001, v.53, n.2, p.11-13.

- SCAPIM, C. A.; PACHECO, C. A. P.; TONET, A.; BRACCINI, A. L.; PINTO, R. J. B. Análise dialélica e heterose de populações de milho-pipoca. **Bragantia**, Campinas, vol.61, n.3, p. 219-230, 2002.
- SCAPIM, C. A.; DE CARVALHO, C. G. P.; CRUZ, C. D. Uma proposta de classificação dos coeficientes de variação para a cultura de milho. Pesquisa Agropecuária Brasileira, Brasília, v. 30, n. 5, p. 683-686, 1995.
- SILVA, V. Q. R.; AMARAL JUNIOR, A. T.; SCAPIM, C. A.; FREITAS JÚNIOR, S. P.; GONÇALVES, L. S. A. Inheritance for economically important traits in popcorn from distinct heterotic groups by Hayman's diallel. **Cereal Research Communications**, v. 38, n. 02, p. 273-285, 2010.
- SILVA, T. R. C.; AMARAL JUNIOR, A. T.; GONÇALVES, L. S. A.; CANDIDO, L.S.; VITTORAZZI, C.; SCAPIM, C. A. Agronomic performance of popcorn genotypes in Northern and Northwestern, Rio de Janeiro. **Acta Scientiarum Agronomy**, v. 35, p. 57-63, 2013.
- SILVEIRA, F. T.; MORO, J. R. Utilização de linhagens parcialmente endogâmicas S3 para a obtenção de híbridos simples de milho. **Revista Biociências**, v.15, n.2, p. 147-152, 2009.
- SIQUEIRA, W. J.; ILLG, R. D.; FORNASIER, J. B.; GRANJA, N. P.; LISBÃO, R. S.; SANTOS, R. R. DOS. Estimativas de parâmetros genéticos e eficiência de três métodos de seleção no melhoramento da cenoura, variedade Campinas. **Revista Brasileira de Genética**, v. 17, n. 4, p. 417-424, 1994.
- STEEL, R. G. G.; TORRIE, J. H. **Principles and procedures of statistics**. 2. Ed. New York: McGraw-Hill Book Company, 1980. 633p.
- VENCOVSKY, R.; BARRIGA, P.; Genética biométrica no fitomelhoramento. Ribeirão Preto: Ed. **Revista Brasileira de Genética**. 1992, 496p.
- VILARINHO, A. A. VIANA, J. M. S.; CÂMARA, T. M. M. e SANTOS, J. F. Seleção de progênes endogâmicas S₁ e S₂ em um programa de melhoramento intrapopulacional de milho pipoca. **Acta Scientiarum**, p. 1419-1425, 2002.
- VITTOZZI, C., AMARAL JR., A.T., GONÇALVES, L.S.A., CANDIDO, L. S., SILVA, T.R.C. Selecting pre-cultivars of popcorn maize based on nonparametric indices. **Revista Ciência Agrônômica**, Lavras, v. 44, n. p.356-362, 2013.
- VIEIRA, R. A.; RODOVALHO, M. A.; SCAPIM, C. A.; TESSMAN, 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**, Maringá, v. 30, n.1, p. 29-36, 2009.
- ZIEGLER, K. E.; ASHMAN, B. **Popcorn**. In: Hallauer, A. ed. Specialty corns. Iowa: CRC Press, 1994, 7:189-223.
- ZINSLY, J. R.; MACHADO, J. A. Melhoramento e produção do milho no Brasil. **Botânica**. Piracicaba/ESALQ, Marprint, 1980.
- ZINSLY, J. R; MACHADO, J. A. **Milho pipoca**. In: Paterniani, E.; Viegas, G. P. Melhoramento e produção do milho. Campinas, Fundação Cargill, 1987, p. 413-421.