



HUGO JUNQUEIRA EMATNÉ

**SELEÇÃO RECORRENTE
INTRAPOPOPULACIONAL EM MILHO PIPOCA**

LAVRAS – MG

2011

HUGO JUNQUEIRA EMATNÉ

**SELEÇÃO RECORRENTE INTRAPOPULACIONAL EM MILHO
PIPOCA**

Dissertação apresentada à Universidade Federal de Lavras, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas, área de concentração em Genética e Melhoramento de Plantas, para a obtenção do título de Mestre.

Orientador
Dr. João Cândido de Souza

LAVRAS – MG

2011

**Ficha Catalográfica Preparada pela Divisão de Processos Técnicos da
Biblioteca da UFLA**

Ematné, Hugo Junqueira.

Seleção recorrente intrapopulacional em milho pipoca / Hugo Junqueira Ematné. – Lavras : UFLA, 2011.

93 p. : il.

Dissertação (mestrado) – Universidade Federal de Lavras, 2011.

Orientador: João Cândido de Souza.

Bibliografia.

1. Seleção recorrente. 2. Ganho genético. 3. Capacidade de expansão. 4. REML/BLUP. 5. BLUP múltiplos caracteres. 6. Índice de seleção. I. Universidade Federal de Lavras. II. Título.

CDD – 633.1523

HUGO JUNQUEIRA EMATNÉ

**SELEÇÃO RECORRENTE INTRAPOPULACIONAL EM MILHO
PIPOCA**

Dissertação apresentada à Universidade Federal de Lavras, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas, área de concentração em Genética e Melhoramento de Plantas, para obtenção do título de Mestre.

APROVADA em 22 de julho de 2011.

Dr. José Airton Rodrigues Nunes

DBI/UFLA

Dr. Adriano Teodoro Bruzi

DAG/UFLA

Dr. João Cândido de Souza
Orientador

LAVRAS – MG

2011

Aos meus pais, Naylor e Agda.

DEDICO

AGRADECIMENTOS

A Deus, por iluminar meu caminho.

À Universidade Federal de Lavras e ao Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas, pela oportunidade de cursar o mestrado.

A Capes, pela bolsa de estudos.

Aos meus pais, Naylor Ematné Junior e Agda Junqueira Ematné, pelo carinho, confiança, educação, paciência e apoio incondicional para que eu realizasse minhas conquistas.

As minhas irmãs, Marcela, Paula e Gisele, pela grande amizade, apoio, carinho e torcida por minhas realizações.

A minha amada namorada, Michelle, pelo amor, amizade, paciência, confiança, carinho, dedicação e apoio em momentos difíceis.

A toda minha família, pela torcida.

Ao meu orientador, João Cândido, pela amigável orientação e convivência, atenção desprendida, paciência durante a minha formação. Sou muito grato.

Aos membros da banca de defesa, pelas pontuais e preciosas sugestões para a melhoria deste trabalho.

Aos professores do programa de pós-graduação em Genética, pela amizade e ensinamentos transmitidos.

Ao professor José Airton em especial, pelos ensinamentos transmitidos, pelas sugestões e ajudas na elaboração deste trabalho. Sou muito grato.

Ao amigo Marcio Balestre, pelas ajudas e sugestões.

A Heloíza, pela atenção e eficácia nos auxílios necessários durante o mestrado, muito obrigado, e aos funcionários do Departamento de Biologia.

Aos colegas do milho que de alguma forma contribuíram para realização deste projeto de pesquisa: Fernando Guedes, Fernandão, Guilherme, Gustavo (vavá), Emiliano, Matheus (carioca), Matheus (zé

ruela), Ricardo (Stalone), Pedro, Grampola, Camila, Paulo Eduardo, Gustavo Biudes obrigado pela colaboração, amizade e momentos de descontração.

Aos funcionários de campo Leo, Lindolfo e Zé Carlinho.

Aos amigos e colegas do GEN, de alguma maneira, contribuíram para o meu crescimento profissional e pessoal.

Aos colegas de moradia, Ulisses e Allan, pela amizade e boa convivência.

Aos antigos e colegas de república (rep. Kurral), Bokão, Ursso, Koala, Gonzo, Nil, Tonho, Pastel, Kostinha, enfim todos os amigos que moraram e moram na Kurral.

Aos amigos de graduação: Tiago (diva), Guilherme (caminhoneiro), Patrick, Fernandão, Renan (primo), Felipe (perninha), Gilsinho, Testa enfim a todos amigos que fiz em Lavras. Desejo todo sucesso para vocês!

E a todos que durante esse tempo contribuíram direta ou indiretamente para este momento, que Deus retribua todo o bem que me foi desejado!

RESUMO

No intuito de avaliar a eficiência de diferentes estratégias de seleção e o progresso genético em populações de milho pipoca foram realizados dois trabalhos distintos. No primeiro, objetivou-se avaliar o efeito da seleção para tipo de grãos (redondo e espinho) após quatro ciclos de seleção recorrente fenotípica quanto aos principais caracteres agronômicos do milho pipoca, estimar o progresso genético realizado para o caráter capacidade de expansão (CE), e obter estimativas de correlações fenotípicas para as principais características da cultura nas populações UFLA-HJE e UFLA-HJR. Para isso utilizou-se os ciclos zero, um, dois e três das populações UFLA-HJE e UFLA-HJR, o ciclo quatro (comum as duas) e as testemunhas IAC-112 e 125. Os experimentos foram conduzidos na Fazenda experimental da UFLA (Ambiente 1) e na área experimental do Departamento de Biologia Setor de Genética da UFLA (Ambiente 2) na safra 2010/11. O delineamento experimental foi o de blocos ao acaso com sete repetições no Ambiente 1 e quatro no Ambiente 2. Avaliaram-se nove características agronômicas incluindo CE e produtividade de grãos (PG). No segundo trabalho, os objetivos foram: confrontar diferentes estratégias de seleção, abordando diferentes intensidades de seleção para os caracteres CE e peso de grãos (PG') via procedimento REML/BLUP (máxima verossimilhança restrita / melhor preditor linear não tendencioso) univariado e multivariado, no sentido de verificar qual é a vantagem do método multivariado sobre o univariado em selecionar indivíduos superiores proveniente de populações segregantes em milho pipoca. Utilizou-se a população UFLA-HJR ciclo três do programa de Melhoramento de Milho Pipoca da UFLA. Avaliando-se 20 progênies meio-irmãos com um número total de 224 indivíduos, com número variável de plantas na parcela para os caracteres CE e PG'. No primeiro trabalho, constatou-se que as populações UFLA-HJR e UFLA-HJE apresentaram comportamento semelhante para todas as características avaliadas, que a seleção para tipo de grão (redondo ou espinho) não influenciou no progresso genético, e os ganhos obtidos para CE foram de 5% e 3,7% a cada ciclo de seleção praticada nas populações UFLA-HJE e UFLA-HJR respectivamente. Constatou-se também que a seleção fenotípica praticada durante a recombinação para CE é uma estratégia eficiente em aumentar a expressão do caráter, e as características CE e PG não apresentaram associação linear. No segundo trabalho verificou-se que a análise multivariada em nível de progênies proporcionou melhores estimativas dos parâmetros genéticos em relação à univariada, principalmente para CE. Os procedimentos univariado e multivariado foram equivalentes na seleção de progênies com base nos índices aditivo multivariado, univariado e índice do somatório das variáveis padronizadas (Z'). As estratégias de seleção E1 (seleção individual com base no índice aditivo dos valores genéticos aditivos preditos para CE e PG pela análise univariada) e E3 (seleção individual com base no índice Z') apresentaram

boas coincidências de indivíduos selecionados com a estratégia E4 (índice aditivo dos valores genéticos aditivos preditos para CE e PG pela análise multivariada). E a estratégia E2 (Seleção individual com base no índice de RANKs BLUPs uni-caráter) foi a que proporcionou maiores ganhos para CE.

Palavra-chaves: Seleção recorrente. Ganho genético. Capacidade de expansão. REML/BLUP. BLUP múltiplos caracteres. Índice de seleção.

ABSTRACT

In order to evaluate the efficiency of different selection strategies and genetic gain in populations of popcorn were made two distinct works. The first aimed to evaluate the effect of selection for type of grain (round and thorn) after four cycles of phenotypic recurrent selection on the main agronomic traits of popcorn, estimate the genetic gain to popping expansion (PE), and estimates the phenotypic correlations for the main traits in the populations UFLA-HJE and UFLA-HJR. For this was used the cycle zero, one, two and three of the populations UFLA-HJE and UFLA-HJR, and the cycle four (common for two) plus cheks IAC-112 and 125. The trials were conducted at the Experimental Farm of UFLA and experimental area of Department of Biology of UFLA in the 2010/11 season. The experimental design was randomized complete block with seven replications. Were evaluated twelve agronomic traits including PE and grain yield (GY). In the second study, the objective was compare different selection strategies using different selection intensities for the traits popping expansion (PE) and weight of grains (WG) by REML/BLUP procedure multi and single-trait, in order to verify the advantage of multi-trait over the single-trait approach in selecting superior individuals from segregating populations in popcorn. We used the population UFLA-HJR, evaluating 20half-sib progenies with a total of 224 individuals, with variable number of plants per plot for the traits PE and WG. The populations UFLA-HJE and UFLA-HJR behaved similarly in all traits. The selection for grain type (round or thorn) did not influence the genetic gain, and the gain was 5% and 3.7% per cycle performed in the population UFLA-HJE and UFLA -HJR respectively. It was found that the phenotypic selection practiced during the recombination for PE is an efficient method to increase the expression of trait, and the PE and GY did not show linear association. And in the second, the multi-trait analysis provided better estimates of genetic parameters in the single-trait relationship, especially for PE. The single-trait and multi-trait procedures were equivalent in the selection of progenies based on additive index multi-trait, single-trait and Z' . The selection strategies E1 and E3 were the ones with the major coincidences of individuals selected with the strategy E4, and the strategy E3 has the best gains for PE.

Keywords: Recurrent selection. Genetic gain. Popping expansion. REML/BLUP. BLUP multi-trait. Selection index.

SUMÁRIO

	CAPÍTULO 1 Introdução Geral	12
1	INTRODUÇÃO	13
2	REFERENCIAL TEÓRICO	16
2.1	Milho pipoca no Brasil	16
2.2	Melhoramento de milho pipoca no Brasil	17
2.3	Capacidade de expansão	20
2.4	Seleção recorrente	21
2.5	Índices clássicos de seleção em milho pipoca como estratégia de seleção	27
2.6	Procedimento ótimo de seleção e estimação de componentes de variância REML/BLUP	28
3	CONCLUSÕES	31
	REFERÊNCIAS	32
	CAPÍTULO 2 Progresso genético em milho pipoca após quatro ciclos de seleção recorrente fenotípica	39
1	INTRODUÇÃO	42
2	MATERIAL E MÉTODOS	44
3	RESULTADOS E DISCUSSÃO	49
4	CONCLUSÕES	59
	REFERÊNCIAS	60
	CAPÍTULO 3 Estratégias de seleção de indivíduos em blocos de recombinação em milho pipoca via abordagem de modelos mistos	64
1	INTRODUÇÃO	67
2	MATERIAL E MÉTODOS	70
2.1	Dados experimentais	70
2.2	Análise estatística – genéticas via abordagem REML/BLUP Uni-caráter (individual)	71
2.3	Análise estatística – genéticas via abordagem REML/BLUP Multi-caracteres (individual)	71
2.4	Análise estatística – genéticas via abordagem REML/BLUP Uni-caráter (progênies)	72
2.5	Análise estatística – genéticas via abordagem REML/BLUP Multi-caracteres (progênies)	74
2.6	Índice de seleção padronizado (Z')	75
2.7	Estratégias de seleção	76
3	RESULTADOS E DISCUSSÃO	78
4	CONCLUSÕES	89
	REFERÊNCIAS	90

CAPÍTULO 1
Introdução geral

1 INTRODUÇÃO

O milho pipoca tem como principal característica a capacidade de expansão (CE) de seus grãos, quando submetidos ao aquecimento, originando a pipoca. Devido a sua popularidade, o consumo de milho pipoca tem aumentado no Brasil. As estimativas de consumo estão em torno de 80 mil toneladas, sendo esta demanda suprida em maior proporção por sementes de híbridos norte americanos, registrados por empresas empacotadoras, que fornecem as sementes aos produtores cooperados e pela importação de grãos, principalmente da Argentina (GALVÃO et al., 2000; GARCIA; MONTEIRO, 1995; SAWAZAKI et al., 2003; SCAPIM et al., 2006).

Atualmente, observa-se no mercado um reduzido número de cultivares disponível ao produtor (Zélia, IAC 112, IAC 125, RS 20 e UFVM2 Barão), aliado a dificuldade de encontrar entres as disponíveis, as que melhor reúnam características agronômicas favoráveis e com alta qualidade de pipoca. Atributos estes que representam um dos principais entraves para o desenvolvimento da cultura no país (CRUZ; PEREIRA FILHO; SILVA, 2010; FREITAS JÚNIOR et al., 2009; PEREIRA; AMARAL JÚNIOR, 2001; SILVA et al., 2010).

Nesse contexto, o desenvolvimento de programas de melhoramento de milho pipoca, que visem o desenvolvimento de populações melhoradas e/ou híbridos adaptados as condições brasileiras, é imprescindível para diminuir a dependência da importação do milho pipoca e, sobretudo de sementes de híbridos americanos (LEONELLO et al., 2009; VILARINHO et al., 2002).

Dentre as alternativas viáveis para aumentar a CE e produtividade de grãos (PG) no milho pipoca, destaca-se o emprego da seleção recorrente intrapopulacional, cujo objetivo é aumentar a média da população *per se*, possibilitando dessa forma a extração de linhagens superiores em ciclos avançados, que posteriormente serão testadas em combinações híbridas. Para a cultura, tanto a seleção massal, como a seleção entre e a seleção entre e

dentro de progênies de meio-irmãos têm sido utilizadas com resultados satisfatórios (DAROS et al., 2004b; GRANATE; CRUZ; PACHECO, 2002; MATA; VIANA, 2003; PACHECO et al., 2005; SANTOS et al., 2004, 2008; VILARINHO et al., 2003).

Entretanto, a correlação negativa entre CE e PG geralmente relatada, dificulta a seleção de genótipos de interesse para o melhoramento (DAROS et al., 2004a; DOFING; CROZ-MASON; THOMAS-COMPTON, 1991; ZINSLY; MACHADO, 1987) e torna necessário o emprego de procedimentos genético - estatísticos que permitam minimizar respostas correlacionada, assim como estimar parâmetros genéticos para orientar os melhorista na escolha de estratégias de seleção e recombinação dos genótipos.

Um procedimento ótimo pregado para estimação / predição de valores genéticos e estimação de parâmetros genéticos refere-se ao BLUP - Best Linear Unbiased Predictor (melhor preditor linear não tendencioso) via REML (máxima verossimilhança restrita). Porque estes procedimentos lidam naturalmente com o desbalanceamento de dados e permitem a inclusão de informações na modelagem, conduzindo a estimações mais acuradas dos parâmetros genéticos.

Como em milho pipoca o melhorista geralmente trabalha com a seleção de múltiplos caracteres e, se esses caracteres forem correlacionados, algum viés na seleção pode ocorrer na análise univariada via REML/BLUP, especialmente com a seleção seqüencial (POLLAK; WERF; QUAAS, 1984). Para contornar o problema, Henderson e Quaas (1976) introduziram a análise de modelos mistos multivariada. Com objetivo de estimar os BLUPs multivariados dos indivíduos para duas ou mais características simultaneamente. De forma a contemplar as co-variâncias genéticas e ambientais existentes entre os caracteres (RESENDE, 2007).

Do exposto, foi realizado o presente trabalho com os seguintes objetivos: (i) avaliar o efeito da seleção para tipo de grãos após quatro ciclos de seleção recorrente fenotípica quanto aos principais caracteres

agronômicos do milho pipoca, estimar o ganho genético realizado para o caráter capacidade de expansão, e obter estimativas de correlações fenotípicas para as principais características da cultura. (ii) confrontar diferentes estratégias de seleção, abordando diferentes intensidades de seleção para os caracteres CE e PG via procedimento REML/BLUP uni-caráter e multi-caracteres, no sentido de verificar qual é a vantagem da metodologia multivariada sobre a univariada em selecionar indivíduos superiores proveniente de populações segregantes em milho pipoca.

2 REFERENCIAL TEÓRICO

2.1 Milho pipoca no Brasil

O milho pipoca é um tipo de milho especial, tendo como característica principal a capacidade de estourar quando aquecido, originando a pipoca. É um produto utilizado para o consumo humano, muito apreciado e popular, cuja demanda concentra-se principalmente nos meses de maio, junho e julho. No Brasil tem-se certa dificuldade em obter dados estatísticos sobre a cultura, principalmente sobre aspectos econômicos da comercialização e da produção. As estimativas que se têm, são de que o consumo esteja em torno de 80 mil toneladas por ano, sendo esta demanda suprida em maior proporção por sementes de híbridos norte americanos, registrados por empresas empacotadoras, que fornecem as sementes aos produtores cooperados (GALVÃO et al., 2000; GARCIA; MONTEIRO, 1995; SAWAZAKI et al., 2003; SCAPIM et al., 2006).

A importação de sementes, realizada por empresas empacotadoras, se deve a baixa qualidade da pipoca disponível no mercado brasileiro e aos elevados índices de capacidade de expansão (CE) atingidos por esses híbridos. O processo de importação de genótipos exóticos (híbridos geralmente) acarreta uma forte interação genótipos por ambientes, como consequência a produção é drasticamente reduzida.

Entretanto, a justificativa para importação de sementes híbridas de milho pipoca é devido a CE não ser tão afetada quando se tem condições de manejo adequado durante o desenvolvimento da cultura. Como a CE é um atributo da qualidade da pipoca, sendo esta a medida feita pelo consumidor final, ou seja, se a pipoca estoura bem, tem uma alta CE e não deixa “piruás”, o milho tem um bom apreço no mercado. Contudo, outra justificativa para a importação destes genótipos é o fato deles geralmente serem destinados para a produção de milho pipoca específico para

microondas, sendo assim, possível agregar valor ao produto compensando a baixa produtividade (GALVÃO et al., 2000; SAWAZAKI, 2001).

Como exemplo, o lançamento dos híbridos IAC-112 e o IAC-125 no mercado pelo Instituto Agrônomo de Campinas surtiram efeito imediato, e dessa forma provocou uma redução na importação de sementes provenientes de híbridos americanos (SCAPIM et al., 2006; VIEIRA, 2010). Estimativas da safra colhida em 2009 mostraram que os híbridos IAC-112 e IAC-125 somaram uma produção em torno de 25 mil toneladas, sendo que, apenas 20% a 25% da produção de milho pipoca no País foram de híbridos nacionais (VIERA, 2010).

Na safra 2010/11 foram disponibilizadas ao mercado 498 cultivares de milho, em que destas 491 são de milho comum (convencional e transgênico), cinco são de milho pipoca (Zélia, IAC 112, IAC 125, RS 20 e UFVM2 Barão), uma de milho doce e outra de milho amido. Dentre as 491 cultivares, 71 de milho convencional e 51 de milho transgênico são lançamentos. Isto mostra a dinâmica dos programas de melhoramento, tanto os públicos como os privados. Porém, nenhuma cultivar de milho pipoca foi lançada, pelo contrário, a disponibilidade de cultivares na safra 2008/09 comparada com a safra 2010/11 observou-se a saída de duas cultivares do mercado (Jade e BRS Angela), indicando a existência de uma defasagem de programas de melhoramento trabalhando com a cultura (CRUZ; PEREIRA FILHO, 2009; CRUZ; PEREIRA FILHO; SILVA, 2010).

2.2 Melhoramento de milho pipoca no Brasil

O Instituto Agrônomo de Campinas (IAC) iniciou seus trabalhos pioneiros de melhoramento genético com a cultura do milho pipoca no ano de 1932. Em 1941, o programa lançou a primeira variedade nacional, proveniente de ciclos de seleção massal.

O objetivo do programa do IAC é a obtenção de híbridos superiores, com elevada CE e produtivos. Em 1988 o programa lançou o IAC-112, um

híbrido simples modificado, o qual é oriundo da combinação de linhagens da variedade SAM com linhagens provenientes do híbrido Intervarietal Guarani x UFV Amarelo (SAWAZAKI, 2001; SAWAZAKI et al., 2000). O destaque do híbrido IAC-112 se deu a partir da década de 1990, o qual começou a ser produzido em escala comercial para atendimento de uma parceria com a empresa “Hikari” (SAWAZAKI, 2001). Em 2006 foi lançado o IAC-125, um híbrido top cross, que está tendo aceitação satisfatória no mercado. Além destes está previsto o lançamento de dois novos híbridos, o “HT 05” e o “HT 06”, frutos de uma parceria com as empresas “FTR” e “Nascente” (VIEIRA, 2011).

A Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária – Embrapa Milho e Sorgo (CNPMS) iniciaram seus trabalhos de melhoramento genético com a cultura do milho pipoca em meados da década de 1970. Inicialmente formou-se um composto com base genética ampla, denominado CMS – 43, proveniente de quatro ciclos de recombinação de 33 genótipos. Em 2000, o CNPMS lançou no mercado a variedade BRS Ângela, fruto de seis ciclos de seleção recorrente intrapopulacional no composto CMS – 43. Esta variedade, embora produtiva e com uma boa qualidade de pipoca, apresenta grãos brancos, isto veio a limitar sua utilização devido à preferência do mercado por grãos amarelos ou alaranjados e dessa forma a BRS Ângela não emplacou, saindo rapidamente (PACHECO et al., 2005; SAWAZAKI, 2001).

Dentre as instituições públicas que trabalham com melhoramento de milho pipoca no Brasil pode-se citar: a Universidade Federal de Viçosa, a qual tem no mercado a variedade de polinização aberta “UFVM2 Barão”; a Fundação Estadual de Pesquisa Agropecuária (FEPAGRO) que tem no mercado a variedade de polinização aberta RS 20, sendo está mais restrita a região sul do Brasil; a Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro (UENF); e a Universidade Estadual de Maringá (UEM) (CRUZ; PEREIRA FILHO, 2009; CRUZ; PEREIRA-FILHO; SILVA, 2010; FREITAS JÚNIOR et al., 2006; RANGEL et al., 2008; SAWAZAKI, 2001).

Dentre as instituições privadas, tem-se a empresa Pioneer, que lançou o híbrido Zélia, quase que simultaneamente com o IAC-112. É um híbrido triplo, suscetível ao complexo de enfezamento, ataque da lagarta do cartucho na espiga e podridão de grãos. Em campos de produção bem conduzidos produz grãos tipo pérola de cor laranja com boa qualidade de pipoca. Mais recentemente a empresa lançou outro híbrido triplo denominado Jade, que saiu rapidamente do mercado (CRUZ; PEREIRA FILHO, 2009; CRUZ; PEREIRA-FILHO; SILVA, 2010; SAWAZAKI, 2001).

Pelo relatado é possível perceber que há um reduzido número de cultivares de milho pipoca e de programas de melhoramento genético trabalhando com a cultura no país. Nesse sentido, o desenvolvimento de programas de melhoramento de milho pipoca, que visem o desenvolvimento de populações melhoradas e/ou híbridos adaptados às condições brasileiras, é imprescindível para diminuir a dependência da importação da pipoca e, sobretudo de sementes de híbridos americanos (LEONELLO et al., 2009; VILARINHO et al., 2002).

Nos programas de melhoramento de milho pipoca um destaque maior deve ser dado ao aspecto da qualidade, que é medido pela CE, assim como boas características agrônômicas. Uma das alternativas viáveis para aumentar estas características é o uso da seleção recorrente intrapopulacional, cujo objetivo é aumentar a média da população, possibilitando dessa forma a extração de linhagens superiores em ciclos avançados, que posteriormente serão testadas em combinações híbridas. Para a cultura, tanto a seleção massal como a seleção entre e a seleção dentro de progênies de meio-irmãos têm sido utilizada com resultados satisfatórios (DAROS et al., 2004b; GRANATE; CRUZ; PACHECO, 2002; MATA; VIANA, 2003; PACHECO et al., 2005; SANTOS et al., 2004, 2008; VILARINHO et al., 2003).

Ao que tudo indica, a característica CE apresenta predominância de efeitos gênicos aditivos (PEREIRA; AMARAL JÚNIOR, 2001; SCAPIM et al., 2006). E as estimativas de herdabilidade encontradas na literatura são de

moderada a alta, com valores variando de 68,42% a 90,19% na média de família. O que possibilita inferir que o método de seleção massal fenotípica se justifica para o caráter, e indicado quando a característica avaliada apresenta alta herdabilidade (DAROS et al., 2004c; FREITAS JÚNIOR et al., 2009; HALLAUER; CARENA; MIRANDA FILHO, 2010; PEREIRA; AMARAL JÚNIOR, 2001; SANTOS et al., 2008; VIANA et al., 2010a). E a estratégia de fazer a seleção para CE no lote de recombinação é um método eficiente (MATTA; VIANA, 2003).

Neste contexto, considera-se a seleção massal adequada em programas de melhoramento em longo prazo, sobretudo no início dos programas para aumentar a CE, já que as populações de milho pipoca encontradas no Brasil apresentam baixos índices. Já para resultados em curto prazo, no entanto, acredita-se que seja mais apropriado o retrocruzamento, seguido de autofecundação e hibridação de linhagens, visando obter variedades sintéticas ou cultivares híbridas (SAWAZAKI, 1995).

2.3 Capacidade de expansão

O milho pipoca é utilizado quase que exclusivamente para o consumo humano, havendo uma grande preocupação com aspectos relacionados à qualidade da pipoca. O parâmetro mais comumente utilizado para expressar a qualidade do milho pipoca é a CE (razão entre o volume de pipoca e o volume de grãos de milho), podendo ser expresso em volume/volume ou gramas/volume, sendo a amostra em peso mais precisa. Isto porque a comercialização dos grãos é feita por peso, e o produto final é vendido pelo volume. Por isso, o volume de expansão ou a CE da pipoca é uma das variáveis mais importantes quando se faz referência a sua qualidade.

Alguns defendem que a CE do milho pipoca deve-se à resistência do pericarpo associada à presença de óleo e água no grão. As fibras de celulose estão densamente traçadas, sendo grande a resistência mecânica da película,

permitindo que o calor chegue ao amido antes que a casca se queime. Com o calor, o amido se expande, aumentando gradualmente a pressão interna do grão até o momento em que ocorre a explosão (DALBELLO et al., 1995).

Segundo Nascimento e Boiteux (1994), uma variedade comercial de milho pipoca deve apresentar valores de CE superior a 15 ml.ml⁻¹, pois, abaixo desse índice, a pipoca apresenta-se muito rígida e com muitos grãos sem estourar. Já para Galvão et al. (2000) uma boa variedade de milho pipoca deve apresentar CE acima de 21 ml.ml⁻¹. E valores acima de 26 ml.ml⁻¹ indicam excelente pipoca.

Um aspecto importante na avaliação da CE, diz respeito, sobre qual método é mais apropriada para avaliação. Na Universidade de Iowa têm-se conseguido bons resultados no melhoramento do milho pipoca usando microondas doméstico para pipocar e proveta graduada para as medições do volume. Estes eletrodomésticos obrigaram os melhoristas a criarem variedades com características físico-químicos, gustativas, calóricas e econômicas adequadas para se obter a melhor pipoca com a tecnologia (ZIEGLER; ASHMAN, 1994).

Matta e Viana (2001) compararam dois métodos para avaliação da CE, uma utilizando pipoqueira de ar quente e outra utilizando um aparelho de microondas. Os autores concluíram que os dois sistemas são eficientes para avaliação da CE, recomendando para o aparelho de microondas um tempo de 140 segundos para uma amostra de 10 gramas e 220 segundos para uma amostra de 30 a 90 gramas.

2.4 Seleção recorrente

Seleção recorrente é qualquer processo sistemático de melhoramento, que busca o aumento na expressão fenotípica de um ou mais caracter(es). O que se almeja na seleção recorrente é o acúmulo de vantagens, ou seja, possibilitar o aumento da frequência dos alelos de interesse para as características almejadas na população. Assim, nos ciclos

futuros irá aumentar as oportunidades de se obter uma maior frequência de progênes que atendam aos padrões desejados, as quais deverão manter também variabilidade genética para ganhos futuros com a seleção. Para isso, é necessário ter uma população com variabilidade genética e uma estratégia de seleção e recombinação que permitam ter ganhos com a seleção, sem exaurir a variabilidade (HALLAUER; CARENA; MIRANDA FILHO, 2010).

Um argumento convincente sobre a eficiência da seleção recorrente foi apresentada por Bernardo (2002). O autor utilizou as informações da seleção para teor de óleo e proteína no milho iniciado em 1896 em Illinois. Após 90 ciclos seletivos e analisando 7.000 espigas de milho, o ganho para óleo foi de 22 desvios aditivos e para proteína de 26. Segundo o autor, se essas 7.000 espigas tivessem sido avaliadas no ciclo zero e a melhor espiga fosse selecionada, o ganho com a seleção seria de apenas 3,6 desvios aditivos em relação à média do ciclo zero.

A seleção recorrente pode ser abordada para o melhoramento intrapopulacional, cujo objetivo é o melhoramento da média fenotípica da população *per se*. Ou para o melhoramento inter populacional, cujo objetivo é o melhoramento de uma população em função de outra, de tal forma a maximizar a expressão fenotípica de um caráter, quando se avalia o fruto do cruzamento envolvendo as duas populações. Neste tópico será dada uma abordagem sucinta sobre a seleção intrapopulacional, maiores informações podem ser encontradas em Hallauer, Carena e Miranda Filho (2010).

Os métodos de melhoramento intrapopulacionais mais comuns em milho são: seleção massal ou fenotípica e seleção de famílias. Na seleção de famílias tem-se: seleção de famílias de meio-irmãos, famílias de irmãos completos ou irmãos germanos, seleção de famílias S_1 ou S_2 e seleção combinada (seleção entre e dentro). Dentre estes métodos, várias estratégias têm sido utilizadas pelos pesquisadores em cada uma das três etapas básicas de um programa de seleção recorrente (obtenção da população base,

avaliação e recombinação das progênies selecionadas para formar o ciclo seguinte).

A seleção massal ou fenotípica tem a grande vantagem de ser um método simples e barato, mas não é tão eficiente quanto outros esquemas de seleção recorrente. Isto, porque a seleção é baseada em plantas individuais provenientes de polinização aberta, e também porque ocorre interação da planta com o ambiente específico a qual se encontra o que irá atuar no sentido de moldar a expressão do caráter para aquela planta específica. Neste caso é difícil isolar o efeito ambiental para que se possa estimar o verdadeiro valor genotípico do indivíduo ou o valor para o melhoramento. Contudo, a seleção massal pode ser útil (eficiente) para caracteres que apresentam alta herdabilidade, pois nesse caso, o fenótipo é um bom indicador do valor genotípico (HALLAUER; CARENA; MIRANDA FILHO, 2010).

Alguns autores sugeriram para aumentar à eficiência da seleção massal à utilização de polinizações controladas, entretanto, este artifício reduziria a grande vantagem do método, que é ser simples e barato. Harris, Gardner e Compton (1972) mostraram em seus estudos a superioridade da seleção massal em gerações avançadas em relação à população original, na obtenção de uma maior frequência de testcrosses superiores. Hallauer (1999) obteve sucesso com a seleção massal para adaptar variedades tropicais a ambientes temperados. Carena, Eno e Wanner (2008) também obtiveram sucesso na adaptação de variedades melhoradas para o norte dos EUA.

Alguns autores, visando melhorar a eficiência da seleção massal, propuseram adaptações para o método que possibilitassem um maior ganho com a seleção. Uma das adaptações que tem sido utilizada com certa frequência é o uso da seleção massal estratificada, esse método consiste na divisão da área experimental em pequenas parcelas homogêneas, em que a seleção é feita dentro de cada parcela. Este esquema possibilita isolar em partes o efeito ambiental, conseqüentemente é possível selecionar genótipos superiores que foram mascarados por um problema ambiental, entretanto,

não é possível eliminar genótipos inferiores que foram favorecidos por ambientes favoráveis (HALLAUER; CARENA; MIRANDA FILHO, 2010).

A seleção de famílias apresenta vantagens em relação à seleção fenotípica, sobretudo porque essas famílias ou progênies são avaliadas em experimentos com repetições e, além disso, pode-se fazer uso de um ou mais locais dependendo dos objetivos do programa. Com isso, obtêm-se melhores estimativas dos valores genotípicos possibilitando desta forma a seleção de genótipos com maior frequência de alelos favoráveis.

Um importante aspecto a ser considerado na eficiência da seleção recorrente diz respeito ao tipo de progênie utilizada nos processos de recombinação. Neste contexto, a genética quantitativa clássica nos fornece a base teórica para os estudos dos componentes da variância, para assim, traçar quais modelos de recombinação (tipo de progênies) predizem maiores ganhos com a seleção ou que permitam acumular uma maior frequência de alelos favoráveis na população alvo. Sendo assim, a recombinação de progênies S_1 ou S_2 teoricamente é mais eficaz para mudar as frequências alélicas na população, porque progênies S_1 exploram 1,5 da variância aditiva (σ_a^2) entre, progênies S_2 explora-se 1,75 da σ_a^2 , progênies de irmãos germanos (IG) e meio-irmãos (MI) exploram-se 0,5 e 0,25 da σ_a^2 , respectivamente. Entretanto, o ganho com a seleção recorrente ou a eficiência de um método para outro, leva em consideração o tempo para que se processe um ciclo seletivo, contudo, para progênies S_2 se gasta uma geração a mais em relação aos métodos de IG, MI e S_1 . Neste sentido, o melhorista de milho terá que ponderar para as características alvo, qual a melhor estratégia levando em consideração o relatado (HALLAUER; CARENA; MIRANDA FILHO, 2010).

Tanner e Smith (1987) fizeram comparações entre os métodos de seleção recorrente após oito ciclos de seleção em milho, relatando que até o quarto ciclo a recombinação de progênies S_1 e S_2 foram mais eficazes em relação às progênies de MI. No entanto, após oito ciclos de seleção encontraram maiores respostas com progênies de MI e sem ganhos

adicionais entre as metodologias na obtenção de linhagens. Horner, Magloira e Morera (1989) apresentaram resultados semelhantes trabalhando com a população 767 Flórida.

Dentre os métodos de melhoramento intrapopulacional, no Brasil um dos mais usados é a utilização de progênies de meio-irmãos (LONNQUIST, 1964; PATERNIANI, 1967). Este processo é de fácil execução, não exigindo, sobretudo, polinizações manuais, e tem-se mostrado eficiente em aumentar a frequência dos alelos favoráveis nas populações (AGUIAR et al., 1989; CARVALHO et al., 1998; PACHECO, 1992; PATERNIANI, 1967).

O progresso genético com a seleção recorrente deve ser obtido periodicamente. Desse modo, os melhoristas podem inferir se a estratégia de seleção está correta ou se há necessidade de alguns aprimoramentos. Na estimação do progresso genético em genitores diploides como exemplo o milho pipoca, é esperado que eles passem para os seus descendentes uma amostra correspondente à metade dos seus alelos. Assim sendo, o valor genético esperado de uma progênie equivale a média dos valores genéticos preditos dos seus genitores (masculino e feminino). Por este mesmo princípio, a média da população melhorada equivale à média dos valores genéticos aditivos dos indivíduos selecionados, supondo-se a seleção de um mesmo número de machos e fêmeas e contribuição equitativa de gametas para a geração descendentes (RESENDE, 2002).

Então, o ganho genético pode ser definido como a superioridade da população melhorada em relação à população original, ou seja, o diferencial de seleção ($ds = u_s - u_o$), ponderado pelo valor genético aditivo que os genitores transferem para seus descendentes, conceituada pelos melhoristas de herdabilidade [$GS = (u_s - u_o)h^2$]. Para culturas propagadas via semente, deve-se utilizar a herdabilidade em seu sentido restrito e para culturas propagadas vegetativamente poder-se-á utilizá-la em seu sentido amplo. maiores informações consultar: Hallauer, Carena e Miranda Filho (2010) e Resende (2002). Entretanto, se as estimativas de herdabilidade e médias fenotípicas não forem fidedignas, ou seja, se não representarem a população

e os indivíduos selecionados, os ganhos com a seleção poderão ser subestimados ou superestimados.

Outra estratégia que os melhoristas das plantas alógamas dispõem para verificação do progresso genético em ciclos sucessivos de seleção recorrente, é guardar uma amostra de sementes que represente a população no ciclo a qual se encontra. Assim, essas amostras poderão representar os seus respectivos ciclos seletivos, e o que se faz então, é a comparação destes ciclos seletivos em experimentos, com muitas repetições, para se ter uma boa precisão nas médias fenotípicas estimadas, e por meio do método dos quadrados mínimos, estima-se os ganhos obtidos com a seleção praticada. Esse artifício é possível em plantas alógamas, porque após cada recombinação, a população atinge o equilíbrio de Hardy-Weinberg. Nessa condição as frequências alélicas e genotípicas não se alteram e uma amostra de sementes poderá representar a população (FALCONER; MACKAY, 1996; RAMALHO; FERREIRA; OLIVEIRA, 2005; RAMALHO; SANTOS; ZIMMERMANN, 1993).

No milho pipoca, estimativas de progresso genético em populações provenientes de seleção recorrente têm sido obtidas com frequência, envolvendo progênies de meio-irmãos, irmãos germanos e progênies S_1 .

Pacheco et al. (1998) estimaram ganhos com a seleção para as populações CMS-42 e CMS-42 no segundo ciclo de seleção de 17,96% e 3,10% para CE e PG respectivamente, com a seleção de 10 progênies na média das duas populações. A população UNB-2U da UENF vem constantemente sendo exposta a ciclos sucessivos de seleção recorrente, e cinco ciclos de seleção recorrente foram realizados, com a seleção de ganhos de produtividade e de capacidade de expansão de, respectivamente, 10,39% e 4,69% no primeiro ciclo (DAROS et al., 2004b), 26,95% e 17,80% no segundo ciclo (DAROS et al., 2004c), 10,00% e 7,16% no terceiro ciclo (SANTOS et al., 2007), 7,71% e 10,58% no quarto ciclo (AMARAL JÚNIOR et al., 2010; FREITAS JÚNIOR et al., 2009) e de 6,01% e 8,53% no quinto ciclo (RANGEL et al., 2011).

2.5 Índices clássicos de seleção em milho pipoca como estratégia de seleção

Em populações de milho pipoca, associar produtividade a boa capacidade de expansão não é uma tarefa simples, sobretudo, devido à associação negativa entre essas características, geralmente verificadas na maioria das populações (DAROS et al., 2004a; PACHECO et al., 1998; VIEIRA et al., 2009b) dificultando a eficiência no trabalho de melhoramento, sobretudo quando se utiliza seleção truncada (FREITAS JÚNIOR et al., 2006; RANGEL et al., 2007; SANTOS et al., 2007; VIEIRA et al., 2009b). Neste contexto, os melhoristas de milho pipoca têm adotado diferentes estratégias de seleção, para assim, maximizar os ganhos em CE e PG. Dentre as estratégias de seleção que vem sendo utilizados, os índices de seleção tem permitido selecionar progênies produtivas e com elevada qualidade nos programas de seleção recorrente. Maiores informações sobre os índices de seleção consultar Cruz e Carneiro (2006).

Granate, Cruz e Pacheco (2002) avaliaram o composto CMS-43 de milho pipoca, obtiveram sucesso na utilização do índice de Hazel (1943) e Smith (1936) para as características altura de planta, PG e CE, quando usaram pesos obtidos aleatoriamente por tentativas. Viana e Matta (2003) utilizaram o índice de Elston (1963), e obtiveram resultados satisfatórios para CE e PG. Na composição do ciclo três da população UNB-2U, a utilização do índice de Mulamba e Mock (1978) foi o que proporcionou os ganhos mais promissores em CE e PG (SANTOS et al., 2007). Observação também verificada por Freitas Júnior et al. (2009) e Rangel et al. (2011) no quarto e quinto ciclo da população UNB-2U, em que o índice de Mulamba e Mock (1978) proporcionou os maiores ganhos em CE e PG.

Alguns autores também obtiveram sucesso com a seleção truncada em programa de seleção com milho pipoca (ANDRADE et al., 2002; CARPENTIERI-PÍPOLO et al., 2002; DAROS; AMARAL JÚNIOR; PEREIRA, 2002). Assim, o melhorista de milho pipoca terá que ponderar de

acordo com os objetivos do programa e com a população a qual se trabalha qual a melhor estratégia de seleção e recombinação.

2.6 Procedimento ótimo de seleção e estimação de componentes de variância REML/BLUP

O sucesso de um programa de melhoramento genético está na capacidade do melhorista em delinear eficientes estratégias para a obtenção de populações segregantes, as quais deverão apresentar variabilidade genética associando média alta para as principais características de importância na cultura. E, talvez, a mais importante qualidade de um melhorista, está na capacidade de eliminar genótipos, ou seja, na capacidade de selecionar os genótipos que superem com facilidade os melhores já existentes, até aquele dado momento. E não menos importante, ter a intuição ou a visão futurística de estar direcionando os cruzamentos, entre aqueles genótipos selecionados, para que o progresso torne-se um ciclo sem fim, ou seja, sem exaurir a variabilidade, que é o veio de ouro do melhorista.

A avaliação de genótipos em experimentos de campo tem dois objetivos principais que são: (i) fazer inferências sobre os valores genotípicos, ou seja, estimar parâmetros genéticos para assim fazer inferências sobre uma determinada população; (ii) ordenar os genótipos com base nos seus valores genotípicos. Pelo exposto, o que se quer não é estimar médias fenotípicas, mas sim suas médias genéticas, ou seja, suas médias futuras, quando forem plantados novamente (RESENDE, 2007).

No melhoramento de plantas, o procedimento ANOVA (análise de variância) e análise de regressão foram, durante muito tempo, os principais alicerces da modelagem estatística. Entretanto essas técnicas têm limitações para lidar com dados desbalanceados, e não permite a inclusão de parentesco entre os indivíduos ou informações adicionais na modelagem. Neste caso o procedimento ótimo de avaliação genotípica e estimação de parâmetros genéticos refere-se ao BLUP - Best Linear Unbiased Predictor (melhor

preditor linear não tendencioso) via REML (máxima verossimilhança restrita). Porque estes procedimentos lidam naturalmente com o desbalanceamento de dados e permitem a inclusão de informações na modelagem, conduzindo a estimativas e previsões mais acuradas dos parâmetros genéticos. Contudo, sob condição de balanceamento e sem informações adicionais, os dois procedimentos conduzem para as mesmas estimativas (BERNARDO, 2002; RESENDE, 2007).

O procedimento BLUP foi inicialmente apresentado por Henderson em 1973, mas, foi concebido por volta de 1949 pelo próprio autor (RESENDE, 2007). No início o procedimento teve algumas restrições, sendo amplamente difundido a partir da década de 1970, sobretudo pelo advento das facilidades computacionais, e avanços dos softwares estatísticos que trazem algoritmos robustos. Assim, o procedimento REML/BLUP começaram a ter destaque (BERNARDO, 2002; RESENDE, 2002), tanto no melhoramento animal como no melhoramento florestal, devido principalmente ao forte desbalanceamento dos dados e, pela possibilidade de selecionar diretamente os indivíduos, com a adição de informações sobre o parentesco entre eles no modelo, o que tem proporcionado uma maior eficiência no processo seletivo (PIEPHO et al., 2008; RESENDE, 2002).

Em culturas anuais, a utilização da análise de modelos mistos pelo BLUP tem sido ampliada. E há situações em que o método BLUP tem superado com vantagem o método dos quadrados mínimos (MQM), por isso tem sido utilizado em milho (BERNARDO, 1994, 2002), milho pipoca (VIANA et al., 2010a, 2010b), e feijão (BRUZI, 2008; NUNES; RAMALHO; FERREIRA, 2008).

Entretanto, a análise individual para duas ou mais características via procedimento REML/BLUP não permite exploração das correlações genéticas e fenotípicas entre elas. E algum viés na seleção pode ocorrer na análise individual se as características forem correlacionadas, especialmente com a seleção sequencial (POLLAK; WERF; QUAAS, 1984). Para contornar o problema, Henderson e Quaas (1976) introduziram a

análise de modelos mistos multivariada com objetivo de obter a melhor predição linear não viciada dos valores genotípicos (BLUP) dos indivíduos para duas ou mais características simultaneamente. Essa técnica tem sido utilizada há algum tempo no melhoramento animal (MEYER, 1991; MEYER; THOMPSON, 1986; WALDMAN; ERICSSON, 2006). Porém em culturas anuais como o milho, os estudos utilizando essa abordagem ainda são escassos (PIEPHO et al., 2008; VIANA et al., 2010a).

Contudo, Mrode e Thompson (2005) chamam a atenção para duas desvantagens da análise multivariada que são: (i) o alto custo em recursos computacionais, ou seja, uma análise multivariada de n características requer mais esforços que n análises individual; (ii) e uma análise de múltiplas características requer confiáveis estimativas de correlações genéticas e fenotípicas entre estes caracteres e, isto pode não estar prontamente disponível.

Segundo Piepho et al. (2008) a aplicação do método BLUP multi-caracteres seria vantajosa se esses caracteres apresentassem alta correlação genética. Isso porque a aplicação desse método requer um alto esforço computacional para a convergência o que pode desencorajar o melhorista a utilizá-lo principalmente quando se utiliza múltiplos efeitos. No entanto, com a evolução nos recursos computacionais essa justificativa pode não ser a principal barreira ao uso da análise.

Resende (2007) relata que a análise simultânea de vários caracteres, é realizada de maneira mais eficiente pelo procedimento REML/BLUP multivariado. Porque neste caso, o modelo multivariado é especificado de forma a contemplar a covariância ambiental existentes entre os caracteres. E a soma dos valores genéticos preditos por um modelo multivariado, índice aditivo com ou sem ponderações de pesos econômicos, é uma boa estratégia de seleção. Pois, as herdabilidades e correlações já terão sido consideradas na predição pelo modelo multivariado.

3 CONCLUSÕES

Há um pequeno número de instituições trabalhando com melhoramento de milho pipoca.

Faz-se necessário a implantação de novos programas de melhoramento de milho pipoca no Brasil.

A seleção massal é uma estratégia de melhoramento eficiente em aumentar a capacidade de expansão (CE) em milho pipoca.

A seleção para CE nos lotes de recombinação é uma estratégia de melhoramento eficiente.

O REML/BLUP é um procedimento eficiente em seleção e estimação de parâmetros genéticos.

REFERÊNCIAS

AGUIAR, P. A. et al. Avaliação de progênies de meios-irmãos da população de milho CMS-39 em diferentes condições de ambiente. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 24, n. 6, p. 727-732, jun. 1989.

AMARAL JÚNIOR, A. T. et al. Improvement of a popcorn population using selection indexes from a fourth cycle of recurrent selection program carried out in two different environments. **Genetics and Molecular Research**, Ribeirão Preto, v. 9, n. 1, p. 340-347, Jan. 2010.

ANDRADE, R. A. et al. Análise dialélica da capacidade combinatória de variedades de milho-pipoca. **Acta Scientiarum Agronomy**, Maringá, v. 24, n. 5, p. 1197-1204, 2002.

BERNARDO, R. **Breeding for quantitative traits in plants**. Woodbury: Stemma, 2002. 368 p.

_____. Prediction of maize single-cross performance using RFLPs and information from related hybrids. **Crop Science**, Madison, v. 34, n. 1, p. 20-25, Jan./Feb. 1994.

BRUZI, A. T. **Aplicações da análise de modelos mistos em programa de seleção recorrente no feijoeiro comum**. 2008. 71 p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Universidade Federal de Lavras, Lavras, 2008.

CARENA, M. J.; ENO, C.; WANNER, D. W. Registration of NDBS11(FR-M)C3, NDBS1011, and NDBSK(HI-M)C3 maize germplasm. **Journal of Plant Registration**, Madison, v. 2, n. 2, p. 132-136, Jan. 2008.

CARPENTIERI-PÍPOLO, V. et al. Correlações entre caracteres quantitativos em milho pipoca. **Horticultura Brasileira**, Brasília, v. 20, n. 4, p. 551-554, jul./ago. 2002.

CARVALHO, H. W. L. et al. Três ciclos de seleção entre e dentro de famílias de meios-irmãos na população de milho BR-5011 no nordeste brasileiro. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 33, n. 11, p. 713-720, nov. 1998.

CRUZ, C. D.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa, MG: UFV, 2006. v. 2, 585 p.

CRUZ, J. C.; PEREIRA FILHO, I. A. **Milho: cultivares para 2008/2009**. Disponível em:

<<http://www.cnpms.embrapa.br/milho/cultivares/index.php>>. Acesso em: 25 fev. 2009.

CRUZ, J. C.; PEREIRA FILHO, I. A.; SILVA, G. H. da. **Milho**: cultivares para 2010/2011. Disponível em: <<http://www.cnpms.embrapa.br/milho/cultivares/index.php>>. Acesso em: 22 mar. 2010.

DALBELLO, O. et al. Capacidade de expansão do milho-pipoca (*Zea mays*) em função de parâmetros de secagem, umidade e armazenamento do produto. In: CONGRESSO BRASILEIRO DE ENGENHARIA AGRÍCOLA, 24., 1995, Viçosa, MG. **Anais...** Viçosa, MG: UFV, 1995. 1 CD-ROM.

DAROS, M.; AMARAL JÚNIOR, A. T.; PEREIRA, M. G. Genetic gain for grain yield and popping expansion in full-sib recurrent selection in popcorn. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Londrina, v. 2, n. 3, p. 339-344, 2002.

DAROS, M. et al. Correlações entre caracteres agronômicos em dois ciclos de seleção recorrente em milho-pipoca. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 34, n. 5, p. 1389-1394, set./out. 2004a.

_____. Genetic gain for grain yield and popping expansion in full-sib recurrent selection in popcorn. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Londrina, v. 2, n. 3, p. 339-344, 2004b.

_____. Recurrent selection in inbred popcorn families. **Scientia Agricola**, Piracicaba, v. 61, n. 6, p. 609-614, Nov./Dec. 2004c.

DOFING, S. M.; CROZ-MASON, N. d'; THOMAS-COMPTON, M. A. Inheritance of expansion volume and yield in two popcorn x dent corn crosses. **Crop Science**, Madison, v. 31, n. 3, p. 715-718, June 1991.

ELSTON, R. C. A weight-free index for the purpose of ranking or selection with respect to several traits at a time. **Biometrics**, Washington, v. 19, n. 1, p. 85-97, 1963.

FALCONER, D. S.; MACKAY, T. F. C. **Introduction to quantitative genetics**. London: Longman Malaysia, 1996. 463 p.

FREITAS JÚNIOR, S. de P. et al. Capacidade combinatória em milho-pipoca por meio de dialelo circulante. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 41, n. 11, p. 1599-1607, nov. 2006.

_____. Genetic gains in popcorn by full-sib recurrent selection. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Londrina, v. 9, n. 1, p. 1-7, May 2009.

GALVÃO, J. C. C. et al. Comportamento de híbridos de milho-pipoca em Coimbra, Minas Gerais. **Ceres**, Viçosa, MG, v. 47, n. 270, p. 201-218, mar. 2000.

GARCIA, J. C.; MONTEIRO, J. A. Aspectos econômicos da comercialização de milho pipoca. **Informações Econômicas**, São Paulo, v. 25, n. 7, p. 1981-1990, jul. 1995.

GRANATE, M. J.; CRUZ, C. D.; PACHECO, C. A. P. Predição de ganho genético com diferentes índices de seleção no milho- pipoca CMS-43. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 37, n. 7, p. 101-108, jul. 2002.

HALLAUER, A. R. Conversion of tropical germplasm for temperate area use. **Corn Breeders' School**, Champaign, v. 35, n. 1, p. 20-26, 1999.

HALLAUER, A. R.; CARENA, M. J.; MIRANDA FILHO, J. B. **Quantitative genetics in maize breeding**. Ames: Iowa State University, 2010. 663 p.

HARRIS, R. E.; GARDNER, C. O.; COMPTON, W. A. Effects of mass selection and irradiation in corn measured by random S1 lines and their testcrosses. **Crop Science**, Madison, v. 12, p. 594-598, 1972.

HAZEL, L. N. The genetic basis for constructing selection indexes. **Genetics**, Austin, v. 28, n. 6, p. 476-490, 1943.

HENDERSON, C. R.; QUAAS, R. L. Multiple trait evaluation using relatives records. **Journal of Animal Science**, Baltimore, v. 43, p. 1188-1197, 1976.

HORNER, E. S.; MAGLOIRA, E.; MORERA, J. A. Comparison of selection for S2 progeny vs. testcross performance for population improvement in maize. **Crop Science**, Madison, v. 29, n. 4, p. 868-874, July/Aug. 1989.

LEONELLO, L. A. F. et al. 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.

LONNQUIST, J. H. A modification of the ear-to-row procedure for the improvement of maize population. **Crop Science**, Madison, v. 4, p. 227-228, 1964.

MATTA, F. P.; VIANA, J. M. S. Eficiências relativas de seleção entre e dentro de famílias de meios-irmãos em população de milho-pipoca. **Ciência e Agrotecnologia**, Lavras, v. 27, n. 3, p. 548-556, maio/jun. 2003.

_____. Testes de capacidade de expansão em programas de melhoramento de milho pipoca. **Scientia Agricola**, Piracicaba, v. 58, n. 4, p. 845-851, 2001.

MEYER, K. Estimating variances and covariances for multivariate animal models by restricted maximum likelihood. **Genetics Selection and Evolution**, Paris, v. 23, n. 1, p. 67-83, 1991.

MEYER, K.; THOMPSON, R. Sequential estimation of genetic and phenotypic parameters in multitrait mixed model analysis. **Journal of Dairy Science**, Baltimore, v. 69, n. 10, p. 2696-2703, Oct. 1986.

MRODE, R. A.; THOMPSON, R. **Linear models for the prediction of animal breeding values**. Wallingford: CABI, 2005. 344 p.

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**, Alexandria, v. 7, p. 40-51, 1978.

NASCIMENTO, W. M.; BOITEUX, L. S. Influência do grau de umidade do grão na capacidade de expansão de milho-pipoca. **Horticultura Brasileira**, Brasília, v. 12, n. 2, p. 179-180, abr./jun. 1994.

NUNES, J. A. R.; RAMALHO, M. A. P.; FERREIRA, D. F. Inclusion of genetic relationship information in the pedigree selection method using mixed models. **Genetic and Molecular Biology**, Ribeirão Preto, v. 31, n. 1, p. 73-78, Mar. 2008.

PACHECO, C. A. P. et al. Avanços no processo seletivo da variedade de milho pipoca BRS Angela. **Revista Brasileira de Milho e Sorgo**, Sete Lagoas, v. 4, n. 3, p. 436-444, 2005.

_____. Estimativas de parâmetros genéticos nas populações CMS-42 e CMS-43 de milho-pipoca. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 33, n. 12, p. 1995-2001, dez. 1998.

_____. Seleção entre e dentro de progênies de meios-irmãos em duas populações de milho-pipoca. In: _____. **Relatório técnico anual do centro**

nacional de pesquisa de milho e sorgo: 1988/91. Sete Lagoas: EMBRAPA CNPMS, 1992. p. 166-167.

PATERNIANI, E. Selection among and within half-sib families in a Brazilian population of maize (*Zea mays* L.). **Crop Science**, Madison, v. 7, p. 212-215, 1967.

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

PIEPHO, H. P. et al. BLUP for phenotypic selection in plant breeding and variety testing. **Euphytica**, Wageningen, v. 161, n. 1/2, p. 209-228, May 2008.

POLLAK, E. J.; WERF, J. van der; QUAAS, R. L. Selection bias and multiple trait evaluation. **Journal of Dairy Science**, Champaign, v. 67, n. 7, p. 1590-1595, July 1984.

RAMALHO, M. A. P.; FERREIRA, D. F.; OLIVEIRA, A. C. **Experimentação em genética e melhoramento de plantas.** Lavras: UFLA, 2005. 322 p.

RAMALHO, M. A. P.; SANTOS, J. B. dos; ZIMMERMANN, M. J. O. **Genética quantitativa em plantas autógamas: aplicações ao melhoramento do feijoeiro.** Goiânia: UFG, 1993. 271 p.

RANGEL, R. M. et al. Análise biométrica de ganhos por seleção em população de milho pipoca de quinto ciclo de seleção recorrente. **Revista Ciência Agronômica**, Fortaleza, v. 42, n. 2, p. 473-481, abr./jun. 2011.

_____. Genetic parameters in parents and hybrids of circulant diallel in popcorn. **Genetics and Molecular Research**, Ribeirão Preto, v. 7, n. 4, p. 1020-1030, 2008.

_____. Prediction of popcorn hybrid and composites means. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Viçosa, MG, v. 7, n. 3, p. 287-295, 2007.

RESENDE, M. D. V. **Genética biométrica e estatística no melhoramento de plantas perenes.** Brasília: EMBRAPA Informação Tecnológica, 2002. 975 p.

_____. **Matemática e estatística na análise de experimentos e no melhoramento genético.** Colombo: EMBRAPA Florestas, 2007. 362 p.

SANTOS, J. F. et al. Efficiency of S2 progeny selection strategies in popcorn. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Londrina, v. 4, n. 9, p. 183-191, Dec. 2004.

_____. Genetic gain prediction of the third recurrent selection cycle in a popcorn population. **Acta Scientiarum Agronomy**, Maringá, v. 30, n. 5, p. 651-658, 2008.

_____. Predição de ganhos genéticos por índices de seleção na população de milho-pipoca unb-2u sob seleção recorrente. **Bragantia**, Campinas, v. 66, n. 3, p. 389-396, 2007.

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

_____. **Melhoramento do milho-pipoca**. Campinas: Instituto Agrônomo, 1995. 21 p.

SAWAZAKI, E. et al. Potencial de híbridos temperados de milho pipoca em cruzamentos com o testador semitropical IAC 12. **Revista Brasileira de Milho e Sorgo**, Sete Lagoas, v. 2, n. 2, p. 61-70, 2003.

_____. Potencial de linhagens locais de milho-pipoca para síntese de híbridos. **Bragantia**, Campinas, v. 59, n. 2, p. 143-151, 2000.

SCAPIM, C. A. et al. Componentes genéticos de médias e depressão por endogamia em populações de milho-pipoca. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 36, n. 1, p. 36-41, jan./fev. 2006.

SILVA, V. Q. R. et al. Combining ability of tropical and temperate inbred lines of popcorn. **Genetics and Molecular Research**, Ribeirão Preto, v. 9, n. 3, p. 1742-1750, 2010.

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

TANNER, A. H.; SMITH, O. S. Comparison of half-sib and S1 recurrent selection in Krug Yellow Dent maize populations. **Crop Science**, Madison, v. 27, n. 3, p. 509-513, May/June 1987.

VIANA, J. M. S. et al. BLUP for genetic evaluation of plants in non-inbred families of annual crops. **Euphytica**, Wageningen, v. 174, n. 9, p. 31-39, Dec. 2010a.

_____. Multi-trait BLUP in half-sib selection of annual crops. **Plant Breeding**, Berlin, v. 129, n. 6, p. 599-604, Dec. 2010b.

VIEIRA, R. A. et al. Agronomic performance of new popcorn hybrids in Northwestern Paraná State, Brazil. **Acta Scientiarum Agronomy**, Maringá, v. 31, n. 1, p. 29-36, Jan. 2009a.

_____. Heterotic parametrization for economically important traits in popcorn. **Acta Scientiarum Agronomy**, Maringá, v. 31, n. 3, p. 411-419, July/Sept. 2009b.

VIEIRA, S. **Agronegócio IAC lança novos híbridos de pipoca**. Disponível em: <<http://www.iac.sp.gov.br/IACnaMidia/2010/Maio/Mai2010.htm>>. Acesso em: 22 maio 2011.

VILARINHO, A. A. et al. Eficiência da seleção de progênies S₁ e S₂ de milho pipoca visando à produção de linhagens. **Bragantia**, Campinas, v. 62, n. 1, p. 9-17, 2003.

_____. Seleção de progênies endogâmicas S₁ S₂ em um programa de melhoramento intrapopulacional de milho pipoca. **Acta Scientiarum Agronomy**, Maringá, v. 24, n. 5, p. 1419-1425, 2002.

WALDMANN, P.; ERICSSON, T. Comparison of REML and Gibbs sampling estimates of multi-trait genetic parameters in Scots pine. **Theoretical and Applied Genetics**, New York, v. 112, n. 8, p. 1441-1451, May 2006.

ZIEGLER, K. E.; ASHMAN, B. Popcorn. In: HALLAUER, A. R. (Ed.). **Specialty corns**. Ames: CRC, 1994. p. 189-223.

ZINSLY, J. R.; MACHADO, J. A. Milho-pipoca. In: PATERNIANI, E.; VIÉGAS, G. P. (Ed.). **Melhoramento e produção do milho**. 2. ed. Campinas: Fundação Cargil, 1987. p. 413-421.

CAPÍTULO 2

Progresso genético em milho pipoca após quatro ciclos de seleção recorrente fenotípica

RESUMO

Os objetivos do presente estudo foram avaliar o efeito da seleção para tipo de grãos (redondo e espinho) após quatro ciclos de seleção recorrente fenotípica quanto aos principais caracteres agronômicos do milho pipoca, estimar o progresso genético realizado para o caráter capacidade de expansão, e obter estimativas de correlações fenotípicas para as principais características da cultura nas populações UFLA-HJE e UFLA-HJR. Para isso utilizou-se os ciclos zero, um, dois e três das populações UFLA-HJE e UFLA-HJR, o ciclo quatro (comum as duas) e as testemunhas IAC-112 e 125. Os experimentos foram conduzidos na Fazenda experimental da UFLA (Ambiente 1) e na área experimental do Departamento de Biologia Setor de Genética da UFLA (Ambiente 2) na safra 2010/11. O delineamento experimental foi o de blocos ao acaso com sete repetições no Ambiente 1 e quatro no Ambiente 2. Avaliaram-se nove características agronômicas incluindo capacidade de expansão (CE) e produtividade de grãos (PG). Constatou-se que as populações UFLA-HJR e UFLA-HJE apresentaram comportamento semelhante para todas as características avaliadas. O tipo de grão (redondo ou espinho) não influenciou no progresso genético, o ganho obtido foi de 5% e 3,7% a cada ciclo praticado na população UFLA-HJE e UFLA-HJR respectivamente. Constatou-se que a seleção fenotípica praticada durante a recombinação para CE é um método eficiente em aumentar a expressão do caráter, e as características CE e PG não apresentaram associação linear.

Palavras-chave: Seleção recorrente. Ganho com a seleção. Capacidade de expansão.

ABSTRACT

The objectives of this study were to evaluate the effect of selection for grain type (round and thorn) after four cycles of phenotypic recurrent selection on the main agronomic traits of popcorn, estimate the genetic progress to popping expansion (PE), and estimates of phenotypic correlations for the main traits in the populations UFLA-HJE and UFLA-HJR. For this was used the cycle zero, one, two and three of the populations UFLA-HJE and UFLA-HJR, the cycle four (common for two) and cheks IAC-112 and 125. The trials were conducted at the Experimental Farm of UFLA (environment 1) and experimental area of Department of Biology of UFLA (environment 2) in the 2010/11 season. The experimental design was randomized complete block with seven and four replications for environment 1 and 2 respectively. Were evaluated twelve agronomic traits including PE and grain yield (GY). The populations UFLA-HJE and UFLA-HJR behaved similarly in all traits. The type of grain (round or thorn) did not influence the genetic progress, the gain was 5% and 3.7% per cycle performed in the population UFLA-HJE and UFLA -HJR respectively. It was found that the phenotypic selection practiced during the recombination for PE is an efficient method to increase the expression of traits, and the PE and GY did not show linear association.

Keywords: Recurrent selection. Gain with selection. Popping expansion.

1 INTRODUÇÃO

Nos programas de melhoramento de milho pipoca, buscam-se populações que apresentam elevada produtividade (PG), aliado a alta qualidade de pipoca, que é medida pela capacidade de expansão (CE). Alguns trabalhos relatam a existência de associação negativa entre estas duas características (DOFING; CROZ-MASON; THOMAS-COMPTON, 1991; VERMA; SINGH, 1979). Entretanto, essa associação pode estar presente em menor o maior grau, dependendo da população a qual se trabalha. Carpentieri-Pípolo et al. (2002) e Daros et al. (2004a) encontraram associação negativa e positivas entre CE e PG respectivamente, contudo não significativa, ou seja, as características apresentam comportamentos independentes.

Atualmente, observa-se no mercado um reduzido número de cultivares de milho pipoca disponível ao produtor (Zélia, IAC 112, IAC 125, RS 20 e UFVM2 Barão), aliado a dificuldade de encontrar entres estas, as que melhor reúnam características agrônômicas favoráveis e com alta qualidade de pipoca. Atributos estes que representam um dos principais entraves para o desenvolvimento da cultura no país (CRUZ; PEREIRA FILHO, 2010; FREITAS JÚNIOR et al., 2009; PEREIRA; AMARAL JÚNIOR, 2001; SILVA et al., 2010).

Neste contexto, faz-se necessário o desenvolvimento de novos programas de melhoramento e, os métodos de seleção recorrente, intra ou inter populacional, mostram-se como boas estratégias de melhoramento. Por permitir o acúmulo de vantagens, ou seja, possibilita o aumento da frequência dos alelos de interesse para as características almejadas, em que nos ciclos futuros irá aumentar as oportunidades de se obter uma maior frequência de progênies que atendam aos padrões desejados. Em programas iniciais, buscam-se populações que tenham altas frequências para as características de interesse, sendo as principais: CE, PG e tolerância a doenças e pragas de importância na região, sendo que, via de regra as

populações de milho pipoca no Brasil apresentam baixos níveis para estas características (HALLAUER; CARENA; MIRANDA FILHO, 2010; SCAPIM et al., 2010).

Assim, uma alternativa viável e de baixo custo para aumentar estas características é o uso da seleção recorrente intrapopulacional, cujo objetivo é aumentar a média da população *per se*, possibilitando dessa forma a extração de linhagens superiores em ciclos avançados, que posteriormente serão testadas em combinações híbridas. Para a cultura, tanto a seleção massal fenotípica como a seleção entre e a seleção entre e dentro de progênies de meio-irmãos têm sido utilizada com resultados satisfatórios (DAROS et al., 2004b; GRANATE et al., 2002; MATA; VIANA, 2003; PACHECO et al., 2005; SANTOS et al., 2004, 2008; VILARINHO et al., 2003).

O principal atributo para uma cultivar entrar no mercado, é que a mesma tenha elevada CE. Ao que tudo indica, esta característica apresenta predominância de efeitos gênicos aditivos (PEREIRA; AMARAL JÚNIOR 2001; SCAPIM et al., 2006). E as estimativas de herdabilidade encontradas na literatura são de moderada a alta, com valores variando de 68,42% a 90,19% na média de família. Possibilitando inferir que o método de seleção massal fenotípica se justifica para o caráter, e indicado quando a característica avaliada apresenta alta herdabilidade (DAROS et al., 2004b; FREITAS JÚNIOR et al., 2009; HALLAUER; CARENA; MIRANDA FILHO, 2010; PEREIRA; AMARAL JÚNIOR, 2001; SANTOS et al., 2008; VIANA et al., 2010).

Por conseguinte, os objetivos do presente estudo foram avaliar o efeito da seleção para tipo de grãos após quatro ciclos de seleção recorrente fenotípica quanto aos principais caracteres agrônômicos do milho pipoca, estimar o progresso genético realizado para o caráter capacidade de expansão, e obter estimativas de correlações fenotípicas para as principais características da cultura.

2 MATERIAL E MÉTODOS

Para condução do presente trabalho, foram utilizadas as populações UFLA-HJE ciclo zero, um, dois e três (C0.E, C1.E, C2.E e C3.E), UFLA-HJR ciclos zero, um, dois e três (C0.R, C1.R, C2.R e C3.R), UFLA-HJ ciclo 4 (C4) e as testemunhas IAC-112 (Híbrido simples modificado) e IAC-125 (Híbrido top cross). A descrição resumida de cada população, assim como sua obtenção é dada a seguir:

UFLA-HJ ciclo zero (C0): População obtida pelo Setor de Genética e Melhoramento de Plantas / DBI da Universidade Federal de Lavras (UFLA) junto a agricultores da região Sul de Minas Gerais, proveniente de diferentes cultivares utilizadas, atualmente conservado no banco de Germoplasma do Setor de Genética e Melhoramento de Plantas da UFLA. A população foi multiplicada na safra 2005/06, a qual apresenta uma ampla variabilidade para o formato dos grãos. A coloração predominante do endosperma é amarela.

C0.E: População obtida da UFLA-HJ (C0) a partir de seleção massal de 200 progênies de meio-irmãos para o formato dos seus grãos: do tipo espinho ou dente de alho (população denominada UFLA-HJE).

C1.E: População obtida da C0.E, em que foram avaliadas 200 progênies de meio-irmãos, para o caráter capacidade de expansão (CE) segundo método modificado descrito por Matta e Viana (2001). Após a avaliação, adotando-se uma intensidade de seleção proporcional a 10%, foram selecionadas 20 progênies de meio-irmãos com maior CE. Essas progênies foram plantadas e recombinadas, utilizando-se o método Irlandês, na safra 2006/07, isolado no tempo. Obtendo dessa forma 231 progênies de meio-irmãos, que constitui o C1.E da população UFLA-HJE.

C2.E: População obtida a partir do C1.E. Em 2007 foram avaliadas as 231 progênies de meio-irmãos do C1.E para o caráter CE. Após a avaliação adotou-se uma intensidade de seleção proporcional a 10% e as 23 progênies de meio-irmãos que obtiveram a maior CE foram plantadas e

recombinadas utilizando-se o método Irlandês, na safra 2007/08, isolado no tempo. Obtendo dessa forma o C2.E.

C3.E: População obtida a partir do C2.E. Em 2008 foram avaliadas 428 progênies de meio-irmãos do C2.E para o caráter CE. Após a avaliação adotou-se uma intensidade de seleção proporcional a 4,7% e realizou-se a seleção das 20 melhores progênies de meio-irmãos para CE. Essas progênies selecionadas foram recombinadas utilizando-se o método Irlandês modificado, na safra 2008/09, isolado no tempo. Obtendo dessa forma o C3.E.

C0.R: População obtida da UFLA-HJ (C0) a partir de seleção massal de 200 progênies de meio-irmãos para o formato dos seus grãos: do tipo redondo ou pérola (população denominada UFLA-HJR).

C1.R: População obtida da C0.R, em que foram avaliadas 200 progênies de meio-irmãos, para o caráter CE. Após a avaliação, adotando-se uma intensidade de seleção proporcional a 10%, foram selecionadas 20 progênies de meio-irmãos com maior CE. Essas progênies foram plantadas e recombinadas, utilizando-se o método Irlandês, na safra 2006/07, isolado no tempo. Obtendo dessa forma 307 progênies de meio-irmãos, que constitui o C1.R da população UFLA-HJR.

C2.R: População obtida a partir do C1.R. Em 2007 foram avaliadas as 307 progênies de meio-irmãos do C1.R para o caráter CE. Após a avaliação adotou-se uma intensidade de seleção proporcional a 7,5%, e as 23 progênies de meio-irmãos com maior CE foram plantadas e recombinadas utilizando-se o método Irlandês, na safra 2007/08, isolado no tempo. Obtendo dessa forma o C2.R.

C3.R: População obtida a partir do C2.R. Em 2008 foram avaliadas 360 progênies de meio-irmãos do C2.R para o caráter CE. Após a avaliação adotou-se uma intensidade de seleção proporcional a 5,5% e realizou-se a seleção das 20 melhores progênies de meio-irmãos com maior CE. Essas progênies selecionadas foram recombinadas utilizando-se o método Irlandês

modificado, na safra 2008/09, isolado no tempo. Obtendo dessa forma o C3.R.

C4: População obtida a partir das populações C3.E e C3.R. Em 2009 foram avaliadas 314 progênies de meio-irmãos do C3.E e 224 do C3.R para as características CE e peso de grão. Após a avaliação, realizou a seleção de 15 progênies da cada população, pelo método entre progênies para peso de grãos e dentro de progênies para CE. As progênies selecionadas de cada população foram recombinadas em conjunto, utilizando-se o método Irlandês modificado, na safra 2009/10, isolado no tempo. Obtendo dessa forma o C4.

Os experimentos foram conduzidos na Fazenda experimental da UFLA (Ambiente 1), localizada no município de Lavras - MG, a 951 metros de altitude, 21°12' S de latitude e 44°58' W de longitude, e na área experimental do Departamento de Biologia Setor de Genética da UFLA (Ambiente 2), localizada em Lavras – MG, campus UFLA, a 918 metros de altitude, 21°14' S de latitude e 40°17' W de longitude.

Os plantios foram conduzidos na safra 2010/11, em regime de sequeiro. Nos dois ambientes utilizou-se na adubação de semeadura 400 kg.ha⁻¹, da fórmula 8-28-16 (N-P₂O₅-K₂O) + 0,5% Zn. Como adubação de cobertura aplicou-se 300 kg.ha⁻¹ de sulfato de amônio, 20 dias após a emergência das plântulas. Os demais tratamentos culturais realizados foram os normalmente recomendados para a cultura do milho no sistema de plantio direto para a região Sul de Minas Gerais.

Os tratamentos avaliados foram os ciclos C0.E, C0.R, C1.E, C1.R, C2.E e C2.R, C3.E, C3R, C4 e as duas testemunhas: IAC-112 e IAC-125. O delineamento experimental utilizado para ambos ambientes foi o de blocos completos ao acaso com sete repetições no Ambiente 1 e quatro no Ambiente 2. As parcelas constituíram-se de duas fileiras de 3 metros, espaçadas em 0,60 metros, com quatro plantas por metro linear.

As características avaliadas por parcela nos dois ambientes foram: AP – altura de planta, medida do nível do solo a inserção da folha bandeira em cm, em cinco plantas competitivas na parcela. AE – altura de espiga,

medida do nível do solo a inserção da espiga superior em cm, nas mesmas plantas que se obteve a altura. PF – índice de prolificidade, obtido a partir da razão do número total de espigas pelo stand. DE - diâmetro de espiga em cm, medido na região mediana, em cinco espigas, coletada aleatoriamente na parcela, com o auxílio de um paquímetro digital. DS – diâmetro de sabugo em cm, medido na região mediana do sabugo com o auxílio de paquímetro, proveniente das mesmas espigas que se obteve o DE. CpE – comprimento de espiga em cm, medido com auxílio de uma régua, nas mesmas espigas em que obteve os dados de DE e DS. PQ – plantas quebradas, anotando-se para cada parcela o número total de plantas que apresentavam quebradas abaixo da espiga superior, depois se adicionou uma constante k ($k=1$), e realizou-se a transformação dos dados para raiz quadrada ($\sqrt{y + 1}$). PG – produtividade de grãos em toneladas por hectare, obtido a partir do peso de grãos por parcela com posterior transformação para toneladas por hectare, corrigido para estande ideal de plantas por parcela (24 plantas), pelo método da covariância (VENCOVSKY; CRUZ, 1991), e para umidade padrão de 13%. CE – capacidade de expansão em ml.g^{-1} , obtida pela razão entre o volume de pipoca expandida e o peso dos grãos. Em cada parcela, avaliou-se três amostras de 30 gramas de grãos, em um microondas de 800W de potência por 3 minutos (180 segundos) segundo método modificado descrito por Matta e Viana (2001). A pipoca expandida foi medida em proveta graduada de 1000 ml.

Para todas as características avaliadas, verificaram-se preliminarmente os pressupostos básicos para realização da análise de variância, depois de atendida as premissas, realizou-se as análises de variância individual com testemunhas adicionais, considerando a média por parcela (CRUZ, 2006; RAMALHO; FERREIRA; OLIVEIRA, 2005). Para realização da análise de variância conjunta, verificou-se para cada característica se os quadrados médios residuais nos ambientes eram homogêneos pelo teste de Hartley, realizando-se a ANAVA conjunta com testemunhas adicionais (CRUZ, 2006; RAMALHO; FERREIRA;

OLIVEIRA, 2005). As médias da análise conjunta para cada característica foram comparadas pelo teste de agrupamento de médias proposto por Scott e Knott (1974), considerando um nível de 5% de probabilidade, a acurácia seletiva foi estimada de acordo com Resende e Duarte (2007). Os contrastes de interesse foram estimados de acordo com Nogueira (2007). Para as estimativas do ganho genético nos ciclos seletivos, utilizaram-se os dados médios por população em cada ciclo para o caráter CE, estimando-se o ganho genético pelo método dos quadrados mínimos (RAMALHO; FERREIRA; OLIVEIRA, 2005). As correlações fenotípicas entre as características avaliadas foram estimadas de acordo com Cruz, Regazzi e Carneiro (2004), e sua significância verificada pelo teste t, no nível de 5% de probabilidade. Para realização das análises, utilizou-se o software estatístico SAS® (STATISTICAL ANALYSIS SYSTEM INSTITUTE - SAS INSTITUTE, 2002) e o programa Genes versão 2009.7.0 (CRUZ, 2006).

3 RESULTADOS E DISCUSSÃO

A análise de grupos de experimentos (análise conjunta) é realizada no intuito de melhorar as estimativas e conseqüentemente as informações a serem extraídas dos genótipos em avaliação, sobretudo estudar o comportamento dos genótipos frente à diversidade ambiental. Para realizar a análise conjunta dos caracteres sob avaliação, faz-se necessário verificar se o quadrado médio residual entre os ambientes são semelhantes, ou seja, homogeneidade de variância do erro, isto é necessário para que as médias fenotípicas sejam comparadas com a mesma precisão experimental.

Boas estimativas a serem retiradas nos experimentos são conseguidas com uma boa condução experimental. Um dos parâmetros que melhor quantifica a precisão experimental é a acurácia seletiva, que leva em consideração o coeficiente de variação residual e genético do experimento, assim como o número de repetições (RESENDE; DUARTE, 2007). Verifica-se pela análise conjunta (Tabela 1), que está apresentou variação de acurácia de 40% a 92% para as características prolificidade (PF) e capacidade de expansão (CE) respectivamente. Para as características cuja fonte de variação genótipos foi significativa ($P < 0,05$), a acurácia ficou acima de 78%, sendo classificada como de precisão alta de acordo com Resende e Duarte (2007).

O intuito da análise de variância conjunta, como já relatado, é obter estimativas mais fidedignas a respeito dos parâmetros estimados. Percebe-se por essa análise que as características CE, comprimento de espiga (CpE) e diâmetro de sabugo (DS), foram significativas ($P < 0,05$) para a fonte de variação genótipos, e também para a fonte de variação ciclos, ou seja, os diferentes ciclos seletivos apresentam variabilidade para estas características (Tabela 1). Situação já esperada, sobretudo para o caráter CE, porque o programa de Melhoramento de Milho Pipoca da UFLA Setor de Genética e Melhoramento de Plantas priorizou a seleção para esta característica.

TABELA 1. Resumo da análise de variância conjunta, com testemunhas adicionais da capacidade de expansão em ml.g^{-1} (CE), produtividade de grãos em ton.ha^{-1} (PG), prolificidade (PF), comprimento de espiga em cm (Cp.E), diâmetro de espiga em cm (DE), diâmetro de sabugo em cm (DS), altura de planta em cm (AP), altura de espiga em cm (AE), e plantas quebradas, transformadas para raiz quadrada mais 1 (PQ), avaliados nas populações UFLA-HJE ciclos 0, 1, 2, 3, UFLA-HJR ciclos 0, 1, 2, 3, UFLA-HJ ciclo 4 e nas testemunhas IAC-112 e IAC-125. Fazenda experimental da UFLA e Área experimental do setor de Genética da UFLA, Lavras - MG, no ano agrícola 2010/2011

F.V.	GL	QM								
		CE	PG	PF	Cp.E	DE	DS	AP	AE	PQ
Bloco(local)	9	5,071	0,443	0,035	1,677	2,776	0,644	0,093	0,061	0,595
Local (L)	1	188,29*	1,485*	0,835*	0,0047 ^{ns}	2,868 ^{ns}	1,614 ^{ns}	0,006 ^{ns}	0,008 ^{ns}	74,54*
Genótipo (G)	10	50,84*	0,203 ^{ns}	0,092 ^{ns}	2,431*	3,002 ^{ns}	3,038*	0,050*	0,016 ^{ns}	0,613*
Ciclo (C)	8	31,67*	0,195 ^{ns}	0,058 ^{ns}	2,478*	2,372 ^{ns}	1,882*	0,016 ^{ns}	0,011 ^{ns}	0,282 ^{ns}
Testem.(T)	1	0,041 ^{ns}	0,411 ^{ns}	0,225 ^{ns}	2,959 ^{ns}	0,533 ^{ns}	7,365*	0,172*	0,069*	0,472*
C vs T	1	254,96*	0,043 ^{ns}	0,227 ^{ns}	1,520 ^{ns}	10,515*	7,960*	0,198*	0,0003 ^{ns}	3,406*
G x L	10	7,881 ^{ns}	0,177 ^{ns}	0,038 ^{ns}	0,841 ^{ns}	1,091 ^{ns}	0,723 ^{ns}	0,031 ^{ns}	0,015 ^{ns}	0,278 ^{ns}
C x L	8	9,01 ^{ns}	0,212 ^{ns}	0,039 ^{ns}	0,702 ^{ns}	1,026 ^{ns}	0,684 ^{ns}	0,035 ^{ns}	0,018 ^{ns}	0,115 ^{ns}
T x L	1	6,70 ^{ns}	0,011 ^{ns}	0,001 ^{ns}	2,768 ^{ns}	2,661 ^{ns}	0,757 ^{ns}	0,002 ^{ns}	0,002 ^{ns}	0,426 ^{ns}
C x L vs T x L	1	50,08*	0,008 ^{ns}	0,044*	0,298 ^{ns}	2,065*	1,563*	0,038*	0,0001 ^{ns}	0,669*
Erro	90	7,757	0,371	0,078	0,883	1,885	0,738	0,019	0,0109	0,242
r_{gg}		92%	-	40%	80%	61%	87%	78%	56%	78%

F.V.: fonte de variação, GL: graus de liberdade, QM: quadrado médio, Testem.: testemunhas e r_{gg} : acurácia seletiva.
^{ns} e *: não significativo e significativo a 5%, respectivamente, pelo teste F.

Analisando a fonte de variação local, detecta-se a ocorrência de variação entre os ambientes na expressão dos caracteres CE, produtividade de grãos (PG), PF e plantas quebradas (PQ), entretanto, não se observou interação entre os genótipos frente aos ambientes, ou seja, os genótipos apresentaram comportamento inconsistentes nos dois locais (Tabela 1).

Para as características PQ, altura de plantas (AP) e altura de espiga (AE), observa-se que a fonte de variação testemunhas (Tabela 1) apresentou diferenças significativas ($P < 0,05$), ao ponto que a fonte ciclos não apresentou, ou seja, a significância observada para a fonte genótipos é proveniente das testemunhas, entretanto quando se visualiza a Tabela 2, verifica-se a formação de apenas um grupo, pelo teste de agrupamento de médias proposto por Scott e Knott (1974). Cujas variações máximas encontradas nos ciclos, embora não significativa seja de 210 cm (C0.E) a 201 cm (C1.R) e 117 cm (C3.R) a 106 cm (C1.R) para as características AP e AE respectivamente (Tabela 2).

Freitas Júnior et al. (2009) avaliaram 200 famílias de irmãos germanos do quarto ciclo de seleção recorrente da população UNB-2U de milho pipoca em dois ambientes no estado do Rio de Janeiro, selecionaram 30 famílias com variação máxima de 216 a 179 cm e 135 a 106 cm para as características AP e AE respectivamente. Rangel et al. (2011), dando continuidade aos trabalhos de Freitas Júnior et al. (2009), obtiveram para o quinto ciclo de seleção recorrente da população UNB-2U de milho pipoca estimativas para AP e AE de 194,55 e 120,74 cm na média geral, respectivamente, e para as testemunhas as estimativas de 193,96 e 116,17 cm para AP e AE respectivamente, sendo as testemunhas as mesmas do presente trabalho. Do exposto, infere-se que as populações em avaliação, apresentam padrões de AP e AE aceitáveis para o mercado, já que não diferem das testemunhas que são híbridos comerciais, estando, nos mesmos patamares dos ciclos avançados da população UNB-2U de milho pipoca e também porque não diferem muito das estimativas observadas por Vieira et al. (2009) em diferentes híbridos e cultivares avaliados no estado do Paraná.

TABELA 2. Resumo das médias conjuntas da capacidade de expansão em ml.g^{-1} (CE), produtividade de grãos em ton.ha^{-1} (PG), prolificidade (PF), comprimento de espiga em cm (Cp.E), diâmetro de espiga em cm (DE), diâmetro de sabugo em cm (DS), altura de planta em cm (AP), altura de espiga em cm (AE), e plantas quebradas, transformadas para raiz quadrada mais 1 (PQ), avaliados nas populações UFLA-HJE ciclos 0, 1, 2, 3, UFLA-HJR ciclos 0, 1, 2, 3, UFLA-HJ ciclo 4 e nas testemunhas IAC-112 e IAC-125. Fazenda experimental da UFLA e Área experimental do setor de Genética da UFLA, Lavras - MG, no ano agrícola 2010/2011

Genótipos	CE	PG	PF	Cp.E	DE	DS	AP	AE	PQ
C0.E	26,22 b	2,81 a	1,44 a	16,03 a	31,71 a	18,30 a	2,10 a	1,12 a	2,15 a
C0.R	25,61 b	2,54 a	1,22 a	16,70 a	32,63 a	18,81 a	2,02 a	1,12 a	2,14 a
C1.E	25,28 b	2,57 a	1,21 a	15,61 a	31,51 a	18,25 a	2,05 a	1,11 a	1,80 a
C1.R	27,48 b	2,80 a	1,24 a	16,26 a	32,24 a	18,50 a	2,01 a	1,06 a	1,95 a
C2.E	27,98 b	2,70 a	1,37 a	15,25 a	31,37 a	18,58 a	2,04 a	1,13 a	2,04 a
C2.R	28,86 a	2,63 a	1,33 a	16,38 a	31,61 a	18,82 a	2,02 a	1,08 a	2,23 a
C3.E	29,67 a	2,58 a	1,33 a	15,43 a	31,53 a	18,26 a	2,08 a	1,13 a	1,79 a
C3.R	27,61 b	2,78 a	1,27 a	16,32 a	32,14 a	19,15 a	2,12 a	1,17 a	2,15 a
C4	30,37 a	2,40 a	1,28 a	15,65 a	31,10 a	17,66 b	2,09 a	1,15 a	1,87 a
IAC 112	31,54 a	2,84 a	1,52 a	15,28 a	30,81 a	17,19 b	2,26 a	1,18 a	1,41 a
IAC 125	31,63 a	2,55 a	1,31 a	16,04 a	31,13 a	18,39 a	2,07 a	1,06 a	1,71 a
$\bar{X}_{UFLA-HJE}$	27,904	2,612	1,326	15,594	31,444	18,21	2,073	1,128	1,93
$\bar{X}_{UFLA-HJR}$	27,986	2,63	1,268	16,262	31,944	18,588	2,052	1,116	2,068
$\bar{X}_{Testemunhas}$	31,585	2,695	1,415	15,66	30,97	17,79	2,165	1,12	1,56

Médias seguidas de mesma letra não diferem entre si pelo teste de Scott-Knott, no nível de 5% de probabilidade.

Entre as características CpE, DE e DS, apenas a característica DS apresentou a formação de dois grupos pelo teste de médias (Tabela 2). Nota-se que a seleção praticada nos ciclos C3.E e C3.R, contribuíram para redução do DS, ao passo que não reduziu o DE, depreende-se então que o C4 apresenta grãos maiores, o que é favorável, sobretudo para aumentar as características PG em ciclos subsequentes. Para o caráter PF, pode-se constatar a formação de apenas um grupo pelo teste de agrupamentos de médias (Tabela 2), observando-se uma variação máxima de 1,44 (C0.E) a 1,21 (C1E). Viana (2007) observou valores variando de 0,96 a 1,42 comparando três ciclos de seleção da população Beija-Flor e a população original.

Verifica-se no presente estudo que as fontes de variação para a característica PG não foram significativas ($P < 0,05$) (Tabelas 1). Fato verificado pelo teste de agrupamento de médias (Tabelas 2) ao formar apenas um grupo. Fazendo um paralelo com as testemunhas, que são híbridos comerciais e com destaque no mercado nacional, pode-se dizer que as populações em estudo têm um potencial produtivo alto, pelo menos para a região de Lavras – MG.

Analisando os trabalhos de Matta e Viana (2003), Scapim et al. (2010) e Vieira et al. (2009), que usaram como controle (testemunhas) o híbrido IAC-112 e /ou IAC-125, ou seja, os mesmos do presente trabalho, observa-se uma superioridade destes híbridos (controles) em seus estudos, entretanto estes híbridos não foram superiores aos diferentes ciclos seletivos do presente trabalho. O que vem evidenciar o potencial produtivo das populações desenvolvidas pelo programa de Melhoramento de Milho Pipoca da UFLA Setor de Genética e Melhoramento de Plantas.

O programa de milho pipoca da UFLA, priorizou aumentar a característica CE em suas populações no decorrer dos ciclos seletivos, fazendo uso da seleção fenotípica tipo tandem nos lotes de recombinação. Partindo do pressuposto que os efeitos gênicos aditivos são predominantes, como relatados por Pereira e Amaral Júnior (2001) e Scapim et al. (2006),

que a estratégia de realizar a seleção no lote de recombinação é eficiente, segundo Matta e Viana (2003). Aliado as estimativas encontradas na literatura, relatando que o caráter CE apresenta herdabilidade de moderada a alta, com valores variando de 68,42% a 90,19% na média de família. Sugerindo que o método de seleção massal fenotípica se justifica para o caráter, sendo este indicado quando a característica avaliada apresenta alta herdabilidade (DAROS et al., 2004b; FREITAS JÚNIOR et al., 2009; HALLAUER; CARENA; MIRANDA FILHO, 2010; PEREIRA; AMARAL JÚNIOR, 2001; SANTOS et al., 2008; VIANA et al., 2010).

Verifica-se que a fonte de variação ciclos para a característica CE (Tabela 1) foi significativa, ou seja, os ciclos seletivos diferem quanto à CE. Analisando a Tabela 2, pode-se constatar a formação de dois grandes grupos com destaque para os ciclos C4 e C3.E em relação aos demais e com qualidade de pipoca equivalente as testemunhas. Fazendo-se uma análise geral da Tabela 2, constata-se que os presentes resultados vão de encontro com Hallauer, Carena e Miranda Filho (2010), que relatam para algumas características em milho, que três ciclos praticado de seleção recorrente ainda não é eficiente para ser constatado ganhos expressivos. No presente estudos, depreende-se que as diferenças entre os ciclos seletivos para CE só começaram a ser pronunciadas de forma significativa a partir do ciclo 2.

Contudo, deve ser ressaltado a elevada CE dos diferentes ciclos, que obteve média geral de 27,904 g.ml⁻¹ e 27,986 g.ml⁻¹ para as populações UFLA-HJE e UFLA-HJR respectivamente e 30,37 g.ml⁻¹ para o C4 (Tabela 2). Estas estimativas de CE estão acima de 26 ml.g⁻¹, sendo a qualidade de pipoca classificada como excelente, de acordo com Galvão et al. (2000). A estimativa de CE dos diferentes ciclos seletivos (Tabela 2) foram superiores aos valores encontrados por Vendruscolo et al. (2001), que obtiveram média de 17,39 ml.ml⁻¹ avaliando diferentes cultivares de milho pipoca, em diferentes regiões do Brasil, superou aos valores encontrados por Matta e Viana (2003), quando os autores comparam as populações BF, BFse e BFc1 em ensaios de competição, e também foi superior as estimativas encontradas

por Amaral Júnior et al. (2010), Rangel et al. (2011) e Santos et al. (2008), avaliando o quarto e quinto ciclo de seleção recorrente na população UNB-2U respectivamente. O que vem a Ratificar a superioridade das populações em estudo para CE em relação às estimativas verificadas na literatura.

O ganho estimado para CE na média dos dois ambientes para a população UFLA-HJE foi de 5% ($1,268 \text{ ml.g}^{-1}$) a cada ciclo de seleção sendo o $R^2 > 0,85$ e para a população UFLA-HJR de 3,7% ($0,9644 \text{ ml.g}^{-1}$) a cada ciclo de seleção (Figura 1). Observações ratificadas pelos contrastes Y(1), Y(2) e Y(3) (Tabela 3). Sugerindo que a seleção recorrente fenotípica para CE é uma estratégia eficiente, visto que, com apenas quatro ciclos de seleção praticados foi possível constatar ganhos expressivos de 20% e 14,5% para as populações UFLA-HJE e UFLA-HJR respectivamente, corroborando com as conclusões de Matta e Viana (2003).

Observa-se analisando as Tabelas 1 e 2 e a Figuras 1, que o comportamento das duas populações (UFLA-HJE e UFLA-HJR) de maneira geral foram semelhantes. Por conseguinte, não se justificaria manter essas populações separadas, pois, com a junção destas estar-se-ia reduzindo gastos, ampliando a variabilidade, com isso aumentando as chances de sucesso em ciclos subsequentes e principalmente porque o tipo de grão perola ou redondo tem mais apreço no mercado.

Analisando as correlações fenotípicas, que é uma medida de associação entre as características, a não ocorrência de correlação significativa ($P < 0,05$) entre PG e CE (Tabela 4). Estes resultados confirmam aqueles já verificados com a análise de regressão e o teste de agrupamento de médias de Scott e Knott (1974), que mostram ganhos para CE entre os ciclos de seleção e que PG não foi reduzido, que também corrobora com os resultados obtidos por Carpentieri Pípolo et al. (2002) e Daros et al. (2004a), que não observaram correlação fenotípica significativa. Por conseguinte pode-se inferir que é possível obter ganhos para as duas características simultaneamente nas populações em estudo, visto que não existe uma associação linear entre CE e PG.

Analisando as correlações fenotípicas entre as características DE e DS, AE e AP, CpE e PQ e PQ e DS observa-se uma associação positiva e significativa ($P < 0,05$) pelo teste t (Tabela 4).

Em síntese, nota-se que uma atenção maior deveria ser dada para a característica PG em ciclos futuros aliado a CE, ou seja, deverão ser adotadas no Programa de Melhoramento de Milho Pipoca da UFLA outras estratégias de melhoramento, que levem em consideração os caracteres PG e CE simultaneamente. Já que a seleção fenotípica para CE na unidade de recombinação é eficiente em aumentar a CE e não muito eficiente para aumentar a PG, embora não tenha contribuído na redução desta característica.

TABELA 3. Estimativas de contrastes para o caráter capacidade de expansão em g.ml^{-1} (CE), envolvendo as populações UFLA-HJE ciclos 0, 1, 2, 3, UFLA-HJR ciclos 0, 1, 2, 3 e UFLA-HJ ciclo 4. Na fazenda experimental da UFLA e na área experimental do setor de Genética da UFLA (análise conjunta). Lavras - MG, no ano agrícola 2010/2011

Contraste	Local	QM
Y(1): Ciclo 0, 1, 2 e 3E vs Ciclo 4	Conjunta	77,157*
Y(2): Ciclo 0, 1, 2 e 3R vs Ciclo 4	Conjunta	72,281*
Y(3): Ciclo 4 vs Ciclos (0E; 0R; 1E; 1R; 2E; 2R; 3E; 3R)	Conjunta	82,998*

QM: quadrado médio.

^{ns} e * : não significativo e significativo a 5%, respectivamente, pelo teste F.

TABELA 4. Estimativas dos coeficientes de correlação fenotípica entre capacidade de expansão (CE), produtividade de grãos (PG), prolificidade (PF), comprimento de espiga (Cp.E), diâmetro de espiga (DE), diâmetro de sabugo (DS), altura de planta (AP), altura de espiga (AE) e plantas quebradas (PQ), avaliados nas populações UFLA-HJE ciclos 0, 1, 2, 3, UFLA-HJR ciclos 0, 1, 2, 3, e UFLA-HJ ciclo 4. Fazenda experimental da UFLA e Área experimental do setor de Genética da UFLA (análise conjunta), Lavras - MG, no ano agrícola 2010/2011

	DE	DS	PG	PF	AP	AE	CE	PQ
Cp.E	0,81*	0,6	0,25	-0,3	-0,27	-0,22	-0,35	0,67*
DE		0,67*	0,41	-0,4	-0,32	-0,16	-0,55	0,43
DS			0,57	-0,07	-0,18	-0,04	-0,35	0,69*
PG				0,36	0,05	-0,25	-0,37	0,46
PF					0,39	0,09	0,24	0,33
AP						0,79*	-0,22	-0,08
AE							0,18	-0,05
CE								-0,22

* Significativo pelo teste t, no nível de 5% de probabilidade.

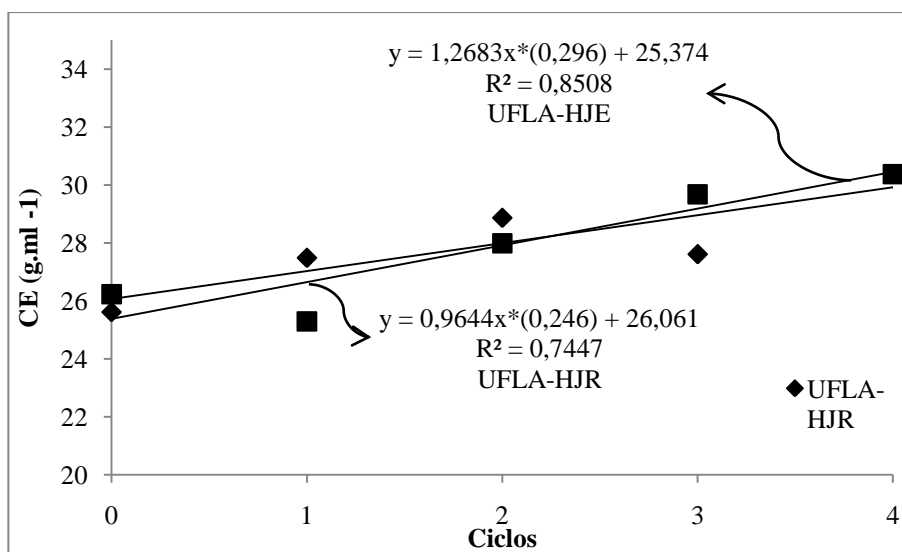


FIGURA 1. Análise de regressão para os dados médios da capacidade de expansão (CE) nas populações UFLA-HJE ciclos 0, 1, 2, 3, UFLA-HJR ciclos 0, 1, 2, 3, UFLA-HJ ciclo 4. Fazenda experimental da UFLA e Área experimental do setor de Genética da UFLA (análise conjunta), Lavras - MG, no ano agrícola 2010/2011. *: significativos a 5%, respectivamente pelo teste t. Valores entre parênteses representam o erro associado à estimativa

4 CONCLUSÕES

As populações avaliadas (UFLA-HJR e UFLA-HJE) apresentaram comportamento semelhante com o avanço dos ciclos seletivos para todas as características avaliadas.

O tipo de grão (redondo ou espinho) não influenciou no progresso genético.

O ganho obtido com a seleção recorrente na população UFLA-HJE foi de 5% por ciclo, e de 3,7% para a população UFLA-HJR.

As características capacidade de expansão e produtividade não apresentaram associação.

REFERÊNCIAS

CARPENTIERI-PÍPOLO, V. et al. Correlações entre caracteres quantitativos em milho pipoca. **Horticultura Brasileira**, Brasília, v. 20, n. 4, p. 551-554, jul./ago. 2002.

CRUZ, C. D. **Programa Genes**: análise multivariada e simulação. Viçosa, MG: UFV, 2006. 175 p.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. Correlações genotípicas, fenotípicas e de ambiente. In: _____. **Modelos biométricos aplicados as melhoramento**. Viçosa, MG: UFV, 2004. p. 180-193.

CRUZ, J. C.; PEREIRA FILHO, I. A. **Milho**: cultivares para 2008/2009. Disponível em:
<<http://www.cnpms.embrapa.br/milho/cultivares/index.php>>. Acesso em: 25 fev. 2009.

CRUZ, J. C.; PEREIRA FILHO, I. A.; SILVA, G. H. da. **Milho**: cultivares para 2010/2011. Disponível em:
<<http://www.cnpms.embrapa.br/milho/cultivares/index.php>>. Acesso em: 22 mar. 2010.

DALBELLO, O. et al. Capacidade de expansão do milho-pipoca (*Zea mays*) em função de parâmetros de secagem, umidade e armazenamento do produto. In: CONGRESSO BRASILEIRO DE ENGENHARIA AGRÍCOLA, 24., 1995, Viçosa, MG. **Anais...** Viçosa, MG: UFV, 1995. 1 CD-ROM.

DAROS, M. et al. Correlações entre caracteres agronômicos em dois ciclos de seleção recorrente em milho-pipoca. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 34, n. 5, p. 1389-1394, set./out. 2004a.

_____. Genetic gain for grain yield and popping expansion in full-sib recurrent selection in popcorn. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Londrina, v. 2, n. 3, p. 339-344, 2004b.

_____. Recurrent selection in inbred popcorn families. **Scientia Agricola**, Piracicaba, v. 61, n. 6, p. 609-614, Nov./Dec. 2004c.

DOFING, S. M.; CROZ-MASON, N. d'; THOMAS-COMPTON, M. A. Inheritance of expansion volume and yield in two popcorn x dent corn crosses. **Crop Science**, Madison, v. 31, n. 3, p. 715-718, June 1991.

FREITAS JÚNIOR, S. de P. et al. Capacidade combinatória em milho-pipoca por meio de dialelo circulante. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 41, n. 11, p. 1599-1607, nov. 2006.

_____. Genetic gains in popcorn by full-sib recurrent selection. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Londrina, v. 9, n. 1, p. 1-7, May 2009.

GALVÃO, J. C. C. et al. Comportamento de híbridos de milho-pipoca em Coimbra, Minas Gerais. **Ceres**, Viçosa, MG, v. 47, n. 270, p. 201-218, mar. 2000.

GARCIA, J. C.; MONTEIRO, J. A. Aspectos econômicos da comercialização de milho pipoca. **Informações Econômicas**, São Paulo, v. 25, n. 7, p. 1981-1990, jul. 1995.

GRANATE, M. J.; CRUZ, C. D.; PACHECO, C. A. P. Predição de ganho genético com diferentes índices de seleção no milho-pipoca CMS-43. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 37, n. 7, p. 101-108, jul. 2002.

HALLAUER, A. R.; CARENA, M. J.; MIRANDA FILHO, J. B. **Quantitative genetics in maize breeding**. Ames: Iowa State University, 2010. 663 p.

MATTA, F. P.; VIANA, J. M. S. Eficiências relativas de seleção entre e dentro de famílias de meios-irmãos em população de milho-pipoca. **Ciência e Agrotecnologia**, Lavras, v. 27, n. 3, p. 548-556, maio/jun. 2003.

_____. Testes de capacidade de expansão em programas de melhoramento de milho pipoca. **Scientia Agricola**, Piracicaba, v. 58, n. 4, p. 845-851, 2001.

NOGUEIRA, M. C. F. **Experimentação agrônômica I: conceitos, planejamento e análise estatística**. Piracicaba: FEALQ, 2007. 479 p.

PACHECO, C. A. P. et al. Avanços no processo seletivo da variedade de milho pipoca BRS Angela. **Revista Brasileira de Milho e Sorgo**, Sete Lagoas, v. 4, n. 3, p. 436-444, 2005.

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

RAMALHO, M. A. P.; FERREIRA, D. F.; OLIVEIRA, A. C.
Experimentação em genética e melhoramento de plantas. Lavras: UFLA, 2005. 322 p.

RANGEL, R. M. et al. Análise biométrica de ganhos por seleção em população de milho pipoca de quinto ciclo de seleção recorrente. **Revista Ciência Agrônômica**, Fortaleza, v. 42, n. 2, p. 473-481, abr./jun. 2011.

RESENDE, M. D. V. de; DUARTE, J. B. Precisão e controle de qualidade em experimentos de avaliação de cultivares. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, Goiânia, v. 37, n. 3, p. 182-194, set. 2007.

SANTOS, J. F. et al. Efficiency of S2 progeny selection strategies in popcorn. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Londrina, v. 4, n. 9, p. 183-191, Dec. 2004.

_____. Genetic gain prediction of the third recurrent selection cycle in a popcorn population. **Acta Scientiarum Agronomy**, Maringá, v. 30, n. 5, p. 651-658, 2008.

SCAPIM, C. A. et al. Componentes genéticos de médias e depressão por endogamia em populações de milho-pipoca. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 36, n. 1, p. 36-41, jan./fev. 2006.

_____. Novos compostos de milho-pipoca para o Brasil. **Ciências Agrárias**, Londrina, v. 31, n. 2, p. 321-330, abr./jun. 2010.

SCOTT, A. J.; KNOTT, M. A. A cluster analysis method for grouping means in the analysis of variance. **Biometrics**, Raleigh, v. 30, n. 3, p. 507-512, 1974.

SILVA, V. Q. R. et al. Combining ability of tropical and temperate inbred lines of popcorn. **Genetics and Molecular Research**, Ribeirão Preto, v. 9, n. 3, p. 1742-1750, 2010.

STATISTICAL ANALYSIS SYSTEM INSTITUTE. **SAS/STAT user's guide.** Version 9. Cary, 2002. Software.

VENDRUSCOLO, E. C. G. et al. Adaptabilidade e estabilidade de cultivares de milho pipoca na região centro-sul do Brasil. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 36, n. 1, p. 123-130, jan. 2001.

VENCOVSKY, R.; CRUZ, C. D. Comparação de métodos de correção do rendimento de parcelas com estandes variados: I, dados simulados. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 26, n. 8, p. 647-657, ago. 1991.

VERMA, R. K.; SINGH, T. P. Inter-relation among certain quantitative traits in popcorn. **Madras Journal of Agricultural Science**, New Delhi, v. 13, n. 2, p. 15-18, 1979.

VIANA, J. M. S. Melhoramento intrapopulacional recorrente de milho-pipoca, com famílias de meios-irmãos. **Revista Brasileira de Milho e Sorgo**, Sete Lagoas, v. 6, n. 2, p. 199-210, 2007.

VIANA, J. M. S. et al. Multi-trait BLUP in half-sib selection of annual crops. **Plant Breeding**, Berlin, v. 129, n. 6, p. 599-604, Dec. 2010.

VIEIRA, R. A. et al. Agronomic performance of new popcorn hybrids in Northwestern Paraná State, Brazil. **Acta Scientiarum Agronomy**, Maringá, v. 31, n. 1, p. 29-36, Jan. 2009.

VILARINHO, A. A. et al. Eficiência da seleção de progênies S_1 e S_2 de milho pipoca visando à produção de linhagens. **Bragantia**, Campinas, v. 62, n. 1, p. 9-17, 2003.

CAPÍTULO 3

**Estratégias de seleção de indivíduos em blocos de recombinação
em milho pipoca via abordagem de modelos mistos**

RESUMO

Os objetivos do presente trabalho foram confrontar diferentes estratégias de seleção, utilizando diferentes intensidades de seleção para os caracteres capacidade de expansão (CE) e peso de grãos (PG) via procedimento REML/BLUP (máxima verossimilhança restrita/ melhor preditor linear não tendencioso) uni-caráter e multi-caracteres, no sentido de verificar qual é a vantagem do método multivariado sobre o univariado em selecionar indivíduos superiores proveniente de populações segregantes em milho pipoca. Utilizou-se a população UFLA-HJR ciclo três do programa de Melhoramento de Milho Pipoca da Universidade Federal de Lavras. Avaliando-se 20 progênies meio-irmãos com um número total de 224 indivíduos, com número variável de plantas na parcela para os caracteres CE e PG. Constatou-se que a análise multivariada ao nível de progênies proporcionou melhores estimativas dos parâmetros genéticos em relação à univariada, principalmente para CE, que os procedimentos univariado e multivariado foram equivalentes na seleção de progênies com base nos índices aditivo multivariado, univariado e Z' . As estratégias de seleção E1 (seleção individual com base no índice aditivo dos valores genotípicos preditos para CE e PG pela análise univariada) e E3 (seleção individual com base no índice Z') apresentaram boas coincidências de indivíduos selecionados com a estratégia E4 (índice aditivo dos valores genotípicos preditos para CE e PG pela análise multivariada). E a estratégia E2 (Seleção individual com base no índice de RANKs BLUPs uni-caráter) foi a que proporcionou maiores ganhos para CE.

Palavras-chave: REML/BLUP. Melhoramento do milho pipoca. Seleção de múltiplos caracteres.

ABSTRACT

The purpose of this study were compare different selection strategies using different selection intensities for the traits popping expansion (PE) and weight of grains (WG) by REML/BLUP procedure multi and single trait, in order to verify what is the advantage of multi-trait over the single-trait approach in selecting superior individuals from segregating populations in popcorn. We used third cycle from the population UFLA-HJR of Federal University of Lavras popcorn breeding program. Were evaluated 20 half-sib progenies with a total of 224 individuals, with variable number of plants per plot for the traits PE and WG. Tthe multi-trait analysis provided better estimates of genetic parameters in the single-trait relationship, especially for PE, the single-trait and multi-trait procedures were equivalent in the selection of progenies based on additive indices multi-trait, single-trait and Z'. The selection strategies E1 and E3 were the ones with the major coincidences of individuals selected with the strategy E4, and the strategy E2 has the best gains for PE.

Keywords: REML/BLUP. Improvement of popcorn. Selection of multiple traits.

1 INTRODUÇÃO

A variabilidade genética constitui-se na matéria prima indispensável para que o melhorista de plantas desenvolva híbridos, variedades ou clones de elevada produtividade. A estimação de parâmetros genéticos como a herdabilidade, covariância e/ou correlação genética das populações de melhoramento é de fundamental importância, pois, assim o melhorista poderá traçar eficientes estratégias de melhoramento e selecionar genótipos superiores para múltiplos caracteres.

Durante algumas décadas, a estimação de componentes genéticos assim como a seleção de genótipos superiores ou mesmo a estimação de progressos genéticos, eram obtidos quase que exclusivamente via procedimento ANOVA (análise de variância) e análise de regressão, que foram o principal alicerce da modelagem estatística. Essa técnica continua sendo muito utilizada no melhoramento de culturas anuais, subsidiando o emprego dos índices de seleção, entre os quais, alguns permitem a seleção de duas ou mais características levando em consideração as herdabilidades, covariâncias e correlações existentes, o que tornam esses índices mais eficientes que os sistemas tandem e níveis independentes de seleção.

Como no melhoramento do milho pipoca, buscam-se a seleção para múltiplos caracteres, dentre os principais, capacidade de expansão (CE), peso de grãos (PG) e resistência a pragas e doenças. O que vem a tornar árdua a seleção de genótipos de interesse para o melhorista, sobretudo pela existência de correlação negativa entre CE e PG, que é frequentemente relatada na literatura, fazendo-se necessário o emprego de procedimentos genético - estatísticos que permitam minimizar as respostas correlacionadas. Alguns melhorista de milho pipoca vêm alcançando êxito com a utilização de índices clássicos de seleção subsidiado pela ANOVA, principalmente para CE e PG (FREITAS JÚNIOR et al., 2009; GRANATE; CRUZ; PACHECO, 2002; RANGEL et al., 2011; SANTOS et al., 2007; VIANA; MATTA, 2003).

Contudo, o procedimento ANOVA tem algumas limitações para lidar com dados desbalanceados, e não permite a inclusão de parentesco entre indivíduos ou informações adicionais na modelagem. Um procedimento ótimo de avaliação genotípica e estimação de parâmetros genéticos é o REML/BLUP (máxima verossimilhança restrita/ melhor preditor linear não tendencioso), pois permite lidar adequadamente com o desbalanceamento de dados e proceder à inclusão de informações de relacionamento genético por ocasião da modelagem, conduzindo a estimativas e predições mais acuradas (HENDERSON, 1963, 1984). Este método tem sido amplamente utilizado no melhoramento animal e florestal (PIEPHO et al., 2008; RESENDE, 2002). No melhoramento de culturas anuais, sua utilização tem sido mais restrita, dentre as razões, devido à utilização de experimentos balanceados e à falta de vivência com o método (BERNARDO, 2002; BUENO FILHO, 1997).

Em se tratando da seleção simultânea de características, a análise univariada ou uni-caráter, mesmo usando o procedimento REML/BLUP, não permite a exploração das correlações genéticas e fenotípicas eventualmente existentes entre as características. Segundo Pollak, Werf e Quaas (1984), algum viés na estimação pode ocorrer na análise individual se as características forem correlacionadas, especialmente com a seleção seqüencial. Para contornar o problema, Henderson e Quaas (1976) introduziram a análise de modelos mistos multivariada, com objetivo de obter os BLUPs dos indivíduos para duas ou mais características simultaneamente (BLUPs multivariados). Essa técnica tem sido utilizada há algum tempo no melhoramento animal (MEYER, 1991; MEYER; THOMPSON, 1986; WALDMAN; ERICSSON, 2006). Porém em culturas anuais como o milho, estudos utilizando essa abordagem ainda são escassos (PIEPHO et al., 2008; VIANA et al., 2010).

Segundo Piepho et al. (2008) a aplicação do método BLUP multi-caracteres seria vantajoso se esses caracteres apresentassem alta correlação genética. Isso porque a aplicação desse método requer um alto esforço

computacional para a convergência, o que pode desencorajar o melhorista a utilizá-lo principalmente em modelos com múltiplos efeitos. No entanto, com a evolução nos recursos computacionais essa justificativa pode não ser a principal barreira ao uso da análise.

Tendo em vista que o modelo multivariado é especificado de forma a contemplar as covariâncias ambientais e genéticas existentes entre os caracteres. Espera-se que a soma dos valores genéticos preditos por um modelo multivariado, ou seja, um índice aditivo, com ou sem ponderações de pesos econômicos, seja uma boa estratégia de seleção. Pois, as herdabilidades e correlações já terão sido consideradas na predição pelo modelo multivariado (RESENDE, 2007).

Neste contexto, o presente trabalho tem por objetivo confrontar diferentes estratégias de seleção, abordando diferentes intensidades de seleção simultânea para os caracteres CE e PG via procedimento REML/BLUP uni-caráter e multi-caracteres, no sentido de verificar qual é a vantagem da metodologia multivariada sobre a univariada em selecionar indivíduos superiores proveniente de populações segregantes em milho pipoca.

2 MATERIAL E MÉTODOS

2.1 Dados experimentais:

Utilizou-se a população UFLA-HJR ciclo três (C3.R) de milho pipoca do programa de Melhoramento de Milho Pipoca da Universidade Federal de Lavras (UFLA) Setor de Genética. A população C3.R provém de um programa de seleção recorrente intrapopulacional iniciado em 2006. Em 2008 foram avaliadas 360 progênies de meio-irmãos do C2.R para o caráter CE. Após a avaliação adotou-se uma intensidade de seleção correspondente a 5,5% e, realizou-se a seleção das 20 melhores progênies de meio-irmãos com maior CE.

As 20 progênies selecionadas do C2.R foram recombinadas na safra 2008/09 utilizando-se o método Irlandês modificado, isolado no tempo. O lote de recombinação foi conduzido na Fazenda Experimental da UFLA, localizada no município de Lavras – MG, no delineamento em blocos ao acaso (DBC) com três repetições. Cada progênie de meio-irmãos foi plantada em uma linha (linha fêmea) de três metros, com quatro plantas por metro linear e espaçamento entre linhas de 0,80 m. Intercalada a cada três linhas ou parcela foi adicionada uma linha polinizadora, que constituiu uma mistura equitativa de sementes das 20 progênies de meio-irmãos selecionadas, no esquema de DBC com três repetições (método Irlandês modificado). Obtendo desta forma a população C3.R que foi constituída por 20 progênies meio-irmãos ou famílias com um número total de 224 indivíduos ou plantas, com número variável de plantas na parcela (dados desbalanceamento).

Os 224 indivíduos foram avaliados para o caráter peso de grãos (PG), e para isso utilizou-se uma balança digital de alta precisão, sendo o peso obtido em gramas. O caráter capacidade de expansão (CE) obtida pela razão entre o volume de pipoca expandida e o peso dos grãos (ml.g^{-1}). Para cada indivíduo, avaliou-se uma amostras de 10 gramas de grãos, em um

microondas de 1000W de potência por 2,5 minutos (150 segundos), segundo método modificado descrito por Matta e Viana (2001). A pipoca expandida foi medida em proveta graduada de 1000 ml.

2.2 Análises estatísticas - genéticas via abordagem REML/BLUP Unicaráter (individual)

O modelo adotado foi semelhante ao apresentado por Mrode e Thompson (2005) dado por:

$$\mathbf{y} = \mathbf{X}\boldsymbol{\beta} + \mathbf{Z}\mathbf{a} + \mathbf{e} \quad (1)$$

em que:

\mathbf{y} : vetor de dados fenotípicos individuais;

$\boldsymbol{\beta}$: é o vetor de efeitos fixos dos blocos acrescidos à média geral;

\mathbf{a} : é o vetor de efeitos genéticos aditivos individuais, $\mathbf{a} \sim \text{NMV}(\phi, \mathbf{G})$, sendo $\mathbf{G} = A\sigma_a^2$;

\mathbf{X} e \mathbf{Z} : são as matrizes de incidência dos efeitos fixos e aleatórios, respectivamente;

\mathbf{e} : é o vetor de resíduos, $\mathbf{e} \sim \text{NMV}(\phi, \mathbf{R})$, sendo $\mathbf{R} = \mathbf{I}\sigma_e^2$;

Para o modelo misto anteriormente descrito, \mathbf{A} refere-se à matriz de relacionamento genético aditivo, \mathbf{I} refere-se à matriz identidade, σ_a^2 é a variância aditiva e σ_e^2 é a variância residual.

As matrizes do sistema de equações de Henderson do modelo misto podem ser dadas por (MRODE; THOMPSON, 2005, p. 40):

$$\begin{bmatrix} \hat{\boldsymbol{\beta}} \\ \hat{\mathbf{a}} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \mathbf{X}'\mathbf{R}^{-1}\mathbf{X} & \mathbf{X}'\mathbf{R}^{-1}\mathbf{Z} \\ \mathbf{Z}'\mathbf{R}^{-1}\mathbf{X} & \mathbf{Z}'\mathbf{R}^{-1}\mathbf{Z} + \mathbf{G}^{-1} \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \mathbf{X}'\mathbf{R}^{-1}\mathbf{y} \\ \mathbf{Z}'\mathbf{R}^{-1}\mathbf{y} \end{bmatrix}. \quad (2)$$

As análises foram realizadas utilizando o Procedure IML (Interactive Matrix Language) utilizando o algoritmo EM-REML (STATISTICAL ANALYSIS SYSTEM INSTITUTE - SAS INSTITUTE, 2000).

2.3 Análises estatísticas - genéticas via abordagem REML/BLUP Multicaracteres (individual)

O modelo adotado foi semelhante ao apresentado por Mrode e Thompson (2005, p. 85) que pode ser dado por:

$$\mathbf{y}_1 = X_1\boldsymbol{\beta}_1 + Z_1\mathbf{a}_1 + \mathbf{e}_1; \quad (3)$$

Para característica 1 (Peso de grãos);

$$\mathbf{y}_2 = X_2\boldsymbol{\beta}_2 + Z_2\mathbf{a}_2 + \mathbf{e}_2; \quad (4)$$

Para característica 2 (Capacidade de expansão);

Em termos matriciais pode-se expandir os modelos 3 e 4 para:

$$\begin{bmatrix} y_1 \\ y_2 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X_1 & 0 \\ 0 & X_2 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \boldsymbol{\beta}_1 \\ \boldsymbol{\beta}_2 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} Z_1 & 0 \\ 0 & Z_2 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \mathbf{a}_1 \\ \mathbf{a}_2 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} \mathbf{e}_1 \\ \mathbf{e}_2 \end{bmatrix}; \quad (5)$$

As matrizes do sistema de equações do modelo misto multivariado são semelhantes à abordagem univariada (modelo 2);

em que:

$$\hat{\boldsymbol{\beta}} = \begin{bmatrix} \hat{\boldsymbol{\beta}}_1 \\ \hat{\boldsymbol{\beta}}_2 \end{bmatrix}; \hat{\mathbf{a}} = \begin{bmatrix} \hat{\mathbf{a}}_1 \\ \hat{\mathbf{a}}_2 \end{bmatrix}; R = I \otimes \begin{bmatrix} \sigma_{e1}^2 & \sigma_{e12} \\ \sigma_{e12} & \sigma_{e2}^2 \end{bmatrix} \text{ e } G = A \otimes \begin{bmatrix} \sigma_{a1}^2 & \sigma_{a12} \\ \sigma_{a12} & \sigma_{a2}^2 \end{bmatrix}; \quad (6)$$

em que:

σ_{a12} : é a covariância aditiva entre as características 1 e 2;

σ_{e12} : é a covariância residual entre as características 1 e 2;

\otimes é o produto de Kronecker.

As análises foram realizadas pelo Procedure IML (Interactive Matrix Language) utilizando o algoritmo EM-REML (SAS INSTITUTE, 2000).

2.4 Análises estatísticas - genéticas via abordagem REML/BLUP Unicaráter (progênies ou famílias)

O modelo adotado foi semelhante ao apresentado por Resende (2007, p. 158) que pode ser dado por:

$$\mathbf{y} = X\boldsymbol{\beta} + Z\mathbf{f} + W\mathbf{p} + \mathbf{e}; \quad (7)$$

em que:

y, β, f, p e c : vetores de dados, de efeitos fixos (média de blocos acrescida à média geral), de efeitos genotípicos (aleatórios), de efeitos de parcelas (aleatórios) e de erros aleatórios, respectivamente.

X, Z e W : matrizes de incidência para β, f e p , respectivamente.

As herdabilidade em nível de progênies foram obtidas pela seguinte equação:

$$h_p^2 = \frac{\sigma_p^2}{\sigma_p^2 + \frac{\sigma_{bp}^2}{r} + \frac{\sigma_a^2}{kr}}; \quad (8)$$

em que:

h_p^2 : herdabilidade na média de progênies;

σ_p^2 : variância de progênies;

σ_{bp}^2 : variância da interação bloco x progênies;

σ_a^2 : variância dentro de parcela;

r e k : média harmônica do número de repetições e de plantas por parcela, respectivamente.

A acurácia preditiva foi obtida pela seguinte equação:

$$r_g \hat{g} = \sqrt{1 - \left(\frac{PEV}{\hat{\sigma}_p^2} \right)}; \quad (9)$$

em que:

PEV: é a variância do erro de predição (MRODE; THOMPSON, 2005).

Os intervalos de confiança associados às estimativas dos componentes de variância foram estimados a partir da expressão (RAMALHO; FERREIRA; OLIVEIRA, 2005):

$$IC(\hat{\sigma}^2): P \left[\frac{v\hat{\sigma}_i^2}{X_{(v; 1-\frac{\alpha}{2})}^2} < \sigma_i^2 < \frac{v\hat{\sigma}_i^2}{X_{(v; \frac{\alpha}{2})}^2} \right] = 1 - \alpha; \quad (10)$$

em que:

$X_{(v; 1-\frac{\alpha}{2})}^2$; $X_{(v; \frac{\alpha}{2})}^2$: quantis da distribuição de qui-quadrado X^2 para v graus de liberdade.

α : nível de significância pré-estabelecido, no caso $\alpha=0,05$;

ν : graus de liberdade associados ao componente $\hat{\sigma}_i^2$ obtidos pela aproximação de Satterthwaite (1946), conforme expressão denotada por: $\nu = 2Z^2$ (SAS INSTITUTE, 2000), sendo $Z = \hat{\sigma}_i^2 / s(\hat{\sigma}_i^2)$, em que: $s(\hat{\sigma}_i^2)$ é a estimativa do erro padrão assintótico associado ao componente $\hat{\sigma}_i^2$ obtida a partir da inversa da matriz de informação de Fisher (SEARLE; CASELA; MCCULLOCH, 1992).

As análises estatísticas pela abordagem de modelos mistos foram realizadas por meio do procedimento *Mixed* do programa (SAS INSTITUTE, 2000).

2.5 Análises estatísticas - genéticas via abordagem REML/BLUP Multi-caracteres (progênies ou famílias)

O modelo adotado foi semelhante ao apresentado por Resende (2007, p. 327) que pode ser dado por:

$$\mathbf{y}_1 = X_1\boldsymbol{\beta}_1 + Z_1\mathbf{f}_1 + W_1\mathbf{p}_1 + \mathbf{e}_1; \quad (11)$$

Para característica 1 (Peso de grãos);

$$\mathbf{y}_2 = X_2\boldsymbol{\beta}_2 + Z_2\mathbf{f}_2 + W_2\mathbf{p}_2 + \mathbf{e}_2; \quad (12)$$

Para característica 2 (Capacidade de expansão);

As herdabilidade ao nível de progênies foram obtidas de acordo com o modelo (8).

A herdabilidade multivariada (h_{MV}^2) foi estimada de acordo com Kligenberg e Leamy (2001) pela seguinte equação:

$$h^2 = \mathbf{GF}^{-1}; \quad (13)$$

em que:

G: é a matriz de variância e covariância genética;

F^{-1} : é a inversa da matriz de variância e covariâncias fenotípicas.

Em termos matriciais, a solução do modelo (13) fica representada por:

$$h^2 = \begin{bmatrix} h_1^2 & h_{12} \\ h_{21} & h_2^2 \end{bmatrix}; \quad (14)$$

em que:

h_1^2 e h_2^2 : são as herdabilidades para as características 1 e 2 respectivamente;
 h_{12} e h_{21} : são as co-herdabilidades para as características 1 e 2 respectivamente.

E pela solução da matriz GF^{-1} , obtém-se as matrizes U e L, pela decomposição do valor singular, que são as matrizes dos autovetores e autovalores, respectivamente (KLIGENBERG; LEAMY, 2001).

A matriz $[{}_2U_2]$ fornece os autovetores, que vão direcionar o sentido da seleção simultânea para as duas características, e a matriz $[{}_2L_1]$ (autovalores) fornece a herdabilidade multivariada (h^2_{MV}) máxima e mínima, correspondente aos seus respectivos componentes principais (autovetores).

As acurácias preditivas foram obtidas de acordo com o modelo (9).

A acurácia seletiva foi estimada pela raiz quadrada da herdabilidade multivariada (máxima e mínima) (KLIGENBERG; LEAMY, 2001).

Os intervalos de confiança (IC) associados às estimativas dos componentes de variância foram estimados de acordo com a expressão (10).

As análises estatísticas pela abordagem de modelos mistos foram realizadas por meio do procedimento *Mixed* do programa (SAS INSTITUTE, 2000).

2.6 Índice de seleção padronizado (Z')

Para se ter informação dos dois caracteres simultaneamente, optou-se também pela padronização dos dados, obtendo-se, posteriormente, o índice do somatório de Z (Z'), das variáveis padronizadas (MENDES; RAMALHO; ABREU, 2009). Assim, a variável Z_{ij} foi estimada pelo seguinte estimador (RAMALHO; FERREIRA; OLIVEIRA, 2005):

$$Z'_{ij} = \sum_{k=1}^2 \frac{y_{ijk} - m_{jk}}{s_{jk}}, \quad (15)$$

em que:

Z'_{ij} : somatório dos valores fenotípicos padronizados das características 1 e 2 do genótipo i no bloco j ;

y_{ijk} : valor observado da característica k do genótipo i na repetição j ;

$m_{.jk}$: média da característica k na repetição j ;

$S_{.jk}$: desvio padrão fenotípico da média na repetição j .

Como a variável Z' pode assumir tanto valores positivos como negativos, foi adicionada uma constante de valor cinco, de modo a tornar todos os valores positivos. Nesse caso, a média populacional da variável criada (Z'), em vez de zero, assumiu o valor da constante adimensional. O emprego desse índice na seleção simultânea dos dois caracteres parte do pressuposto de que quanto maior o valor de Z' , melhor. Após a obtenção da variável criada Z' efetuou-se a análise desta, via procedimento BLUP/REML Uni-caráter modelo individual e de progênies (modelos 1 e 7, respectivamente), como anteriormente descrito.

2.7 Estratégias de seleção

Nas estratégias de seleção, optou-se por praticar três intensidades de seleção que foram proporcionais a: 5% (seleção de 11 indivíduos), 10% (seleção de 22 indivíduos) e 15% (seleção de 33 indivíduos).

O índice de ranks que será referido é o índice de seleção de Mulamba e Mock (1978) e o aditivo é o de Williams (1962), sem ponderação de pesos econômicos.

As seguintes estratégias de seleção foram utilizadas:

E1: Seleção individual com base no índice aditivo BLUPs uni-caráter;

E2: Seleção individual com base no índice de RANKs BLUPs uni-caráter;

E3: Seleção individual com base no índice Z' BLUPs uni-caráter;

E4: Seleção individual com base no índice aditivo multivariado BLUPs multi-caracteres.

No intuito de avaliar a correspondência entre os indivíduos selecionados com as diferentes estratégias de seleção, estimou-se o índice de

coincidência, utilizando-se a expressão proposta por Hamblin e Zimmermann (1986):

$$IC = \frac{A - C}{M - C} \times 100; \quad (16)$$

em que:

C: é o número de indivíduos selecionados nas duas estratégias de seleção, devido ao acaso. Assume-se que, do número de indivíduos selecionados, uma proporção igual à intensidade de seleção coincida por acaso;

A: é o número de indivíduos selecionados, comuns às duas estratégias de seleção e

M: é o número de indivíduos selecionados em uma das estratégias.

O ganho esperado com a seleção foi estimado com base nos BLUPs individuais, pela seguinte equação:

$$GS_{BLUP} = ds_{BLUP}; \quad (17)$$

em que:

ds_{BLUP} : é o valor genotípico médio dos indivíduos selecionados, menos o valor genotípico médio de todos os indivíduos avaliados.

Estimou-se também as correlações de Spearman entre as abordagens univariada e multivariada em nível de progênies, considerando os BLUPs para as características 1, 2, índices aditivos univariado e multivariados para as características 1 e 2 respectivamente e índice Z' .

3 RESULTADOS E DISCUSSÕES

A análise multivariada proporcionou vantagens em relação à análise univariada em nível de progênes, com estimativas maiores de variâncias entre progênes (σ_p^2) para as características capacidade de expansão (CE) e peso de grão (PG), e também melhores estimativas de acurácia preditiva (Tabela 1). Com limites de acurácia entre de 0,80 a 0,74 na estimativa por progênie para CE e de 0,75 a 0,65 na análise univariada, o mesmo ocorreu para PG cuja análise multivariada proporcionou limites superiores e inferiores mais elevados, ou seja, mais acurados em relação à análise univariada (Tabela 1).

Verifica-se pela análise multivariada (Tabela 1), que as características CE e PG apresentaram correlação genética positiva e de alta magnitude ($r_G = 0,81 \pm 0,21$). Sendo assim, é esperado que os genes que controlam essas características estejam ligados ou serem pleiotrópicos. O que pode facilitar o processo de melhoramento na obtenção de ganhos para as duas características simultaneamente. Como as características aparentemente estão associadas, é esperado que a análise multivariada proporcione melhores estimativas dos parâmetros genéticos, como dos valores genotípicos, tanto em nível individual quanto de progênes, como foi verificado para progênes. Porque, a análise de duas ou mais características realizada simultaneamente pelo processo REML/BLUP multivariado, contempla as covariâncias ambientais e genéticas existentes entre os caracteres (RESENDE, 2007).

Segundo Piepho et al. (2008) a aplicação do método BLUP multi-caracteres seria vantajosa sobre o uni-caráter se as características envolvidas na análise apresentassem alta correlação genética. Schaeffer (1984) e Thompson e Meyer (1986) complementam que, o aumento da precisão obtida usando BLUP multi-caracteres é proporcional à diferença absoluta entre as correlações genéticas e ambientais das características. Neste contexto, Resende (2007) relata que quando a herdabilidade dos caracteres

Tabela 1. Estimativas dos parâmetros genéticos e não genéticos referentes aos caracteres capacidade de expansão (CE) e peso de grãos por planta (PG) na população UFLA-HJR ciclo 3 utilizando a abordagem REML/BLUP Uni-caráter e Multi-caracteres em nível de progênieis

	Multi-caracteres		Uni-caráter	
	CE (ml. g ⁻¹)	PG (g/planta)	CE (ml. g ⁻¹)	PG (g/planta)
σ_p^2	16,02 ⁽⁵⁻¹²²⁾	133,75 ⁽⁶⁵⁻⁴¹¹⁾	15,64 ⁽⁵⁻¹²⁵⁾	130,25 ⁽⁶³⁻⁴⁰⁹⁾
σ_{bp}^2	20,66 ⁽¹⁰⁻⁵⁸⁾	80,15 ⁽⁴³⁻¹⁹⁴⁾	20,62 ⁽¹⁰⁻⁵⁹⁾	83,15 ⁽⁴⁵⁻²⁰⁰⁾
σ_d^2	51,41 ⁽⁴²⁻⁶⁴⁾	114,33 ⁽⁹³⁻¹⁴³⁾	51,42 ⁽⁴²⁻⁶⁴⁾	113,94 ⁽⁹²⁻¹⁴²⁾
h_p^2	0,55	0,75	0,54	0,74
h_{MV}^2	[0,29 – 0,78]		-	-
$\hat{r}_{\hat{g}g(Max)}$	0,80	0,86	0,74	0,85
$\hat{r}_{\hat{g}g(Min)}$	0,74	0,81	0,65	0,80
$\hat{r}_{\hat{g}g(MV)}$	[0,54 – 0,88]		-	-
r_G	0,81 ± 0,21		-	-
r_F	0,56 ± 0,12		-	-
r_E	0,25 ^{ns}		-	-
\bar{y}	24,52	51,97	24,52	51,97
$r_s PG (U, M) = 0,99$	$r_s CE (U, M) = 0,75$	$r_s (IAU, IAM) = 1,00$	$r_s (IAU, Z) = 0,98$	$r_s (IAM, Z) = 0,98$

σ_p^2 : variância de progênieis; σ_{bp}^2 : variância da interação progênieis x bloco; σ_d^2 : variância dentro; h_p^2 : herdabilidade ao nível de progênieis; $h_{(MV)}^2$: herdabilidade multivariada máxima e mínima em nível de progênieis; $\hat{r}_{\hat{g}g(Max)}$ e $\hat{r}_{\hat{g}g(Min)}$: acurácia preditiva máxima e mínima em nível de progênieis; $\hat{r}_{\hat{g}g(MV)}$: acurácia seletiva multivariada máxima e mínima em nível de progênieis; r_G : correlação genética; r_F : correlação fenotípica; r_E : correlação ambiental; \bar{y} : médias fenotípicas; r_s : correlação de Spearman; IAU e IAM : índice aditivo univariado e multivariado dos valores genotípicos estimados respectivamente; Z : índice Z ; U e M : procedimento univariado e multivariado respectivamente; valores entre parênteses corresponde aos intervalos de confiança; \pm : erro padrão associado as estimativas e ^{ns}: não significativo pelo teste t a 5%.

são próximas, a eficiência da seleção multivariada, em relação à univariada, depende apenas da diferença absoluta entre as correlações genéticas e ambientais. Ou seja, para a análise multi-caracteres apresentar vantagem expressiva sobre a análise uni-carater, os caracteres devem apresentar baixa/moderada herdabilidade e moderada/alta correlação genética.

Trabalhando com ciclos seletivos em milho pipoca, Viana et al. (2010a) compararam a eficiência da análise multivariada em relação a univariada, para dois modelos (touro e animal). Os autores relataram que para o modelo touro (ao nível de progênes) a análise multi-caracteres foi vantajosa na obtenção de melhores estimativas, entretanto, não muito expressivas, o que vem a corroborar com o presente estudo. Contudo a estimativa de correlação genética foi moderada e a herdabilidade baixa para CE e PG. Já no modelo animal as estimativas de correlação genética e ambiental estimadas pelos autores, foram baixas e a herdabilidade para CE foi alta e para PG baixa e a análise multivariada não proporcionou vantagem. Ou seja, a ineficiência da análise multivariada observada por Viana et al. (2010a) no modelo animal provavelmente foi pela baixa estimativa de correlação genética e ambiental. Segundo Mrode e Thompson (2005), quando a correlação genética e ambiental está próxima de zero, a análise multi-caracteres é reduzida a duas análises uni-caracteres.

Geralmente os programas de melhoramento de milho pipoca deparam-se com um complicador que é a correlação negativa entre CE e PG (DAROS et al., 2004; PACHECO et al., 1998; PEREIRA; AMARAL JÚNIOR, 2001; VIEIRA et al., 2009a), o que vem a dificultar o trabalho dos melhoristas, sobretudo quando a seleção truncada é utilizada (SCAPIM et al., 2006; SANTOS et al., 2007, 2008; VIEIRA et al., 2009b). Entretanto é possível obter correlações positivas, dependendo da população a qual se trabalha, sendo o exemplo da população em estudo, cuja estimativa de correlação foi positiva (Tabela 1), facilitando dessa maneira os trabalhos de melhoramento. Viana et al. (2010a) quando utilizaram o procedimento BLUP/REML (modelo animal) como já relatado, também encontraram

estimativas de correlação positiva, assim como Viana et al. (2010b) também obtiveram estimativas de correlação genética positiva para o terceiro ciclo da população viçosa de meio-irmãos, fazendo-se uso da abordagem REML/BLUP uni-caráter (modelo touro), já Pacheco et al. (2005) obtiveram correlação fenotípica positiva na população BRS Ângela via ANOVA, ou seja, a associação entre CE e PG depende da população ou do estágio de melhoramento em que a população se encontra.

A herdabilidade de uma característica é um dos parâmetros mais importantes para o melhorista de plantas, pois, ela diz respeito à proporção relativa das influências genéticas e ambientais na manifestação fenotípica dos caracteres e, indica o grau de facilidade ou dificuldade para melhorar determinados caracteres (RESENDE, 2002).

Observa-se que o procedimento multivariado proporcionou estimativas de herdabilidade ligeiramente superiores em relação ao uni-caráter, em função de estar recuperando mais informações da população (Tabela 1). As estimativas de herdabilidade para CE foram moderadas (0,54 e 0,55 para a univariada e multivariada, respectivamente) e para PG altas (0,74 e 0,75 para a univariada e multivariada, respectivamente). Na literatura, as estimativas de herdabilidade na média de progênies variam de 0,20 a 0,73 para CE e 0,15 a 0,69 para PG, sendo estas obtidas via procedimento REML/BLUP (VIANA et al., 2010a, 2010b). Já estimativas via procedimento ANOVA são mais frequentes, podendo-se observar valores variando de 0,68 a 0,90 e 0,44 a 0,84 para CE e PG, respectivamente (DAROS et al., 2004b; FREITAS JÚNIOR et al., 2009; PEREIRA; AMARAL JUNIOR, 2001; SANTOS et al., 2008), ou seja, as estimativas de herdabilidade obtidas no presente estudo, estão condizentes com a literatura.

Entretanto, a herdabilidade de dois ou mais caracteres estimada por um processo multivariado não deve ser interpretada separadamente, e sim levando em consideração as características simultaneamente (KLIGENBERG; LEAMY, 2001). No contexto multivariado, as herdabilidades devem ser estimadas pela equação: $h^2 = GF^{-1}$. A matriz

GF^{-1} fornece os autovetores, que vão direcionar o sentido da seleção, maximizando ou minimizando os ganhos para as características simultaneamente, levando em consideração as herdabilidades e (co) herdabilidades. Obtem-se também os autovalores da matriz GF^{-1} correspondentes aos seus respectivos componentes principais (autovetores). Sendo assim, na análise multivariada não há uma única medida de herdabilidade, mas há um intervalo de valores. E o autovalor dominante é interpretado como a estimativa de herdabilidade máxima das características simultaneamente ($h^2_{MV} = 0,78$), ou seja, é a resposta máxima da seleção (Tabela 1). E o autovalor inferior é a mínima estimativa alcançada levando em consideração a seleção das duas características ($h^2_{MV} = 0,29$). Assim sendo, o autovalor dominante estimado pela equação $h^2 = GF^{-1}$ é própria resposta máxima alcançada com a seleção levando em consideração as covariâncias genéticas e ambientais das duas características simultaneamente (KLIGENBERG; LEAMY, 2001).

Pelo relatado, a herdabilidade multivariada para as duas características CE e PG simultaneamente, pode estar presentes no intervalo de 0,29 a 0,78 correspondentes a mínima e máxima herdabilidade, respectivamente, que irão depender do sentido da seleção (Tabela 1). Para as estimativas de acurácia seletiva, uma boa aproximação dos limites pode ser dada em função da raiz quadrada do maior e menor autovalor da matriz GF^{-1} , sendo assim a estimativa intervalar compreendendo o valor máximo e mínimo (0,54 e 0,88), que irá depender da direção a qual praticar-se-á a seleção (Tabela 1) (KLIGENBERG; LEAMY, 2001).

Analisando as correlações de Spearman, que é uma medida de intensidade de associação entre duas características, é possível observar na Tabela 1 que a correlação entre as estimativas dos BLUPs uni-caráter e multi-caracteres em nível de progênes para PG foi de 0,99 [$r_{s\ PG(U, M)} = 0,99$], ou seja, para PG os dois procedimentos estatísticos foram equivalentes em ranquear as mesmas progênes. Já para CE a correlação foi de 0,75

$[r_{s_{CE(U, M)}} = 0,75]$, o que mostra uma mudança na classificação entre as progênies, aonde o procedimento multivariado conseguiu recuperar mais informações (proporcionou maior acurácia preditiva), com isso proporcionou melhores estimativas dos parâmetros estimados, conseqüentemente dos valores genotípicos (Tabela 1). Agora para índice aditivo dos BLUPs multivariado e univariado das características CE e PG, verifica-se que a correlação foi 1,00 $[r_{s_{(IAU, IAM)}} = 1,00]$, ou seja, a soma dos BLUPs uni-caráter e multi-caracteres, que são índices de seleção sem ponderações de pesos econômicos, foram 100% equivalentes em classificar as mesmas progênies levando em consideração as duas características (Tabela 1). Comparando o índice Z' com os índices aditivos multivariados e univariados, verifica-se uma alta coincidência no ordenamento das progênies $[r_{s_{(IAM, Z)}} = 0,98]$, mostrando a eficiência do método na seleção de genótipos, o que vem a corroborar com Mendes, Ramalho e Abreu (2009).

Em síntese, denota-se que o procedimento multivariado foi vantajoso para o caráter CE, e equivalência ao procedimento univariado para PG. Levando em consideração os índices aditivos de seleção, que são os mais importantes, sendo estes os responsáveis em selecionar as progênies, observa-se uma equivalência entre os procedimentos uni-caráter e multi-caracteres.

Em função das estimativas dos componentes da variância dentro de progênies (σ_d^2) para PG estarem próximas das estimativas da variância entre progênies (σ_p^2), optou-se por não explicitar o efeito de parcela nos modelos individuais (Tabela 1). Na teoria, espera-se explorar uma proporção maior da variância aditiva dentro de progênies de meios-irmãos (1,75), ao passo que para a população em estudo no caráter PG isso não ocorreu, pode ter sido em função da amostragem na recombinação ou por se tratar de blocos de recombinações.

Entre as estratégias frequentemente utilizadas pelos melhoristas de milho pipoca para maximizar os ganhos com a seleção para duas ou mais

características está à utilização dos índices de seleção (GRANATE et al., 2002; RANGEL et al., 2011; SANTOS et al., 2007; VIANA; MATTA, 2003). Neste contexto, a análise simultânea de vários caracteres via procedimento REML/BLUP (análise multivariada), é uma maneira eficiente em realizar a seleção, tanto em nível de família quanto individual. Porque, a soma dos valores genotípicos para duas ou mais características (índice aditivo), preditos por um modelo multivariado, deverá ser um bom índice de seleção, pois, as herdabilidades e as correlações existentes entre os caracteres já terão sido considerados na predição pelo modelo multivariado (RESENDE, 2007).

Entretanto, Mrode e Thompson (2005) chamam a atenção para duas desvantagens da análise multivariada que são: o alto custo em recursos computacionais, ou seja, uma análise multivariada de n características requer mais esforços que n análises individuais; e uma análise de múltiplas características requer confiáveis estimativas de correlações genéticas e fenotípicas entre estes caracteres e, isto pode não estar prontamente disponível.

Do exposto, pressupõe-se que estratégia de seleção E4 (índice aditivo dos valores genéticos aditivos individuais preditos para CE e PG pela análise multivariada) (Tabelas 2, 3 e 4) seja a melhor estratégia de seleção para qualquer intensidade de seleção, admitindo-se que, os parâmetros genéticos tenham sido bem estimados pelo modelo multivariado (MRODE; THOMPSON, 2005).

Observa-se pela Tabela 2, intensidade de seleção proporcional a 5% (seleção de 11 indivíduos), que a estratégia E1 (seleção individual com base no índice aditivo dos valores genotípicos preditos para CE e PG pela análise univariada) proporcionou uma coincidência de 80,9% entre os indivíduos selecionados com a estratégia E4. Esta alta coincidência provavelmente ocorreu em função da análise multivariada e univariadas serem equivalente na precisão das estimativas obtidas, em nível individual, corroborando com Viana et al. (2010a). Como consequência, os valores genotípicos estimados

Tabela 2. Índices de coincidência em nível individual (%) de diferentes estratégias de seleção (E) utilizando a abordagem REML/BLUP multi-caracteres e uni-caráter, representando a seleção de 11 plantas (intensidade de seleção proporcional a 5%)

	E2	E3	E4
E1	61,7	80,9	80,9
E2		80,9	42,6
E3			61,7

E1: Seleção individual com base no índice aditivo BLUPs uni-caráter; E2: Seleção individual com base no índice de RANKs BLUPs uni-caráter; E3: Seleção individual com base no índice Z' BLUPs uni-caráter; E4: Seleção individual com base no índice aditivo multivariado BLUPs multi-caracteres; RANKs: índice de seleção de Mulamba e Mock (1978); Aditivo: o índice de seleção de Williams (1962).

Tabela 3. Índices de coincidência em nível individual (%) de diferentes estratégias de seleção (E) utilizando a abordagem REML/BLUP multi-caracteres e uni-caráter, representando a seleção de 22 plantas (intensidade de seleção proporcional a 10%)

	E2	E3	E4
E1	64,6	74,7	94,9
E2		79,8	54,5
E3			74,7

E1: Seleção individual com base no índice aditivo BLUPs uni-caráter; E2: Seleção individual com base no índice de RANKs BLUPs uni-caráter; E3: Seleção individual com base no índice Z' BLUPs uni-caráter; E4: Seleção individual com base no índice aditivo multivariado BLUPs multi-caracteres; RANKs: índice de seleção de Mulamba e Mock (1978); Aditivo: o índice de seleção de Williams (1962).

Tabela 4. Índices de coincidência em nível individual (%) de diferentes estratégias de seleção (E) utilizando a abordagem REML/BLUP multi-caracteres e uni-caráter, representando a seleção de 33 plantas (intensidade de seleção proporcional a 15%)

	E1	E2	E3
E1	69,7	82,2	92,9
E2		82,2	60,8
E3			75,0

E1: Seleção individual com base no índice aditivo BLUPs uni-caráter; E2: Seleção individual com base no índice de RANKs BLUPs uni-caráter; E3: Seleção individual com base no índice Z' BLUPs uni-caráter; E4: Seleção individual com base no índice aditivo multivariado BLUPs multi-caracteres; RANKs: índice de seleção de Mulamba e Mock (1978); Aditivo: o índice de seleção de Williams (1962).

também foram próximos. Diminuindo-se a intensidade de seleção, pode-se observar um acréscimo na coincidência entre os indivíduos selecionados pelas estratégias E1 e E4. Para uma intensidade de seleção proporcional a 10%, a coincidência foi de 94,9% (Tabela 3) e para 15% essa coincidência foi de 92,9% (Tabela 4), ratificando a observação sobre a equivalência entre os procedimentos estatísticos, para a população em estudo no modelo individual.

No presente estudo, também se utilizou o índice obtido por meio do somatório das variáveis padronizadas (Z'). De acordo com Mendes, Ramalho e Abreu (2009) o índice de seleção criado (Z') possibilita selecionar populações segregantes superiores, considerando simultaneamente várias características. O uso da variável Z' se faz interessante na medida em que essa contempla todos os caracteres permitindo uma abordagem de análise mais simplificada no âmbito univariado. Isto, pois na construção do índice Z' não se leva em conta as covariâncias entre os caracteres.

Nota-se pela Tabela 2, intensidade de seleção proporcional a 5%, que E3 (seleção com base no índice Z') apresentou uma coincidência de 61,7% com E4. Na medida em que se reduziu a intensidade de seleção, a coincidência entre as estratégias aumentaram para 74,7% e 75% nas intensidades de seleção proporcionais a 10% e 15% respectivamente (Tabelas 3 e 4). A estratégia E3, também apresentou uma boa coincidência com as estratégias E1 e E2 (seleção individual com base no índice RANKs dos valores genotípicos preditos para CE e PG pela análise univariada) nas três intensidades de seleção (Tabelas 2, 3 e 4). A elevada coincidência entre as estratégias E1 e E4 pode ser explicada pela equivalência entre as análises multivariadas e univariadas em nível individual para CE e PG, respectivamente.

É esperado que a metodologia BLUP/REML multi-caracteres proporcione maiores ganhos em relação à metodologia BLUP/REML uni-caráter, pelas razões já relatadas. Percebe-se pela Tabela 5 que a estratégia

E1 proporcionou estimativas de ganhos com a seleção equivalentes a estratégia E4 em todas as intensidades de seleção praticadas em nível individual. O que vem ratificar novamente, a equivalência entre os procedimentos analíticos para a população em estudo em nível individual.

Verifica-se também pela Tabela 5, que a estratégia E2 (índice de RANKs univariado) ponderou mais a seleção para CE, ou seja, os ganhos para CE foram maiores em relação às estratégias E1 e E4, ao passo que o caráter PG foi penalizado. Observações estas, confirmadas pelas médias fenotípicas dos indivíduos selecionados (Tabela 5). No presente estudo, optou-se por não atribuir pesos econômicos nas diferentes estratégias de seleção avaliadas, entretanto é frequentemente relatado na literatura que o caráter CE deve ser priorizado, e como consequência alguns autores quando fazem a seleção para CE e PG, os mesmos costumam lançar mão dos índices de seleção, ponderados por pesos econômicos, atribuindo pesos maiores para CE (RANGEL et al., 2011; SANTOS et al., 2007).

Alguns autores têm relatado a superioridade do índice de Mulamba e Mock (1978) (índice de RANKs no presente trabalho), em proporcionar os maiores ganhos previstos com a seleção para CE e PG (RANGEL et al., 2011; SANTOS et al., 2007). Sendo assim, a estratégia E2 torna-se uma boa opção, porque a mesma priorizou a CE, contudo, ainda proporcionou elevados ganhos para PG sem a ponderação de pesos econômicos, observações estas confirmadas pelas médias fenotípicas dos indivíduos selecionados (Tabela 5).

Tabela 5. Estimativas das médias fenotípicas para os indivíduos selecionados e o ganho com a seleção, referentes aos caracteres capacidade de expansão (CE) e peso de grãos por planta (PG) na população UFLA-HJR ciclo 3 utilizando a abordagem REML/BLUP Multi-caracteres e Uni-caráter em nível individual, com diferentes estratégias e intensidade de seleção (IS)

IS		E1	E2	E3	E4
A	\bar{X}_{CE}	31,64	36,00	33,64	29,00
A	\bar{X}_{PG}	81,27	72,55	76,18	82,73
A	$GS_{(CE)}$	35,00	54,60		32,60
A	$GS_{(PG)}$	62,53	45,85		64,36
B	$\bar{\square}_{\square\square}$	31,59	35,05	32,86	30,91
B	$\bar{\square}_{\square\square}$	78,91	71,82	73,82	79,55
B	$GS_{(CE)}$	33,24	47,69		33,64
B	$GS_{(PG)}$	56,10	42,08		56,39
C	$\bar{\square}_{\square\square}$	31,27	34,21	32,30	30,91
C	$\bar{\square}_{\square\square}$	76,30	70,48	73,64	77,33
C	$GS_{(CE)}$	30,92	43,23		30,25
C	$GS_{(PG)}$	50,18	38,67		50,64

A: seleção de onze plantas (intensidade de seleção proporcional a 5%); B: seleção de vinte e duas plantas (intensidade de seleção proporcional a 10%); C: seleção de trinta e três plantas (intensidade de seleção proporcional a 5%); $\bar{\square}_{\square\square}$: média fenotípica da capacidade de expansão (ml. g⁻¹) dos indivíduos selecionados; $\bar{\square}_{\square\square}$: média fenotípica do peso de grãos (g/planta) dos indivíduos selecionados; $GS_{(CE)}$: ganho com a seleção para o caráter capacidade de expansão; $GS_{(PG)}$: ganho com a seleção para o caráter peso de grãos; E1: Seleção individual com base no índice aditivo BLUPs uni-caráter; E2: Seleção individual com base no índice de RANKs BLUPs uni-caráter; E3: Seleção individual com base no índice Z' BLUPs uni-caráter; E4: Seleção individual com base no índice aditivo multivariado BLUPs multi-caracteres; RANKs: índice de seleção de Mulamba e Mock (1978); Aditivo: o índice de seleção de Williams (1962).

4 CONCLUSÕES

A análise multivariada ao nível de progênes proporcionou melhores estimativas dos parâmetros genéticos em relação à univariada, principalmente para capacidade de expansão (CE).

Os procedimentos univariado e multivariado foram equivalentes na seleção de progênes com base nos índices aditivo multivariado, univariado e no índice Z' .

As estratégias de seleção E1 (seleção individual com base no índice aditivo dos valores genotípicos preditos para CE e PG pela análise univariada) e E3 (seleção individual com base no índice Z') foram as que apresentaram as maiores coincidências de indivíduos selecionados com a estratégia E4 (índice aditivo dos valores genotípicos preditos para CE e PG pela análise multivariada).

A estratégia E2 (Seleção individual com base no índice de RANKs BLUPs uni-caráter) foi a que proporcionou maiores ganhos para CE.

REFERÊNCIAS

- BERNARDO, R. **Breeding for quantitative traits in plants**. Woodbury: Stemma, 2002. 368 p.
- BUENO FILHO, J. S. S. **Modelos mistos na predição de valores genéticos aditivos em testes de progênies florestais**. 1997. 118 f. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", Piracicaba, 1997.
- DAROS, M. et al. Correlações entre caracteres agronômicos em dois ciclos de seleção recorrente em milho-pipoca. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 34, n. 5, p. 1389-1394, set./out. 2004a.
- FREITAS JÚNIOR, S. de P. et al. Genetic gains in popcorn by full-sib recurrent selection. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Londrina, v. 9, n. 1, p. 1-7, May 2009.
- GRANATE, M. J.; CRUZ, C. D.; PACHECO, C. A. P. Predição de ganho genético com diferentes índices de seleção no milho- pipoca CMS-43. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 37, n. 7, p. 101-108, jul. 2002.
- HAMBLIN, J. E.; ZIMMERMANN, M. J. de O. Breeding common bean for yield in mixtures. **Plant Breeding Reviews**, New York, v. 4, n. 8, p. 245-272, Aug. 1986.
- HENDERSON, C. R. **Applications of linear models in animal breeding**. Guelph: University of Guelph, 1984. 462 p.
- _____. Selection index and expected genetic advance. In: HANSON, W. D.; ROBISON, H. F. (Ed.). **Statistical genetics and plant breeding**. Washington: National Academy of Sciences, 1963. p. 141-163.
- HENDERSON, C. R.; QUAAS, R. L. Multiple trait evaluation using relatives records. **Journal of Animal Science**, Baltimore, v. 43, p. 1188-1197, 1976.
- KLINGENBERG, C. P.; LEAMY, L. J. Quantitative genetics of geometric shape in the mouse mandible. **Evolution**, Lancaster, v. 55, n. 11, p. 2342-2352, Nov./Dec. 2001.
- MATTA, F. P.; VIANA, J. M. S. Eficiências relativas de seleção entre e dentro de famílias de meios-irmãos em população de milho-pipoca. **Ciência e Agrotecnologia**, Lavras, v. 27, n. 3, p. 548-556, maio/jun. 2003.

_____. Testes de capacidade de expansão em programas de melhoramento de milho pipoca. **Scientia Agricola**, Piracicaba, v. 58, n. 4, p. 845-851, 2001.

MEYER, K. Estimating variances and covariances for multivariate animal models by restricted maximum likelihood. **Genetics Selection and Evolution**, Paris, v. 23, n. 1, p. 67-83, 1991.

MEYER, K.; THOMPSON, R. Sequential estimation of genetic and phenotypic parameters in multitrait mixed model analysis. **Journal of Dairy Science**, Baltimore, v. 69, n. 10, p. 2696-2703, Oct. 1986.

MENDES, F. F.; RAMALHO, M. A. P.; ABREU, A. de F. B. Índice de seleção para escolha de populações segregantes de feijoeiro-comum. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 44, n. 10, p. 1312-1318, out. 2009.

MRODE, R. A.; THOMPSON, R. **Linear models for the prediction of animal breeding values**. Wallingford: CABI, 2005. 344 p.

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**, Alexandria, v. 7, p. 40-51, 1978.

PACHECO, C. A. P. et al. Estimativas de parâmetros genéticos nas populações CMS-42 e CMS-43 de milho-pipoca. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 33, n. 12, p. 1995-2001, dez. 1998.

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

PIEPHO, H. P. et al. BLUP for phenotypic selection in plant breeding and variety testing. **Euphytica**, Wageningen, v. 161, n. 1/2, p. 209-228, May 2008.

POLLAK, E. J.; WERF, J. van der; QUAAS, R. L. Selection bias and multiple trait evaluation. **Journal of Dairy Science**, Champaign, v. 67, n. 7, p. 1590-1595, July 1984.

RAMALHO, M. A. P.; FERREIRA, D. F.; OLIVEIRA, A. C. **Experimentação em genética e melhoramento de plantas**. Lavras: UFLA, 2005. 322 p.

RAMALHO, M. A. P.; SANTOS, J. B. dos; ZIMMERMANN, M. J. O. **Genética quantitativa em plantas autógamas**: aplicações ao melhoramento do feijoeiro. Goiânia: UFG, 1993. 271 p.

RANGEL, R. M. et al. Análise biométrica de ganhos por seleção em população de milho pipoca de quinto ciclo de seleção recorrente. **Revista Ciência Agronômica**, Fortaleza, v. 42, n. 2, p. 473-481, abr./jun. 2011.

RESENDE, M. D. V. **Genética biométrica e estatística no melhoramento de plantas perenes**. Brasília: EMBRAPA Informação Tecnológica, 2002. 975 p.

_____. **Matemática e estatística na análise de experimentos e no melhoramento genético**. Colombo: EMBRAPA Florestas, 2007. 362 p.

SANTOS, J. F. et al. Genetic gain prediction of the third recurrent selection cycle in a popcorn population. **Acta Scientiarum Agronomy**, Maringá, v. 30, n. 5, p. 651-658, 2008.

_____. Predição de ganhos genéticos por índices de seleção na população de milho-pipoca unb-2u sob seleção recorrente. **Bragantia**, Campinas, v. 66, n. 3, p. 389-396, 2007.

SATTERTHWAITE, F. E. Na approximate distribution of estimates of variance components. **Biometrics Bulletin**, Washington, v. 2, p. 110-114, 1946.

STATISTICAL ANALYSIS SYSTEM INSTITUTE. **SAS/STAT user's guide**. Version 9. Cary, 2002. Software.

SCHAEFFER, L. R. Sire and cow evaluation under multiple traits model. **Journal of Dairy Science**, Champaign, v. 67, n. 7, p. 1567-1580, July 1984.

SERLE, S. R.; CASELA, G.; MCCULLOCH, C. E. **Variance components**. New York: J. Wiley, 1992. 492 p.

SCAPIM, C. A. et al. Componentes genéticos de médias e depressão por endogamia em populações de milho-pipoca. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 36, n. 1, p. 36-41, jan./fev. 2006.

THOMPSON, R.; MEYER, K. A review of theoretical aspects in the estimation of breeding values for multi-trait selection. **Livestock Production Science**, Amsterdam, v. 15, n. 4, p. 299-313, Nov. 1986.

VIANA, J. M. S. et al. BLUP for genetic evaluation of plants in non-inbred families of annual crops. **Euphytica**, Wageningen, v. 174, n. 9, p. 31-39, Dec. 2010a.

_____. Multi-trait BLUP in half-sib selection of annual crops. **Plant Breeding**, Berlin, v. 129, n. 6, p. 599-604, Dec. 2010b.

VIEIRA, R. A. et al. Agronomic performance of new popcorn hybrids in Northwestern Paraná State, Brazil. **Acta Scientiarum Agronomy**, Maringá, v. 31, n. 1, p. 29-36, Jan. 2009a.

_____. Heterotic parametrization for economically important traits in popcorn. **Acta Scientiarum Agronomy**, Maringá, v. 31, n. 3, p. 411-419, July/Sept. 2009b.

VILARINHO, A. A. et al. Eficiência da seleção de progênies S_1 e S_2 de milho pipoca visando à produção de linhagens. **Bragantia**, Campinas, v. 62, n. 1, p. 9-17, 2003.

WALDMANN, P.; ERICSSON, T. Comparison of REML and Gibbs sampling estimates of multi-trait genetic parameters in Scots pine. **Theoretical and Applied Genetics**, New York, v. 112, n. 8, p. 1441-1451, May 2006.

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