

**GANHOS GENÉTICOS NA POPULAÇÃO UENF-14 DE MILHO-  
PIPOCA SOB SELEÇÃO RECORRENTE**

**ISMAEL LOURENÇO DE JESUS FREITAS**

**UNIVERSIDADE ESTADUAL DO NORTE FLUMINENSE**

**DARCY RIBEIRO**

**CAMPOS DOS GOYTACAZES – RJ  
SETEMBRO – 2013**

# **GANHOS GENÉTICOS NA POPULAÇÃO UENF-14 DE MILHO- PIPOCA SOB SELEÇÃO RECORRENTE**

**ISMAEL LOURENÇO DE JESUS FREITAS**

Tese apresentada ao Centro de Ciências e  
Tecnologias Agropecuárias da Universidade  
Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro,  
como parte das exigências para obtenção do  
título de Doutor em Produção Vegetal.

Orientador: Prof. Antonio Teixeira do Amaral Júnior

CAMPOS DOS GOYTACAZES – RJ  
SETEMBRO – 2013

# **GANHOS GENÉTICOS NA POPULAÇÃO UENF-14 DE MILHO- PIPOCA SOB SELEÇÃO RECORRENTE**

**ISMAEL LOURENÇO DE JESUS FREITAS**

Tese apresentada ao Centro de Ciências e  
Tecnologias Agropecuárias da Universidade  
Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro,  
como parte das exigências para obtenção do  
título de Doutor em Produção Vegetal.

Aprovada em 16 de setembro de 2013

Comissão Examinadora

---

Prof. Alexandre Pio Viana (D.Sc., Produção Vegetal) – UENF

---

Prof. Geraldo Gravina (D.Sc., Produção Vegetal) – UENF

---

Prof. Juarez Ogliari (D.Sc., Produção Vegetal) – UFF

---

Prof. Antonio Teixeira do Amaral Júnior (D.Sc., Genética e Melhoramento) –  
UENF  
(Orientador)

## FICHA CATALOGRÁFICA

Preparada pela Biblioteca do CCTA / UENF 095/2013

Freitas, Ismael Lourenço de Jesus

Ganhos genéticos na população UENF-14 de milho pipoca sob seleção recorrente / Ismael Lourenço de Jesus Freitas. – 2013.  
59 f. : il.

Orientador: Antonio Teixeira do Amaral Júnior  
Tese (Doutorado - Produção Vegetal) – Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, Centro de Ciências e Tecnologias Agropecuárias. Campos dos Goytacazes, RJ, 2013.  
Bibliografia: f. 53 – 59.

1. *Zea mays* L. 2. Melhoramento genético vegetal 3. Índice recorrente 4. Modelos mistos I. Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro. Centro de Ciências e Tecnologias Agropecuárias. II. Título.

CDD – 633.15

*“Amo como ama o amor. Não conheço nenhuma outra razão  
para amar senão amar. Que queres que te diga, além de que te amo,  
se o que quero dizer-te é que te amo?”*  
(Fernando Pessoa)

*Dedicatória especial para o grande amor da minha vida: Minha esposa, Fatille*

*A Deus, pela vida e pela oportunidade de trabalhar em Agricultura;*

*Aos meus pais, Silvério de Paiva Freitas e Inês Helena de Jesus Freitas;*

*Aos meus irmãos, Silvério Júnior, Sílvio e Sílvia.*

*Dedico*

## AGRADECIMENTOS

A Deus, pelas bênçãos derramadas em todos os dias da minha vida;

Aos meus pais, Silvério de Paiva Freitas e Inês Helena de Jesus Freitas pelos princípios familiares e morais transmitidos ao longo da vida;

À minha esposa, Jalille Amim Altoé Freitas, pelo incentivo, companheirismo e pelo amor de todas as horas;

Aos meus irmãos e cônjuges, Silvério Júnior e Marcela, Sílvio e Flávia, Sílvia e Leonardo, pela amizade e incentivo a trilhar os caminhos que aqui me trouxeram;

À minha sobrinha e irmãzinha caçula Gabriela pela amizade e carinho, e pelo meu sobrinho Davi que está chegando para iluminar a vida de todos;

A toda a minha família;

Aos meus sogros José Eurico e Jane, pela amizade e confiança;

Ao orientador Prof. Antonio Teixeira do Amaral Júnior, pela amizade e por estar sempre disposto a escutar, discutir e contribuir e por me aceitar como seu orientado;

Aos amigos que conquistei durante o meu doutorado e ao longo da minha vida, pela afeição e pelas mãos sempre estendidas durante as diversas etapas do desenvolvimento deste trabalho;

Aos agora professores, Silvério Jr., Liliam e Leandro, pela amizade e ajuda intelectual, para a elaboração e concretização da tese;

Agradeço a Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, ao Programa de Pós-Graduação em Produção Vegetal e ao Laboratório LMGV, pela oportunidade de realização deste curso;

Aos professores das disciplinas cursadas;

Ao técnico Geraldo, por toda a ajuda prestada durante a condução do experimento;

Aos funcionários de campo;

Aos membros da banca, pela disponibilidade em nos auxiliar neste trabalho.

A contribuição de cada um foi especial e de grande valor para a realização deste trabalho e para minha formação pessoal e profissional.

Muito obrigado!

## SUMÁRIO

RESUMO .....	vii
ABSTRACT .....	ix
1. INTRODUÇÃO .....	1
2. REVISÃO DE LITERATURA .....	4
2.1. Milho-pipoca: Considerações Gerais.....	4
2.2. Aspectos Econômicos.....	6
2.3. Melhoramento do Milho-pipoca.....	8
2.4. Seleção Recorrente.....	10
2.5. Índices de Seleção e Aplicação no Melhoramento do Milho-pipoca.....	12
2.6. Utilização da Metodologia de modelos mistos para a obtenção da melhor predição linear não viesada (BLUP) dos efeitos genotípicos e o processo da máxima verossimilhança restrita (REML).....	15
3. TRABALHOS .....	17
3.1. Ganhos genéticos na população UENF-14 de milho-pipoca sob seleção recorrente.....	17
3.2. Avanço genético com diferentes índices de seleção e via REML/BLUP na população UENF-14 de milho-pipoca.....	31
4. RESUMO E CONCLUSÕES.....	51
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....	53

## RESUMO

FREITAS, Ismael Lourenço de Jesus, D.Sc., Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro. Setembro de 2013. Título: Avanço genético da população UENF-14 de milho-pipoca sob seleção recorrente. Orientador: Prof. Antonio Teixeira do Amaral Júnior.

Os objetivos desse trabalho foram avaliar famílias de irmãos completos do sétimo ciclo de seleção recorrente e estimar o progresso genético para rendimento de grãos e capacidade de expansão. Foram avaliadas oito características em 200 famílias de irmãos completos aleatorizadas em delineamento de blocos casualizados com arranjos em sets, em duas repetições em dois ambientes contrastantes: Campos dos Goytacazes e Itaocara, respectivamente Norte e Noroeste do Estado do Rio de Janeiro. Houve diferenças significativas para as famílias dentro de sets em todas as características avaliadas, indicando a existência de variabilidade genética a ser explorada em ciclos futuros. Ao comparar a evolução das médias obtidas para capacidade de expansão (CE) e rendimento de grãos (RG) nos ciclos C<sub>0</sub>, C<sub>1</sub>, C<sub>2</sub>, C<sub>3</sub>, C<sub>4</sub>, C<sub>5</sub>, C<sub>6</sub> e predito para C<sub>7</sub>, constataram-se aumentos efetivos para CE e RG. Entre os índices de seleção testados, o de Mulamba & Mock foi o que proporcionou os melhores resultados para a seleção das famílias de irmãos completos. Na seleção de progênies superiores, o índice de Mulamba e Mock proporcionou ganhos para

CE e RG, com valores de 5,11% e 7,78%, respectivamente, utilizando pesos econômicos aleatórios. A metodologia REML/BLUP se mostrou muito eficiente, selecionando famílias com desempenhos relativos elevados e com ganhos genéticos preditos melhores que os índices de seleção testados.

## ABSTRACT

FREITAS, Ismael Lourenço de Jesus, D.Sc., Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro. September 2013. Title: Advancement genetic population UENF-14 popcorn under recurrent selection. Advisor: Prof. Antonio Teixeira do Amaral Júnior.

The objectives of this study were to evaluate full-sib families of the seventh cycle of recurrent selection and estimate the genetic progress for yield and expandability. We assessed eight features in 200 full-sib families in a randomized block design with arrangements in sets in two replications in two contrasting environments: Fields of Campos dos Goytacazes and Itaocara respectively north and northwest part of the state of Rio de Janeiro. There were significant differences for families within sets in all evaluated characteristics indicating the existence of genetic variability to be explored in future cycles. By comparing the evolution of the means obtained for popping expansion (CE) and grain yield (RG) cycles C<sub>0</sub>, C<sub>1</sub>, C<sub>2</sub>, C<sub>3</sub>, C<sub>4</sub>, C<sub>5</sub>, C<sub>6</sub> and C<sub>7</sub> predicted to, contacted increases are effective for CE and RG. Among the selection indices tested, the Mulamba & Mock was what provided the best results for selection of full-sib families. In the selection of superior progenies, the index Mulamba and Mock provided gains for CE and RG, with values of 5.11% and 7.78%, respectively, using economic weights random. The methodology REML/BLUP was very

efficient, selecting families with high relative performance and genetic gains predicted that the best selection indices tested.

## 1. INTRODUÇÃO

O milho-pipoca é uma cultura de alto valor econômico e, atualmente, com o aprimoramento e popularização de máquinas elétricas e fornos de micro-ondas para o pipocamento, houve aumentos crescentes na produção e consumo deste alimento (Silva et al., 2013).

O plantio comercial de milho-pipoca era considerado modesto para atender ao consumo nacional; os grãos eram importados, sobretudo dos Estados Unidos da América e da Argentina (Freitas Júnior et al., 2009). Entretanto, mudanças no mercado têm ocorrido e com o uso em larga escala de híbridos nacionais e norte-americanos, a importação de grãos teve grande redução (Rangel et al., 2008).

De acordo com o Grupo de Coordenação de Estatísticas Agropecuárias (GCEA/IBGE, 2013), a produção de milho-pipoca em 2010 e 2011 foi de 43.403 e 44.475 toneladas, respectivamente, sendo que, em 2012, houve um aumento considerável de 50.498 toneladas, tendo uma produção total de 95.073. Essa produção concentra-se principalmente na região de Mato Grosso, onde as grandes empresas empacotadoras disponibilizam as sementes e garantem a compra da safra (Carvalho et al., 2013).

O único programa de melhoramento com a cultura no Estado do Rio de Janeiro é desenvolvido pela Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro (UENF) e teve início em 1998 (Pereira e Amaral Júnior, 2001). Com a parceria com pesquisadores da EMBRAPA - Milho e Sorgo, a Universidade

Estadual de Maringá (UEM) e a Universidade Federal de Viçosa (UFV). Atualmente, após a implementação de seis ciclos de seleção recorrente na população UNB-2U, ora designada UENF-14, foram obtidos acréscimos consideráveis nas principais características de importância econômica da cultura. Para capacidade de expansão houve evolução de 19,25 para 31,13 mL.g<sup>-1</sup> e para rendimento de grãos, de 1.699,44 para 2.987,84 kg.ha<sup>-1</sup> (Rangel et al., 2008; Freitas Júnior et al., 2009; Ribeiro et al., 2012), cujos valores estão em consonância como o recomendado para lançamento de cultivar superior (Pena et al., 2012).

O Programa de Melhoramento de Milho-pipoca da UENF tem como um dos seus objetivos disponibilizar aos agricultores das regiões Norte e Noroeste Fluminense a variedade UENF-14, que apresenta características desejáveis, sobretudo para rendimento de grãos e capacidade de expansão, que possa substituir população de ciclo anterior em avaliação por meio de ensaios de Valor de Uso e Cultivo (VCU) e, assim, proporcionar ainda maior rendimento por unidade de cultivo (Silva et al., 2013).

A seleção recorrente, o método adotado pelo programa de melhoramento de milho-pipoca da UENF, visam aumentar gradativamente a frequência de alelos desejáveis para uma característica quantitativa, por meio de repetidos ciclos de seleção, sem redução da variabilidade genética da população (Hallauer et al., 2010). Trata-se de uma importante estratégia para a recomendação de variedades (Ribeiro et al., 2012) e, como citado anteriormente, têm demonstrado eficiência em incrementar as principais características da cultura.

Assim, dando continuidade ao programa de melhoramento de milho-pipoca da UENF, desenvolveu-se a seguinte proposta, que tem como objetivos:

- a) Obter famílias de irmãos completos de populações derivadas do sexto ciclo de seleção (C<sub>6</sub>) de UENF-14;
- b) Estimar o progresso genético esperado, principalmente para produção de grãos e capacidade de expansão com a seleção de famílias de irmãos completos de populações derivadas do sexto ciclo de seleção (C<sub>6</sub>) de UENFV-EXPLOSIVA, utilizando-se índices de seleção e as metodologias REML/BLUP;

- c) Realizar a recombinação de 30 progênies de irmãos completos, para conclusão do sétimo ciclo (C<sub>7</sub>) de seleção recorrente da população UENF.

## 2. REVISÃO DE LITERATURA

### 2.1. Milho-pipoca: Considerações Gerais

Estudos feitos pela Universidade de Scranton, mostraram que a pipoca contém mais substâncias antioxidantes saudáveis chamados "polifenóis" do que frutas e legumes. Os polifenóis são mais concentrados na pipoca, que em média, possui apenas cerca de quatro por cento de água, enquanto que nas frutas e legumes, estes polifenóis são diluídos em 90% de água. É importante ressaltar que, a pipoca não pode substituir frutas e vegetais frescos em uma dieta saudável, pois elas contêm vitaminas e outros nutrientes que são essenciais para uma boa saúde. O estudo descobriu que a quantidade de polifenóis encontrado na pipoca foi de até 300 mg por porção em comparação com 114 mg para uma porção de milho doce e 160 mg para todas as frutas por porção. Além disso, uma porção de pipoca iria fornecer 13% da média de ingestão de polifenóis por dia por pessoa nos Estados Unidos. Frutas forneceriam 255 mg por dia de polifenóis e legumes forneceriam 218 mg por dia para a dieta média dos EUA (Times of India News, 2013).

Pipoca e outros cereais integrais, café e chocolate são particularmente bons para a saúde, pois eles contêm grandes quantidades de polifenóis antioxidantes, o que reduz o risco de problemas cardíacos e outras doenças (Krishnaswami e Raghuramulu, 1998). Os compostos fenólicos têm atividades

anti-inflamatórios, antialérgicos, anti-virais, antienvelhecimento e anticancerígeno (Singh, et al., 2009).

O milho-pipoca pertence à espécie *Zea mays* L. ssp. *mays*, à família Poaceae, subfamília Panicoideae, tribo Maydeae. Quando comparadas ao milho comum, as plantas das populações de milho-pipoca normalmente possuem porte menor, colmo mais fino e fraco, maior suscetibilidade a pragas e doenças, maior prolificidade, menor número de folhas e tamanho reduzido do grão (semente), que pode ser redondo, chato ou pontudo (Zinsly e Machado, 1987). Tais plantas possuem geralmente um sistema radicular fasciculado e superficial, o que lhes confere pouca tolerância à seca e maiores cuidados ao se fazer manejos como, por exemplo, a capina (Goodman e Smith, 1987). Contudo, o milho-pipoca é uma Poaceae que difere dos outros tipos de milho devido à sua capacidade de expandir (Zinsly e Machado, 1987; Paterniani e Campos, 1999).

A origem genética do milho-pipoca, assim como a do milho comum é objeto de hipóteses. De acordo com Bennetzen et al. (2001), a mais aceita é a de que o teosinte seja o ancestral do milho moderno. Existem evidências genéticas e citológicas que indicam que o milho e o teosinte são aparentados, apresentando mesmo número e homologia dos cromossomos, sendo que em cruzamentos entre o milho e um tipo de teosinte obtiveram-se híbridos férteis (Goodman e Smith, 1987).

Existem autores que afirmam que o milho-pipoca tenha tido como origem o milho comum do tipo “flint” (visto que o mesmo possui capacidade de estourar, mesmo que baixa). Já outros defendem que esta hipótese é pouco provável, pois o mais antigo exemplar de milho encontrado é o milho-pipoca, e que possivelmente a característica expansão seja poligênica (Zinsly e Machado, 1987). Sawazaki et al., (2003) citam estudos de retrocruzamento de progênie entre milho comum e milho-pipoca, onde o genitor recorrente milho-pipoca mostrou recuperação da capacidade de expansão, o que demonstra ser essa característica de herança simples.

A capacidade de expansão do milho-pipoca compreende a razão entre o volume de pipoca expandida e a massa inicial dos grãos submetidos ao pipocamento (Lira, 1983; Guadagnin, 1996). Esta característica, define a maciez e textura da pipoca, que conferem qualidade à mesma (Silva et al.,

2013). Weatherwax (1922) descreve o fenômeno do pipocamento como explosão provocada pela expansão, sob pressão, da umidade contida nos grânulos de amido, ocorrendo hidrólise da maioria do amido, perda de umidade contida e extinção de toda a estrutura celular do endosperma. As sementes de milho-pipoca, quando bem armazenadas, conservam sua capacidade de expansão por um período de 15 a 20 anos, porém seu poder de germinação é perdido após dois a três anos de armazenamento (Guadagnin, 1996).

No Brasil, há evidências de que a temperatura e a precipitação são os fatores que têm maior influência na produtividade da cultura. O milho-pipoca não deve ser plantado em locais e em épocas em que a temperatura mínima seja inferior a 10 °C e a máxima ultrapasse 40 °C. A temperatura ideal está em torno de 30 °C e, por ser uma cultura bastante exigente em água, é necessária uma precipitação total em torno de 600 mm, distribuída em períodos em que o teor de água disponível no solo para a planta seja inferior a 40%, para que não ocorra decréscimo na produção da cultura (Sawazaki et al., 2003).

O milho-pipoca apresenta crescimento, desenvolvimento e produção diferenciados nas diversas condições de ambiente. Porém, devido à falta de informações experimentais sobre práticas culturais para o milho-pipoca, as especificações são as usadas para o milho comum, quanto ao tipo de solo, à época de plantio, aos tratamentos culturais e à adubação (Freitas Júnior et al., 2009).

## 2.2. Aspectos Econômicos

A comercialização dos grãos de milho-pipoca é feita por peso, e uma porção do produto final é vendida pelo volume (pipoca). Por isso, a capacidade de expansão (CE) da pipoca, é um dos fatores mais importantes quando se faz referência à sua qualidade (Ribeiro et al., 2012). Pela norma de identidade e qualidade do Ministério da Agricultura e Abastecimento, uma cultivar comercial de milho-pipoca deve apresentar um valor de capacidade de expansão no mínimo de 15 mL g<sup>-1</sup>, pois, abaixo deste índice, a pipoca torna-se muito rígida além de sobraem muitos grãos sem estourar (Pacheco et al., 1996). Atualmente, há concordância entre melhoristas de milho-pipoca de que o valor mínimo de CE, para lançamento, é de 30 mL g<sup>-1</sup> (Matta e Viana, 2001; Sawazaki, 2001).

No passado recente, a cultura do milho-pipoca era considerada modesta e para atender ao consumo nacional, era necessário a importação de grãos, sobretudo dos Estados Unidos da América e da Argentina (Rangel et al., 2011). Entretanto, mudanças no mercado têm ocorrido. De acordo com Rangel et al. (2008), com o uso em larga escala de híbridos nacionais e norte-americanos, a importação de grãos teve uma grande redução.

Segundo o Grupo de Coordenação de Estatísticas Agropecuárias (GCEA/IBGE, 2013), a produção de milho-pipoca em 2010 e 2011 foi de 43.403 e 44.475 toneladas, respectivamente, sendo que, em 2012, houve um aumento considerável de 50.498 toneladas, tendo uma produção total de 95.073. Em 2013, foram cultivados 43.379 mil hectares e a previsão é produzir 171.111 mil toneladas de grãos. Em comparação com o ano anterior, a área plantada expandiu 64,58% e o volume colhido cresceu 67,39%, considerando que em 2012 foram ocupados 26.356 mil hectares com milho-pipoca e colhidas 102.221 mil toneladas, segundo informações do GCEA/IBGE (2013). Essa produção concentra-se principalmente na região de Mato Grosso, onde as grandes empresas empacotadoras disponibilizam as sementes e garantem a compra da safra (Carvalho et al., 2013).

Com relação ao potencial econômico do milho-pipoca, o valor de mercado deste tipo de grão é bem superior ao do milho comum. Com base em informações obtidas no AGRIANUAL (2012), no ano de 2011, o preço médio cobrado pela saca de 30 kg de milho-pipoca foi de R\$ 42,60, o que corresponde a mais que o dobro quando comparado com o preço do milho comum, em que o custo da saca de 60 kg foi de R\$ 40,00. Apesar disto, há carência de cultivares de milho-pipoca no mercado de cereais com características agrônomicas desejáveis, necessitando intensificar o lançamento de variedades e híbridos comerciais (Rangel et al., 2011).

O cultivo de milho-pipoca pode ser incentivado nas Regiões Norte e Noroeste Fluminense, como alternativa à diversificação das atividades agrícolas, visto que possui alto valor econômico por área e ainda poder se agregar valor ao produto final (Freitas Júnior et al., 2009). Cabe ressaltar que o Noroeste Fluminense é composto por 13 municípios e tem na agropecuária sua principal atividade econômica. Já a Região Norte Fluminense, composta por

nove municípios, é tradicionalmente caracterizada pela economia açucareira (Silva et al., 2013).

### 2.3. Melhoramento do Milho-pipoca

No melhoramento de milho-pipoca, além dos caracteres agronômicos requeridos pelos produtores, como a produtividade; aspectos apreciados pelos consumidores, tais como textura e maciez, definidos pela capacidade de expansão, devem ser observados (Santos et al., 2008; Rangel et al., 2008). Sendo assim, os principais objetivos do melhoramento do milho-pipoca são aumentar a qualidade da pipoca e, simultaneamente, a produção de grãos. Em seguida vêm as melhorias em relação à resistência a doenças e pragas, no tamanho da espiga e do grão, características relacionadas à produtividade. (Rangel et al., 2011; Ribeiro et al., 2012).

O melhoramento do milho-pipoca no Brasil teve seu início no Instituto Agrônomo de Campinas (IAC) em 1932 e em 1941 foi lançada a primeira variedade nacional, a qual se originou de ciclos de seleção massal na população base *South American Mushroom* (SAM), derivada de *South American*, proveniente dos EUA. Mas, somente 47 anos depois é que os trabalhos foram retomados no país, resultando no lançamento do híbrido simples modificado IAC-112, em 1988, proveniente da combinação de linhagens da variedade SAM com linhagens oriundas do híbrido intervarietal Guarani x UFV Amarelo. Além, do híbrido triplo Zélia, comercializado pela empresa Pioneer® (Rangel et al., 2008).

Linares (1987) cita que os programas de melhoramento de milho-pipoca mais antigos, resumiam-se basicamente na seleção de variedades de polinização aberta. As variedades de polinização aberta têm reconhecida importância na agricultura brasileira, favorecendo a inclusão do agricultor, sobretudo o menos capitalizado, no processo produtivo.

Até meados da década de 90, pouca atenção foi dada a cultura do milho-pipoca, de forma que pouco progresso foi obtido no melhoramento da cultura (Rangel et al., 2008). Contudo, esse cenário vem sendo alterado. Atualmente, instituições e Universidades públicas como a Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro (UENF), a Universidade Federal

de Viçosa (UFV), a Universidade Federal de Lavras (UFLA), Universidade Estadual de Maringá (UEM), Universidade Estadual de Londrina (UEL), Universidade Federal do Rio Grande do Sul (UFRS), Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz” (ESALQ), Instituto Agronômico de Campinas (IAC), e EMBRAPA Milho e Sorgo (CNPMS), têm mantido programas de melhoramento de milho-pipoca, visando diminuir a dependência de genótipos importados, principalmente da Argentina e Estados Unidos da América (Ribeiro et al., 2012).

A produção nacional tem sido obtida com sementes importadas de híbridos norte-americanos aqui registrados, e usadas por empresas empacotadoras, como a Yoki Alimentos S.A.<sup>©</sup>, que estabelece acesso restrito de uso aos produtores parceiros da empresa (Rangel et al., 2011). Como exemplares desses híbridos têm-se: P 608, P 608 HT, P 618, P 621, P 625, AP 22217 HT, AP 2501, P 226 HT, AP 8201, P 802, AP 6002, AP 6002, AP 8202 e AP 4505. Para se ter uma ideia do atraso do melhoramento de milho-pipoca em relação ao milho comum, para a safra 2002/03, estavam disponíveis no mercado 206 cultivares de milho, sendo que, desse total apenas duas eram de milho-pipoca (RS 20 e Zélia) (Freitas Júnior et al., 2009).

Tendo em vista esse fato, o lançamento de cultivares superiores tem-se mostrado necessário ao país. Zinsly e Machado (1987) relatam que todos os métodos aplicados para o melhoramento do milho comum podem, também, ser utilizados para o melhoramento do milho-pipoca, tendo-se o cuidado para com a correlação negativa entre a produtividade e a capacidade de expansão.

Todavia, considerando a população UNB-2U trabalhada pelo programa de melhoramento de milho-pipoca da UENF, verificou-se redução no rendimento de grãos quando implementado o segundo ciclo (C<sub>2</sub>) com famílias S<sub>1</sub> (Santos et al., 2007) tendo-se um indício de que esse procedimento não seria adequado para a cultura do milho-pipoca. No entanto, Vilela et al. (2008) constataram, por meio do uso de marcadores RAPD que não houve redução da variabilidade genética entre os ciclos C<sub>0</sub> (população-base proveniente de seleção massal) e C<sub>2</sub> (famílias S<sub>1</sub>), revelando que o uso de diferentes estratégias de seleção recorrente não promoveu estreitamento genético, em razão, sobretudo, do tamanho populacional selecionado nos ciclos.

Devido aos recursos disponíveis serem, na maioria das vezes, escassos, é desejável que um programa de melhoramento produza resultados rápidos e satisfatórios. Diante disso, a seleção entre famílias de irmãos completos é um dos métodos que tem proporcionado excelentes resultados, podendo ser utilizado no melhoramento de milho-pipoca (Faria et al., 2008).

#### 2.4. Seleção Recorrente

Segundo Hull (1945), seleção recorrente é um sistema designado a aumentar gradativamente a frequência de alelos favoráveis para uma característica quantitativa, através de repetidos ciclos de seleção, sem perdas da variabilidade genética da população. Três etapas compõem a seleção recorrente, sendo elas: desenvolvimento de progênies; avaliação das progênies e recombinação das mesmas. Estas são conduzidas de forma cíclica até que se atinjam níveis satisfatórios de frequência de alelos favoráveis na população (Hallauer et al., 2010).

Quando se deseja aumentar o ganho por ciclo, pode-se aplicar maior pressão de seleção, mediante a escolha de menor proporção de indivíduos ou famílias, para formação da nova geração. Esta estratégia, porém, pode produzir uma sensível redução da variabilidade genética, o que diminui a possibilidade de seleção em médio e longo prazo. Caso contrário, ou seja, se a seleção for 'branda', espera-se menor progresso por ciclo, mas garantem-se ganhos por períodos mais prolongados, pois não ocorre a exaustão da variabilidade genética nos primeiros ciclos (Hull, 1945).

Nos programas de seleção recorrente, normalmente são selecionados entre 10 a 30% das progênies avaliadas e, conseqüentemente, os efeitos da deriva genética podem ser pronunciados, o que pode limitar o melhoramento das populações e, também, reduzir a variabilidade genética, comprometendo futuros ciclos de seleção (Freitas Júnior et al., 2009; Ribeiro et al., 2012).

Resultados relatados na literatura, confirmam que o método tem sido utilizado e se mostrado eficiente no melhoramento de populações de milho comum e também para o milho-pipoca (Rangel et al., 2008; Freitas Júnior et al., 2009; Cunha et al., 2012; Ribeiro et al., 2012).

Experimentos realizados na Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro utilizando-se variedade de polinização aberta, UENF-14, originada de dois ciclos de seleção massal de UNB-2, em Campos dos Goytacazes, R.J, demonstram a eficiência do melhoramento de populações para o milho-pipoca (Pereira e Amaral Júnior, 2001). O primeiro ciclo de seleção recorrente na população UENF-14 C<sub>1</sub> foi implementado por Daros et al. (2002). Um total de 75 famílias de irmãos completos foram obtidas e avaliadas em dois ambientes (Campos dos Goytacazes e Itaocara, RJ), em experimentos em blocos ao acaso com duas repetições dentro de 'sets', em que foi predito progresso genético de 10,39% para capacidade de expansão e 4,69% para produção de grãos.

Daros et al. (2004a), dando continuidade ao programa de melhoramento, implementaram o segundo ciclo de seleção na população UENF-14, fazendo uso de 222 famílias endogâmicas S<sub>1</sub>. Foram selecionadas as famílias superiores com base no índice de seleção de Smith (1936) e Hazel (1943), que revelaram ganhos preditos de 26,95% para produção de grãos e de 17,80% para capacidade de expansão.

Por conseguinte, Santos et al. (2007) verificaram a possibilidade de ganhos genéticos de 7,16% para capacidade de expansão e 10,00% para produção de grãos, com o emprego do índice de Mulamba e Mock (1978), ao conduzirem o terceiro ciclo de seleção recorrente na população UENF-14 C<sub>3</sub> de milho-pipoca. Novamente foi detectada suficiente variabilidade genética a ser explorada em ciclos futuros. Neste ciclo foram obtidas e avaliadas 192 famílias de meios-irmãos.

O quarto ciclo de seleção recorrente na população UENF-14 C<sub>4</sub> foi conduzido por Freitas Júnior et al. (2009), em que foram utilizadas famílias de irmãos completos. Com base no índice de Mulamba e Mock (1978), os autores verificaram a possibilidade de progressos genéticos de 8,50% para capacidade de expansão e 10,55% para rendimento de grãos.

Rangel et al. (2011), na condução do quinto ciclo de seleção recorrente, obtiveram média das famílias avaliadas com magnitude de 26,27 mL g<sup>-1</sup> para a capacidade de expansão (CE) e de 2.569,70 kg ha<sup>-1</sup> para rendimento de grãos (RG), totalizando um ganho real de 4,83% e 7,34%, para CE e RG, respectivamente.

O sexto ciclo de seleção recorrente na população UENF-14 C<sub>6</sub> foi conduzido por Ribeiro et al. (2012), constataram que em RG ocorreu acréscimo de 71,76% de C<sub>0</sub> a C<sub>5</sub> e, para CE de 40,97%, os ganhos percentuais entre C<sub>0</sub> e a média predita em C<sub>6</sub> para RG e CE foram de 85,00% e 56,51%, respectivamente. Estes resultados ratificam o progresso genético da população UENF-14 de milho-pipoca.

## 2.5. Índices de Seleção e Aplicação no Melhoramento do Milho-pipoca

Variadas alternativas são representadas por diferentes índices de seleção nos programas de melhoramento, e conseqüentemente, de ganhos percentuais, dentre os mais utilizados estão: Smith e Hazel, Willians, Pesek e Baker, Mulamba e Mock. E cada uma dessas metodologias pode ser utilizada adotando-se um critério ou “peso” diferente para constituição do índice, como por exemplo, a herdabilidade, o coeficiente de variação genótipo, o índice de variação das características avaliadas, além de pesos econômicos atribuídos arbitrariamente (Cruz et al., 2004).

Os índices de seleção são uma ferramenta muito útil no melhoramento de culturas como o milho-pipoca. Conforme Cruz et al. (2004), tais índices constituem uma técnica multivariada que associa as informações relativas a vários caracteres de interesse agrônômico com as propriedades genéticas da população avaliada. Com os índices de seleção cria-se valor numérico, que funciona como caráter adicional, teórico, resultante da combinação de determinados caracteres selecionados pelo melhorista, sobre os quais se deseja proceder a seleção simultânea.

Os índices de seleção têm sido utilizados no Programa de Melhoramento de Milho-pipoca da UENF. Daros et al. (2004a) empregaram o índice de Smith (1936) e Hazel (1943), na seleção das famílias superiores de segundo ciclo. Este índice foi proposto nos programas de melhoramento de plantas como critério para selecionar, simultaneamente, duas ou mais características correlacionadas. Hazel (1943) adaptou esse procedimento ao melhoramento animal.

Santos et al. (2007) em continuação ao trabalho de Daros et al. (2004a), também empregaram o índice de Smith (1936) e Hazel (1943), além

dos índices de Williams (1962), Pesek e Baker (1969) e Mulamba e Mock (1978). De acordo com Santos et al. (2007), o índice de Mulamba e Mock (1978) permitiu a predição de ganhos em maior número de características, e quanto à capacidade de expansão e produção de grãos, proporcionou ganhos superiores aos demais índices.

O índice de Mulamba e Mock (1978) baseia-se em soma de “ranks” e consiste em classificar os materiais genotípicos em relação a cada um dos caracteres, em ordem favorável ao melhoramento. Uma vez classificados, são somadas as ordens de cada material genético referente a cada caráter, resultando em uma medida adicional tomada como índice de seleção (Cruz et al., 2004).

De acordo com Freitas Júnior et al. (2009), o uso de índices de seleção permitiu a obtenção de ganhos simultâneos para capacidade de expansão e rendimento de grãos na população UENF-14 de milho-pipoca. A seleção das 30 famílias superiores foi realizada com base no índice de Mulamba e Mock (1978) e produziu os maiores ganhos preditos, de 10,55% para capacidade de expansão e 8,50% para produção. Neste contexto, o índice de Mulamba e Mock (1978) foi o mais recomendado com base na seleção das 30 famílias de irmãos completos.

Com base no índice de Mulamba e Mock (1978), Rangel et al. (2011) obtiveram ganhos de 8,53% e 6,01% para rendimento de grãos e capacidade de expansão na avaliação de 200 famílias de irmãos completos do ciclo C<sub>5</sub> da população UENF-14.

Ribeiro et al. (2012) com o objetivo de selecionar progênies com elevado rendimento de grãos e capacidade de expansão no ciclo C<sub>6</sub> da população UENF-14, recomendaram o emprego do índice de Mulamba e Mock (1978) para a seleção de 30 progênies para melhoramento da população UENF-14.

O índice no qual os pesos econômicos relativos às várias características em estudo podem ser substituídos pelos “ganhos genéticos desejados” pelo melhorista para cada característica foi proposto por Pesek e Baker (1969). Por isso esta proposta de índice é considerada como índice com base nos ganhos desejados.

Utilizando o índice Pesek e Baker (1969), Freitas Junior et al. (2009), averiguaram ganhos simultâneos preditos de 7,99% para rendimento de grãos e 10,75% para capacidade de expansão, na avaliação de 200 famílias de irmãos completos do ciclo C<sub>4</sub> da população UENF-14. O desvio padrão genotípico foi utilizado como peso econômico.

Williams (1962) propôs um índice que dispensa as estimativas de variâncias e covariâncias fenotípicas e genotípicas. Deste modo, o índice é estabelecido pela combinação linear dos valores fenotípicos médios das características, as quais são ponderadas diretamente pelos seus respectivos pesos econômicos.

Em milho doce, Cardoso et al. (2003) com o objetivo de comparar ganhos genéticos preditos utilizando diferentes índices para a seleção simultânea de quatro características em três populações, constataram que os maiores ganhos foram preditos pelo índice de Williams (1962).

Para a indicação de cultivares de milho-pipoca, se considerado somente a produtividade de grãos pode ser rejeitada pelos agricultores, consumidores e até mesmo pela indústria, caso a capacidade de expansão não expresse um padrão mínimo de pipocamento, portanto, de nada adianta uma cultivar ser muito produtiva se ela apresenta, por exemplo, baixa capacidade de expansão, suscetibilidade ao acamamento, ao quebramento, a pragas e a doenças (Silva et al., 2013).

Neste contexto, para se obter materiais genéticos superiores, é necessário que o material selecionado possua uma série de atributos favoráveis que lhe confira rendimento comparativamente mais elevado e que satisfaça às exigências do consumidor. Segundo Cruz et al. (2004), a seleção com base em uma, ou em poucas características, tem-se mostrado inadequada, por conduzir a um produto final superior em relação às características selecionadas, mas com desempenho não favorável em relação às várias outras características consideradas.

## 2.6. Utilização da Metodologia de modelos mistos para a obtenção da melhor predição linear não viesada (BLUP) dos efeitos genotípicos e o processo da máxima verossimilhança restrita (REML)

No melhoramento de plantas, as técnicas de avaliação genética desempenham papel fundamental, pois permitem a predição dos valores genéticos aditivos e genotípicos da população a ser selecionada, propiciando uma escolha mais acurada (Silva et al., 2013a). A utilização de técnicas adequadas para a seleção permite a maximização dos ganhos que serão gerenciados mais eficientemente pelos programas de melhoramento. Assim, a utilização de metodologias que aumentem a acurácia do processo seletivo é de extrema importância (Laviola et al., 2010).

A predição de valores genéticos usando o BLUP, assume que os componentes de variância são conhecidos na população-base não selecionada (Pedrozo et al., 2009). Porém, na prática, não se conhecem os verdadeiros valores dos componentes de variância, que são estimados com o procedimento da máxima verossimilhança restrita (REML), que interagem nas equações de modelos mistos do procedimento BLUP (Rocha et al., 2006).

Estes procedimentos lidam naturalmente com o desbalanceamento, conduzindo a estimações e predições de parâmetros genéticos e valores genéticos, respectivamente. O procedimento BLUP maximiza a acurácia seletiva e, portanto, é superior ou, pelo menos, igual a qualquer outro método (Farias Neto et al., 2009).

Segundo Resende (2002), as principais vantagens práticas da metodologia REML/BLUP na estimação simultânea de parâmetros genéticos e predição de valores genéticos são as de permitir comparar indivíduos ou variedades através do tempo (gerações e anos) e espaço (locais e blocos); não exige dados obtidos sob estruturas rígidas de experimentação; permite a simultânea correção para os efeitos ambientais, estimação de componentes de variância e predição de valores genéticos; permite lidar com estruturas complexas de dados (medidas repetidas, diferentes anos, locais e delineamentos); pode ser aplicado a dados desbalanceados; permite utilizar simultaneamente grande número de informações, provenientes de diferentes gerações, locais e idades, gerando estimativas e predições mais precisas.

Como no melhoramento genético é comum o interesse em mais de uma característica, Bauer e Leon (2008) desenvolveram um trabalho de simulação que analisasse o mérito da seleção de linhas superiores baseado no BLUP multi-característico. Foram simuladas características com diferentes valores de herdabilidade e correlação. Maiores ganhos devidos à seleção foram observados para BLUP multi-característico em relação às análises que consideraram apenas uma característica, principalmente quando a correlação entre as duas características era negativa.

Com o objetivo de aplicar o método REML/BLUP em programas de melhoramento genético do cafeeiro, utilizando-o na estimação de parâmetros genéticos e predição de valores genotípicos, Rodrigues et al. (2013) demonstraram ser o método adequado à estimação de parâmetros genéticos e predição de valores genotípicos, podendo ser empregado rotineiramente no melhoramento do cafeeiro.

Dentre várias estatísticas, o procedimento REML/BLUP tem sido sugerido para uso na avaliação do potencial de genitores no melhoramento de plantas (Rodrigues et al., 2013). Barbosa et al. (2004) relataram pela primeira vez o emprego do método REML/BLUP na estimação dos componentes de variância e seleção de genitores e famílias de cana-de-açúcar no Brasil. Segundo estes autores, os componentes de média estimados via BLUP possibilitaram a seleção de famílias e de genitores superiores, especializados na produção de biomassa.

Arnhold et al. (2012) avaliando híbridos de milho-pipoca top-cross pela metodologia REML/BLUP, constataram que o modelo utilizado permitiu o ajuste adequado dos valores genéticos considerando a análise conjunta dos três ambientes. Por esta razão, foi possível identificar genótipos pipoca com melhor rendimento e capacidade de expansão. Em geral, os híbridos com maior rendimento de grãos não foram aqueles com maior capacidade de expansão.

### 3. TRABALHOS

#### 3.1. Ganhos genéticos na população UENF-14 de milho-pipoca sob seleção recorrente<sup>1</sup>

**RESUMO.** O programa de melhoramento de milho-pipoca da UENF tem como finalidade disponibilizar aos agricultores das Regiões Norte e Noroeste Fluminense cultivar com características agronômicas desejáveis, sobretudo para rendimento de grãos (RG) e capacidade de expansão (CE). Os objetivos desse trabalho foram avaliar famílias de irmãos completos do sétimo ciclo de seleção recorrente e estimar o progresso genético para rendimento de grãos e capacidade de expansão. Foram avaliadas oito características em 200 famílias de irmãos completos aleatorizadas em blocos com duas repetições dentro de *sets* em dois ambientes contrastantes: Campos dos Goytacazes e Itaocara, respectivamente Norte e Noroeste do Estado do Rio de Janeiro. Houve diferenças significativas para as famílias dentro de *sets* em todas as características avaliadas, indicando a existência de variabilidade genética a ser explorada em ciclos futuros. Na seleção de progênies superiores, o índice de Mulamba e Mock proporcionou ganhos para CE e RG, com percentuais de 5,11% e 7,78%, respectivamente, utilizando pesos econômicos aleatórios. Ao comparar a evolução das médias obtidas para CE e RG nos ciclos C<sub>0</sub>, C<sub>1</sub>, C<sub>2</sub>, C<sub>3</sub>, C<sub>4</sub>, C<sub>5</sub>, C<sub>6</sub> e predito para C<sub>7</sub>, constataram-se aumentos efetivos para CE e RG. Conclui-se pela oportunidade de disponibilizar aos produtores do Norte e Noroeste Fluminense, ciclo avançado da cultivar UENF-14 de milho-pipoca com superioridade genotípica para as principais características de interesse econômico.

**Palavras-chave:** *Zea mays* L.; melhoramento genético; índice de seleção; seleção recorrente

---

<sup>1</sup> Artigo submetido para publicação em 04/06/2013 e aceito para publicação em 01/07/2013 na “Genetics and Molecular Research (GMR)”.

**ABSTRACT.** The Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro (State University of North Fluminense "Darcy Ribeiro" – UENF) popcorn breeding program aims to provide farmers from the North Fluminense Region part of Rio de Janeiro State and the Northwest Fluminense Region part of Rio de Janeiro State a cultivar with desirable agronomic traits, particularly with respect to grain yield (GY) and popping expansion (PE). The aims of this study were to evaluate full-sib families from the seventh cycle of recurrent selection and estimate the genetic progress with respect to GY and PE. Eight traits were evaluated in 200 full-sib families that were randomized into blocks with two replicates per *sets* in two contrasting environments, Campos dos Goytacazes and Itaocara, North and Northwest Rio de Janeiro State, respectively. There were significant differences between *sets* in families with respect to all traits evaluated, which indicates the existence of genetic variability that may be explored in future cycles. Using random economic weights in the selection of superior progenies, the Mulamba and Mock index showed gains with respect to PE and GY of 5.11% and 7.78%, respectively. Significant PE and GY increases were found when comparing the evolution of mean values of these two parameters that were assessed at cycles C<sub>0</sub>, C<sub>1</sub>, C<sub>2</sub>, C<sub>3</sub>, C<sub>4</sub>, C<sub>5</sub>, C<sub>6</sub> and predicted for C<sub>7</sub>. Thus, an advanced-cycle UENF-14 popcorn cultivar with genotypic superiority for the main traits of economic interest might be made available to farmers from the North and Northwest Fluminense Regions part of Rio de Janeiro State, Brazil.

**Keywords:** *Zea mays* L.; genetic improvement; selection index; recurrent selection

## INTRODUÇÃO

Dentre os denominados “milhos especiais”, o milho-pipoca tem exercido influência positiva em setores da economia nacional. Considerado uma cultura de elevada rentabilidade, dentre os cereais, seu produto final possui grande aceitação popular e em muito movimentada a economia informal. Atualmente, em consequência do aprimoramento e da popularização de máquinas elétricas e fornos de micro-ondas para o pipocamento do milho, houve aumento crescente na fabricação e no consumo deste grão, sendo presença garantida nos mais diversos estabelecimentos comerciais do ramo de alimentos, seja nas grandes ou nas pequenas cidades do país (Moterle et al., 2011; Pena et al., 2012; Ribeiro et al., 2012; Vittorazzi et al., 2013).

No passado recente, a cultura do milho-pipoca era considerada modesta e para atender ao consumo nacional, era necessária a importação de grãos, sobretudo dos Estados Unidos da América e da Argentina (Freitas Júnior et al., 2009b). Entretanto, mudanças no mercado têm ocorrido e com o uso em larga escala de híbridos nacionais e norte-americanos, a importação de grãos teve grande redução (Rangel et al., 2008).

Com base em informações obtidas no AGRIANUAL (2012), no ano de 2011, o preço médio cobrado pela saca de 30 kg de milho-pipoca foi de R\$ 42,60, o que corresponde a mais que o dobro quando comparado com o preço do milho comum, em que o custo da saca de 60 kg foi de R\$ 40,00. Apesar disto, há carência de cultivares de milho-pipoca no mercado de cereais com características agrônômicas desejáveis, necessitando intensificar o lançamento de variedades e híbridos comerciais (Rangel et al., 2011).

A seleção recorrente, estratégia mais utilizada no melhoramento populacional em todo mundo, visa aumentar gradativamente a frequência de alelos favoráveis para características de interesse, por meio de repetidos ciclos de seleção, sem redução da variabilidade genética da população (Hallauer e Carena, 2009; Freitas Júnior et al.,

2009b; Hallauer et al., 2010). Trata-se de uma importante estratégia para a recomendação de variedades, que tem demonstrado eficiência em proporcionar ganhos genéticos para as principais características do milho-pipoca (Amaral Júnior et al., 2010).

O único programa de melhoramento com a cultura no Estado do Rio de Janeiro é desenvolvido pela Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro (UENF) e teve início em 1998 (Pereira e Amaral Júnior, 2001). Este programa atua em parceria com pesquisadores do país – EMBRAPA-Milho e Sorgo, Universidade Estadual de Maringá (UEM), Universidade Federal de Viçosa (UFV) – e do exterior – CIMMYT, no México e Universidade Estadual de Dakota do Norte, EUA. O programa tem como um dos seus objetivos disponibilizar aos agricultores das Regiões Norte e Noroeste Fluminense, cultivares de milho-pipoca com características agronômicas desejáveis, sobretudo para rendimento de grãos e capacidade de expansão (Ribeiro et al., 2012; Silva et al., 2013).

Atualmente, após a implementação de seis ciclos de seleção recorrente na população UNB-2U, ora designada UENF-14, foram obtidos acréscimos consideráveis nas principais características de importância econômica da cultura. Para capacidade de expansão houve evolução de 19,25 para 31,13 mL.g<sup>-1</sup> e para rendimento de grãos, de 1.699,44 para 2.987,84 kg.ha<sup>-1</sup> (Rangel et al., 2008; Freitas Júnior et al., 2009b; Ribeiro et al., 2012), cujos valores estão em consonância como o recomendado para lançamento de material superior (Pena et al., 2012).

Diante do exposto, implementou-se esta pesquisa, que teve como objetivo dar continuidade ao programa de seleção recorrente da UENF, com a avaliação de famílias de irmãos completos do sétimo ciclo de seleção e a estimação do progresso genético para rendimento de grãos e capacidade de expansão.

## **MATERIAL E MÉTODOS**

### **Origem da população UENF-14**

A variedade de polinização aberta UENF-14 refere-se ao ciclo C<sub>6</sub> de seleção recorrente em UNB-2U. UNB-2U, por sua vez, originou-se de dois ciclos de seleção massal de UNB-2, em Campos dos Goytacazes, RJ. A população UNB-2 adveio de seleção em um composto indígena doado a UNB, de Brasília, DF, pela ESALQ/USP. Deste procedimento obteve-se a população UNB-1, a qual foi cruzada com a variedade de milho-pipoca “Americana”. As progênies do referido cruzamento foram selecionadas e cruzadas com uma variedade de milho-pipoca de grãos amarelos e com resistência a *Exserohilum turcicum* (helmintosporiose). Decorridos dois ciclos de seleção massal a população obtida conferia resistência, produtividade superior e grãos amarelos. Após três retrocruzamentos com a variedade Americana, foi obtida a população UNB-2U, de polinização aberta (Pereira e Amaral Júnior, 2001).

### **Ambientes de instalação dos experimentos**

Os experimentos foram realizados em dois ambientes distintos, sendo o primeiro localizado no Colégio Estadual Agrícola Antônio Sarlo, no município de Campos dos Goytacazes, Região Norte do Estado do Rio de Janeiro. O clima da região é classificado como tropical chuvoso, com precipitação média anual de 1.023 mm, possui evapotranspiração potencial de 1.601 mm anuais e temperatura média anual de 23°C. O segundo ambiente, localizado na Estação Experimental da PESAGRO-Rio, na Ilha do Pomba, em Itaocara, Rio de Janeiro, Região Noroeste Fluminense, apresenta 60 m de altitude, temperatura média anual de 22,5°C e precipitação média anual de 1.041 mm. A distância entre as localidades é de 110 km.

### Obtenção de progênies e tratos culturais

O método utilizado foi a seleção recorrente entre famílias de irmãos completos. Para a obtenção das progênies de irmãos completos foram semeadas 300 linhas compostas da mistura das sementes recombinadas do sexto ciclo de seleção recorrente de UENF-14 no Colégio Estadual Agrícola Antônio Sarlo. Como espaçamento utilizaram-se linhas de 5,00 m de comprimento, espaçadas em 0,90 m, com 25 plantas distanciadas em 0,20 m uma da outra, com o uso de três sementes por cova, à profundidade de 0,05 m. Aos 21 dias após a emergência, realizou-se o desbaste, deixando uma planta de maior vigor por cova.

A adubação no plantio foi de 350 kg.ha<sup>-1</sup> de N-P-K, da formulação 04-14-08, e aos 30 dias após a emergência, realizou-se a adubação de cobertura com 60 kg.ha<sup>-1</sup> de nitrogênio, na forma de sulfato de amônio. Os tratos culturais foram realizados sempre que necessários, de acordo com as recomendações para a cultura (Silva et al., 2013).

### Avaliação e seleção entre progênies em ensaio de competição

Foram incluídas na avaliação das 200 famílias de irmãos completos para fins de comparação, as populações UENF-14-C<sub>0</sub>, UENF-14-C<sub>1</sub>, UENF-14-C<sub>2</sub>, UENF-14-C<sub>3</sub>, UENF-14-C<sub>4</sub>, UENF-14-C<sub>5</sub>, UENF-14-C<sub>6</sub> e o híbrido simples modificado IAC-112. Os plantios foram realizados em outubro de 2011 em Itaocara (Estação Experimental da PESAGRO-Rio, na Ilha do Pomba), e em Campos dos Goytacazes (Colégio Estadual Agrícola Antônio Sarlo), no delineamento de blocos casualizados com repetições dentro de 'sets'. Foram utilizados oito 'sets', com duas repetições, sendo que cada 'set' conteve 33 tratamentos, ou seja, 25 famílias de irmãos completos e oito testemunhas. As populações incluídas como testemunhas, têm como objetivo avaliar comparativamente os ciclos de seleção aplicados à população UENF-14.

O espaçamento utilizado foi linhas de 5,00 m de comprimento, espaçadas em 0,90 m, com 25 plantas distanciadas em 0,20 m uma da outra, semeando-se três sementes por cova, à profundidade de 0,05 m, sendo que, aos 21 dias após a emergência, foi realizado o desbaste, deixando-se uma planta por cova, totalizando uma população de 55.555 plantas por hectare. A adubação no plantio foi realizada de acordo com a análise de solo. A adubação de cobertura foi realizada 30 dias após o plantio. Os tratos culturais foram realizados conforme as necessidades da cultura.

As características avaliadas foram: altura média de plantas (AP) em cm; altura média de inserção da primeira espiga (AE) em cm; estande final (NP), expresso pelo número médio de plantas por fileira; tombamento (Tomb.), expresso pelo número de plantas acamadas e quebradas; diâmetro de colmo (diam.) em mm; prolificidade (Prolif.), que se refere ao número médio de espigas por planta; rendimento de grãos (RG) em kg.ha<sup>-1</sup>, e capacidade de expansão dos grãos (CE) em mL.g<sup>-1</sup>.

### Análise estatística

A análise de variância das características avaliadas foi realizada de acordo com o modelo estatístico  $Y_{ijkl} = \mu + A_i + S_j + AS_{ij} + R/AS_{ijk} + F/S_{jl} + AF/S_{ijl} + \xi_{ijkl}$ , em que  $\mu$  é a média,  $A_i$  é o efeito fixo do i-ésimo ambiente,  $S_j$  é o efeito do j-ésimo 'set',  $AS_{ij}$  é o efeito da interação entre ambientes e 'sets',  $R/AS_{ijk}$  é o efeito da k-ésima repetição dentro da interação entre o i-ésimo ambiente e o j-ésimo 'set',  $F/S_{jl}$  é o efeito aleatório do i-ésimo genótipo dentro do j-ésimo 'set',  $AF/S_{ijl}$  é o efeito da interação de ambientes e genótipos dentro do j-ésimo 'set', e  $\xi_{ijkl}$  é o erro experimental.

Com base no modelo proposto, para a análise de variância, empregou-se o Programa SAS<sup>®</sup> (SAS 9.1, SAS Institute, Cary, NC, USA).

### Componentes genéticos, fenotípicos e de ambiente

Para a estimação dos componentes de variância, utilizaram-se os seguintes estimadores:  $\sigma_g^2 = \frac{QMF/S - QMR}{er}$ , estimador da Variância Genotípica entre Famílias;  $\sigma_F^2 = \frac{QMF/S}{er}$ , estimador da Variância Fenotípica entre Famílias;  $h_x^2 = \frac{\sigma_g^2}{\sigma_F^2} = \frac{QMF/S - QMR}{QMF/S}$ , Herdabilidade com Base na Média de Famílias;  $I_V = \frac{CV_g}{CV_e}$ , Estimador do Índice de Variação.

### Índice de seleção de Mulamba e Mock (1978)

No índice de seleção foram utilizados como pesos econômicos: o desvio padrão genotípico, o coeficiente de variação genotípico, o índice de variação, a estimativa da herdabilidade e os pesos atribuídos por tentativas.

A seleção das progênes superiores com base em índices de seleção foi realizada empregando-se os recursos computacionais do programa Genes (Cruz et al., 2013).

Este índice consiste em classificar as famílias de irmãos completos em relação a cada uma das oito características avaliadas, em ordem favorável ao melhoramento. Desta classificação resulta uma medida adicional tomada como índice de seleção, dada pela soma das ordens de cada família referente a cada característica (Cruz et al., 2013).

## RESULTADOS E DISCUSSÃO

Pela análise de variância, foram verificadas diferenças significativas pelo teste F em 1 ou 5% de probabilidade, para todas as características avaliadas em relação à fonte de variação Ambiente (Tabela 1). Essa significância demonstra que os ambientes foram distintos para promoverem diferenças entre as características avaliadas. Esses resultados corroboram com os de Ribeiro et al. (2012) e Silva et al. (2013), que também ratificaram a representatividade dos municípios de Campos dos Goytacazes e Itaocara, no Norte e Noroeste Fluminense, respectivamente, como locais discrepantes para a avaliação de progênes em seleção recorrente.

No que se refere à fonte de variação ‘Set’, os quadrados médios foram significativos em 1% para todas as características, excetuando-se tombamento (Tomb.), que proporcionou significância em nível de 5% de probabilidade (Tabela 1). A significância para as características avaliadas demonstram a importância e a necessidade da utilização do delineamento em blocos casualizados com arranjo dos tratamentos em ‘sets’, sendo que a ausência desta fonte de variação poderia produzir variações que resultariam em perda de precisão dos experimentos (Rangel et al., 2011).

Na Tabela 1, no que tange à interação Ambiente “versus” ‘Set’ houve ausência de significância para altura média de plantas (AP), número médio de plantas (NP) e capacidade de expansão (CE). As demais características foram significativas em 1 ou 5% de probabilidade, o que está em consonância com os resultados de Santos et al. (2007), Freitas Júnior et al. (2009b), Rangel et al. (2011) e Ribeiro et al. (2012), confirmando que as famílias exibiram modificações fenotípicas impulsionadas pelas mudanças edafoclimáticas dos ambientes.

Pela fonte de variação Famílias dentro de ‘Set’ (F/S), foi possível verificar que a maioria das características avaliadas revelou significância em 1% para essa fonte de variação, com exceção de NP que expressou significância em 5% de probabilidade, demonstrando haver variabilidade genética a ser explorada em ciclos futuros, com consequentes progressos com a seleção. A implementação do sétimo ciclo de seleção recorrente entre famílias de irmãos completos na população UENF-14 de milho-pipoca

logrou êxito ao manter a variabilidade genética. Neste contexto, Santos et al. (2008), Freitas Júnior et al. (2009), Rangel et al. (2011) e Ribeiro et al. (2012), demonstraram que foi alcançado o objetivo de promover ganhos sucessivos na população UENF-14 sem perda da variabilidade genética.

Para a fonte de variação Ambiente “*versus*” Famílias dentro de ‘Set’, houve significância em nível de 1% de probabilidade para RG, ao passo que em 5% de significância foi detectada para AE. Para as demais características não foi observada significância em 5 ou 1% de probabilidade.

O conhecimento das estimativas dos parâmetros genéticos permite ao melhorista gerar informações de grande utilidade a respeito das diferentes características avaliadas na população com a qual se trabalha, orientando assim, quanto à estratégia mais apropriada de seleção e na predição de êxito em programas de melhoramento (Cruz e Carneiro, 2006; Cruz et al., 2012). Analisando a Tabela 1, constata-se a possibilidade de identificação de genótipos superiores para as características de maiores interesses econômicos, RG e CE, por apresentarem ampla variância genotípica ( $\sigma_g^2$ ), com estimativa de 118.848,77 para RG e de 7,3847 para CE e valores elevados de herdabilidade ( $h_x^2$ ), com percentuais de 45,80% e 70,76%, respectivamente, para RG e CE. Para essas características, métodos simples de seleção seriam suficientes para se obterem ganhos satisfatórios. Esta superioridade da herdabilidade para CE, em relação a RG era esperada ocorrer, o que está em concordância com os resultados obtidos por Pereira e Amaral Júnior (2001), usando o Delineamento I, na população-base (UENF-14-C<sub>0</sub>), Santos et al. (2007), trabalhando no terceiro ciclo de seleção recorrente de famílias de meios-irmãos (UENF-14-C<sub>3</sub>), e Freitas Júnior et al. (2009), Rangel et al. (2011) e Ribeiro et al. (2012), trabalhando com seleção recorrente de famílias de irmãos completos dos ciclos C<sub>4</sub>, C<sub>5</sub> e C<sub>6</sub>, respectivamente.

Estimativas do coeficiente de variação genético ( $CV_g$ ) permitem ao melhorista conhecer a grandeza relativa das mudanças que podem ser obtidas por meio de seleção, ao longo de um programa de melhoramento (Freitas Junior et al., 2009a). Pode-se observar na Tabela 1 que, de maneira geral, as características apresentaram elevados valores de  $CV_g$  destacando-se Tomb., RG, CE, o que indica boas chances de sucesso em programas de melhoramento que utilizem essa população, visando à seleção dessas características. Freitas Júnior et al. (2009), Rangel et al. (2011) e Ribeiro et al. (2012) trabalhando com a população UENF-14 de milho-pipoca, também obtiveram valores elevados para  $CV_g$  para as principais características econômicas, CE e RG.

Quanto à característica NP, em virtude da pequena estimativa de  $I_v$ , com valor de 0,1967, além da baixa magnitude de herdabilidade (Tabela 2), não são promissores os progressos genéticos por meio de métodos simples de melhoramento. Tal fato demonstra a importância da utilização da seleção recorrente como método de melhoramento. Para NP houve estimativa de variância residual superior à genotípica, mostrando se tratar de característica altamente influenciada pelo ambiente.

Na Tabela 2 há as estimativas dos ganhos percentuais pelo índice de Mulamba e Mock (1978) utilizando diferentes pesos econômicos para oito características avaliadas. O índice de Mulamba e Mock (1978) vem revelando bons resultados no programa de melhoramento de milho-pipoca da UENF, constituindo-se em ferramenta de importante auxílio no processo de seleção (Ribeiro et al., 2012).

Após sessenta tentativas de atribuição de pesos econômicos, chegou-se aos valores que possibilitaram melhores resultados, a saber: 14, 14, 2,5, 2,5, 20, 35, e 40, por proporcionarem os melhores ganhos percentuais no conjunto de características avaliadas (Tabela 2). Para RG e CE, as características de maior importância econômica

para o milho-pipoca, há perspectivas de ganhos percentuais de 7,78% e 5,11%, respectivamente (Tabela 2).

Quanto ao número de plantas acamadas e quebradas, o ganho percentual foi de -1,37% (Tabela 2), cuja magnitude negativa se torna interessante na seleção de plantas mais resistentes ao tombamento decorrente dos fortes ventos que ocorrem nas regiões Norte e Noroeste Fluminense.

Na comparação com os pesos econômicos, a utilização do desvio padrão genotípico (DPg) proporcionou o maior ganho percentual para rendimento de grãos, com estimativa de 16,02%. No entanto, para capacidade de expansão, o ganho percentual utilizando o desvio padrão genotípico foi de -1,68%, cuja estimativa negativa não é desejável. Ademais, ganhos não desejáveis ocorreram também para AP e AE, neste caso, positivos e superiores aos obtidos com os pesos arbitrários, o que favorece a maior altura da planta e da inserção da espiga e, por conseguinte, o tombamento.

O CVg, Iv e  $h^2$ , como pesos econômicos, proporcionaram as estimativas mais elevadas de ganhos para AP e AE, provavelmente em consequência de ganhos positivos para tombamento, o que não se constitui em boa opção para o programa de melhoramento do milho-pipoca da UENF. Ademais, estes pesos econômicos atribuídos por tentativa culminaram nas menores estimativas percentuais positivas de ganhos por seleção para CE (Tabela 2).

Conclui-se que os pesos econômicos atribuídos por tentativas foram os que proporcionaram ganhos melhor distribuídos em todas as características avaliadas e que o índice de Mulamba e Mock (1978) foi eficiente na estimativa dos ganhos percentuais preditos.

O índice de Mulamba e Mock (1978) forneceu também os melhores ganhos preditos para o terceiro ciclo de seleção recorrente na população UENF-14, conduzido por Santos et al. (2007), com estimativas de 10,00% e 7,16%, respectivamente, para RG e CE. Freitas Júnior et al. (2009a) inferiram ganhos de 8,50% para RG e 10,55% para CE para o quarto ciclo de seleção recorrente, optando, também, pela escolha do índice de Mulamba e Mock (1978). Rangel et al. (2011) concluíram que o referido índice proporcionou os maiores ganhos preditos para CE e RG (8,53 e 6,01%, respectivamente) na avaliação do ciclo C<sub>5</sub> de UENF-14. Na condução do sexto ciclo de seleção recorrente de UENF-14, Ribeiro et al. (2012) estimaram os maiores ganhos para CE e RG (10,97 e 15,30%, respectivamente) com o uso do índice de Mulamba e Mock (1978).

Arnhold e Viana (2007) também obtiveram sucesso com o uso do índice de Mulamba e Mock (1978) na seleção entre e dentro de famílias S<sub>4</sub> da população Beija-Flor de milho-pipoca. Estes resultados, somados aos obtidos por Santos et al. (2007), Freitas Júnior et al. (2009b), Amaral Júnior et al. (2010), Rangel et al. (2011) e Ribeiro et al. (2012) com a população UENF-14 constata-se a eficiência do índice de Mulamba e Mock (1978) na seleção das progênies superiores em programas de melhoramento com o milho-pipoca.

Ao se comparar a evolução das médias obtidas para CE e RG nos ciclos C<sub>0</sub>, C<sub>1</sub>, C<sub>2</sub>, C<sub>3</sub>, C<sub>4</sub>, C<sub>5</sub>, C<sub>6</sub> e predita para C<sub>7</sub>, observa-se que houve aumento contínuo tanto para CE quanto para RG, conforme Tabela 3. Este contínuo aumento também foi constatado por Freitas Júnior et al. (2009a), na consecução do ciclo C<sub>4</sub>, em que mesmo havendo mudança de estratégia de C<sub>3</sub> com famílias de meios-irmãos para famílias de irmãos completos em C<sub>4</sub>, os ganhos para rendimento de grãos e capacidade de expansão continuaram crescentes. Resultados semelhantes foram observados por Santos et al. (2007), em que os autores afirmaram que com a mudança da estratégia de seleção de famílias endogâmicas (S<sub>1</sub>), realizada por Daros et al. (2004) para seleção entre famílias

de meios-irmãos (Santos et al., 2007) os ganhos para capacidade de expansão continuaram satisfatórios, assim como o aumento no rendimento de grãos. Ribeiro et al. (2012) conduzindo o sexto ciclo de seleção recorrente da população UENF-14 também constataram aumento progressivo dos ganhos em relação aos ciclos anteriores para CE e RG.

Interessa notar na Figura 1 as discrepâncias de níveis entre os ganhos de seleção recorrente para rendimento de grãos considerando diferentes estratégias de seleção de progênies. Percebe-se que houve discrepâncias mais acentuadas entre os ciclos  $C_0$  e  $C_1$  (seleção massal *versus* irmãos completos),  $C_1$  e  $C_2$  (irmãos completos *versus* famílias endogâmicas  $S_1$ ) e  $C_3$  e  $C_4$  (meios-irmãos *versus* irmãos completos). Isto corrobora as maiores previsões de ganhos para famílias de irmãos completos e  $S_1$ , em contraposição aos ganhos possíveis com a seleção entre famílias de meios-irmãos, massal e massal estratificada, estimadas por Pereira e Amaral Júnior (2001) no início da consecução do programa de melhoramento de milho-pipoca da UENF.

Ainda, na Tabela 3, observa-se que os ganhos obtidos no ciclo  $C_6$  – 3.100,69 kg.ha<sup>-1</sup> para RG e 33,82 mL.g<sup>-1</sup> para CE – e os preditos para o ciclo  $C_7$  – 3.503,20 kg.ha<sup>-1</sup> para RG e 35,73 mL.g<sup>-1</sup> para CE – foram superiores aos da testemunha, o híbrido simples modificado IAC-112, cultivar já lançada no mercado pelo IAC, que teve rendimento de 3.082,27 kg.ha<sup>-1</sup> e capacidade de expansão de 31,32 mL.g<sup>-1</sup>. Esses resultados corroboram com os obtidos por Silva et al. (2013), que avaliaram três ciclos ( $C_3$ ,  $C_4$  e  $C_5$ ) da população UENF-14, além de cinco híbridos simples, cinco variedades (BRS Angela, UFVM-2 Barão de Viçosa, Viçosa, Beija-Flor e SAM) e três híbridos comerciais (Zélia, Jade e IAC-112) em cinco ambientes para averiguar o potencial para registro no MAPA e possível recomendação para os produtores no Norte e Noroeste do Estado do Rio de Janeiro. Os autores concluíram que a população UENF-14 foi promissora para as regiões avaliadas, superando o híbrido IAC-112, principalmente quanto ao rendimento de grãos. Isso se deve ao fato de que as progênies da população UENF-14 vêm sendo selecionadas por 14 anos em sucessivos ciclos de seleção recorrente no Norte e Noroeste Fluminense (Pereira e Amaral Júnior, 2001; Daros et al., 2002; Daros et al., 2004; Santos et al., 2007; Freitas Júnior et al., 2009a; Rangel et al., 2011; Ribeiro et al., 2012).

Isto posto, conclui-se que a recombinação das progênies selecionadas do ciclo  $C_6$  de UENF-14, possibilitará a disponibilização de cultivar mais produtiva e com maior capacidade de expansão para os produtores e consumidores do Norte e Noroeste Fluminense e que há, ainda, novas oportunidades de superação das atuais estimativas de rendimento e de expansão dos grãos em ciclos mais avançados do programa de seleção recorrente da UENF.

## REFERÊNCIAS

- AGRIANUAL (2012). Anuário da Agricultura Brasileira. FNP Consultoria e Comércio; Mendes e Scotini. Editora Argos, São Paulo.
- Amaral AT Jr, Freitas Júnior SP, Rangel RM, Pena GF, Ribeiro RM, Morais, R.C., Schuelter, A R . Improvement of a popcorn population using selection indexes from a fourth cycle of recurrent selection program carried out in two different environments. *Genetics and Molecular Research*, v. 9, p. 340-370, 2010.
- Arnhold E, Viana JMS (2007). Eficiência da seleção dentro de famílias  $S_4$  de milho-pipoca, visando à obtenção de linhagens. *Revista Ceres* 54:107-111.

- CEAGESP. Companhia de Entrepósitos e Armazéns Gerais de São Paulo. Disponível em [http://www.ceagesp.gov.br/comunicacao/arquivo/2012/junho/120612]. Acessado em 10 de março, 2013.
- Cruz CD (2006). Programa Genes: Biometria. Editora UFV, Viçosa.
- Cruz CD, Carneiro PCS (2006). Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético. Editora UFV, Viçosa.
- Cruz CD, Regazzi AJ, Carneiro PCS (2012). Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético. 3 st edn. Editora UFV, Viçosa.
- Daros M, Amaral AT Jr, Pereira MG (2002). Genetic gain for grain yield and popping expansion in full-sib recurrent selection in popcorn. *Crop Breeding and Applied Biotechnology* 2:339-344.
- Daros M, Amaral AT Jr, Pereira MG, Santos FS, et al. (2004). Correlações entre caracteres agronômicos em dois ciclos de seleção recorrente em milho-pipoca. *Ciência Rural* 34:1389-1394.
- Freitas Júnior SP, Amaral AT Jr, Rangel RM, Viana AP (2009a). Genetic gains in popcorn by full-sib recurrent selection. *Crop Breeding and Applied Biotechnology* 9:1-7.
- Freitas Júnior SP, Amaral AT Jr, Rangel RM, Viana AP (2009b). Predição de ganhos genéticos na população de milho-pipoca UNB-2U sob seleção recorrente utilizando-se diferentes índices de seleção. *Semina* 30:803-814.
- Hallauer AR, Carena MJ, (2009). Maize breeding. In: Handbook of plant breeding: cereals (Carena MJ, ed.). Springer, New York, 3-98.
- Hallauer AR, Miranda Filho JB, Carena MJ (2010). Quantitative genetics in maize breeding. Springer, New York.
- Mendes de Paula TO, Gonçalves LSA, Amaral AT Jr, Oliveira EC, et al. (2010). Magnitude of the genetic base of commercial popcorn and in recommendation in Brazil. *Crop Breeding and Applied Biotechnology* 10:289-297.
- Moterle LM, Lucca e Braccini A, Scapim CA, Pinto RJB, et al. (2011). Combining ability of popcorn lines for seed quality and agronomic traits. *Euphytica* 185:337-347.
- Mulamba NN and Mock JJ (1978). Improvement of yield potential of the Eto Blanco maize (*Zea mays* L.) population by breeding for plant traits. *Egyptian Journal of Genetics and Cytology* 7:40-51.
- Pena GF, Amaral AT Jr, Gonçalves LSA, Candido LS, et al. (2012). Stability and adaptability of popcorn genotypes in the State of Rio de Janeiro, Brazil. *Genetics and Molecular Research* 11:3042-3050.
- Pereira MG and Amaral AT Jr (2001). Estimation of genetic components in popcorn based on the nested design. *Crop Breeding and Applied Biotechnology* 1:3-10.
- Rangel RM, Amaral AT Jr, Gonçalves LSA, Freitas Júnior SP, et al. (2011). Análise biométrica de ganhos por seleção em população de milho-pipoca de quinto ciclo de seleção recorrente. *Revista Ciência Agronômica* 42:473-481.
- Rangel RM, Amaral AT Jr, Scapim CA, Freitas Júnior SP, et al. (2008). Genetic parameters in parents and hybrids of circulant diallel in popcorn. *Genetics and Molecular Research* 7:1020-1030.
- Ribeiro RM, Amaral AT Jr, Gonçalves LSA, Candido LS, et al. (2012). Genetic progress in the UNB-2U population of popcorn under recurrent selection in Rio de Janeiro. *Genetics and Molecular Research* 11:1417-1423.
- Santos FS, Amaral AT Jr, Freitas Júnior SP, Rangel RM, et al. (2007). Predição de ganhos genéticos por índices de seleção na população de milho-pipoca UNB-2U sob seleção recorrente. *Bragantia* 66:389-396.

- Santos FS, Amaral AT Jr, Freitas Júnior SP, Rangel RM, et al. (2008). Genetic gain prediction of the third recurrent selection cycle in a popcorn population. *Acta Scientiarum Agronomy* 30:651-655.
- Silva TRC, Amaral AT Jr, Gonçalves LSA, Candido LS, et al. (2013). Agronomic performance of popcorn genotypes in Northern and Northwestern Rio de Janeiro State. *Acta Scientiarum Agronomy* 35:57-63.
- Vitorazzi C, Amaral AT Jr, Gonçalves LSA, Candido LS, et al. (2013). Selecting pre-cultivars of popcorn maize based on nonparametric indices. *Revista Ciência Agronômica* 44:356-362.

**Tabela 1.** Quadrados médios, médias, coeficientes de variação experimental, parâmetros genéticos de oito características avaliadas em dois ambientes, em progênies do sétimo ciclo de seleção recorrente intrapopulacional de 200 famílias de irmãos completos em milho-pipoca. Campos dos Goytacazes e Itaocara, 2012.

FV	GL	QM <sup>1/</sup>							
		AP	AE	NP	Tomb.	Diam.	Prolif.	RG	CE
Ambiente (A)	1	23,748**	9,841**	922,932**	323,318**	13,369011*	8,663**	5318672,6*	165,358*
Set (S)	7	0,119**	0,067**	72,136**	2,795*	19,070**	0,357**	6071481,4**	68,942**
A x S	7	0,056 <sup>ns</sup>	0,053**	21,736 <sup>ns</sup>	1,792*	34,738**	0,216**	2706166,5**	1,072 <sup>ns</sup>
Rep (R) /A x S	16	0,266**	0,212**	35,379*	16,999**	63,713**	0,298**	8727955,9**	4,826 <sup>ns</sup>
Família (F)/ S	256	0,040**	0,021**	13,933*	0,862**	3,622**	0,076**	1037918,3**	41,747**
A x F/ S	256	0,019 <sup>ns</sup>	0,011*	11,068 <sup>ns</sup>	0,674 <sup>ns</sup>	2,365 <sup>ns</sup>	0,048 <sup>ns</sup>	691643,2**	12,621 <sup>ns</sup>
Resíduo	512	0,016	0,007	12,064	0,593	2,196	0,046	562523,2	12,207
Média		1,99	1,070	23,602	2,690	14,483	1,411	3074,782	32,68
Parâmetros genéticos									
$\sigma_g^2$	-	0,0058	0,0034	0,4671	0,0672	0,3563	0,0074	118848,77	7,3847
$\sigma_f^2$	-	0,0101	0,0053	3,4831	0,2155	0,9056	0,0191	259479,6	10,437
CV <sub>e</sub>	-	6,4800	8,1940	14,716	28,635	10,233	15,295	24,39200	10,689
CV <sub>g</sub>	-	3,8463	5,4347	2,8959	9,6338	4,1218	6,1088	11,21201	8,3144
I <sub>v</sub> (%)	-	0,5934	0,6631	0,1967	0,33643	0,4027	0,3993	0,459650	0,7778
$h_{xf}^2$	-	58,478	63,759	13,413	31,1643	39,356	38,947	45,80275	70,758

<sup>1/</sup> AP = altura média de planta em cm; AE = altura média de inserção da primeira espiga em cm; NP = estande final; Tomb. = Somatório do número de plantas acamadas e número de plantas quebradas; Diam = Diâmetro do colmo; RG = rendimento de grãos em kg.ha<sup>-1</sup>; e CE = capacidade de expansão em mL.g<sup>-1</sup>. <sup>ns</sup> = Não significativo em nível de 1% e 5% de probabilidade pelo teste F; \* = Significativo em nível de 5% de probabilidade; e \*\* = Significativo em nível de 1% de probabilidade.

**Tabela 2.** Estimativas de ganhos percentuais, por diferentes pesos econômicos<sup>1/</sup> para o índice de seleção de Mulamba e Mock, em oito características avaliadas em 200 famílias de irmãos completos, no sétimo ciclo de seleção recorrente na população UENF-14 de milho-pipoca. Campos dos Goytacazes e Itaocara, RJ. 2012.

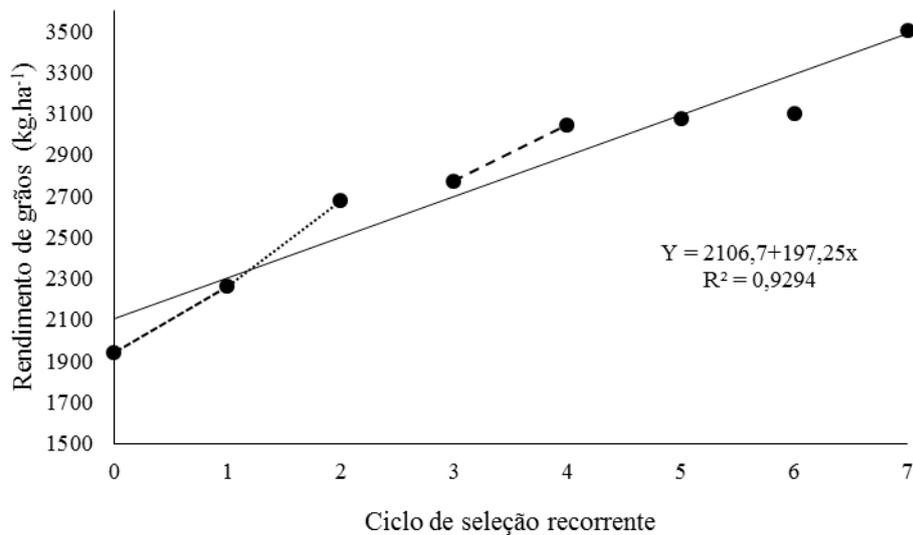
Características <sup>2/</sup>	Mulamba e Mock <sup>1/</sup>				
	DPg	CVg	Iv	h <sup>2</sup>	PT
AP	2,27	3,29	4,55	4,63	0,66
AE	3,28	4,41	6,7	6,49	0,32
NP	1,24	0,62	0,82	0,53	1,04
Tomb	-1,71	4,38	0,49	0,16	-1,37
Diam	1,54	2,8	3,56	3,69	1,32
Proli	2,65	4,53	4,64	4,55	3,24
RG	16,02	10,58	10,18	9,84	7,78
CE	-1,68	2,24	1,94	2,28	5,11

<sup>1/</sup>Pesos econômicos utilizados nos índices de seleção: DPg = desvio padrão genotípico; CVg = coeficiente de variação genotípico; Iv = índice de variação (relação CVg/Cve); h<sup>2</sup> = herdabilidade; e PT = pesos atribuídos por tentativas (14, 14, 2,5, 2,5, 2,5, 20, 35, 40). <sup>2/</sup>AP = altura média de planta, em cm; AE = altura média de inserção da primeira espiga, em cm; NP = estande final; Tomb. = Somatório do número de plantas acamadas e número de plantas quebradas; Diam = Diâmetro do colmo; RG = rendimento de grãos, em kg.ha<sup>-1</sup>; e CE = capacidade de expansão, em mL.g<sup>-1</sup>.

**Tabela 3.** Estimativas de médias de capacidade de expansão ( $\text{mL.g}^{-1}$ ) e rendimento de grãos ( $\text{kg.ha}^{-1}$ ) obtidas para os ciclos C<sub>0</sub>, C<sub>1</sub>, C<sub>2</sub>, C<sub>3</sub>, C<sub>4</sub>, C<sub>5</sub>, C<sub>6</sub> e previstas para C<sub>7</sub>, na população UENF-14 submetida à seleção recorrente intrapopulacional, afora testemunha IAC-112. Campos dos Goytacazes e Itaocara, 2012.

CICLO	ESTRATÉGIA DE SELEÇÃO	RG ( $\text{kg.ha}^{-1}$ )	CE ( $\text{mL.g}^{-1}$ )
C <sub>0</sub>	Massal	1941,67	25,06
C <sub>1</sub>	Irmãos completos	2264,24	29,02
C <sub>2</sub>	S <sub>1</sub>	2679,73	29,15
C <sub>3</sub>	Meios-irmãos	2769,66	29,46
C <sub>4</sub>	Irmãos completos	3043,27	29,73
C <sub>5</sub>	Irmãos completos	3073,93	32,27
C <sub>6</sub>	Irmãos completos	3100,69	33,82
C <sub>7</sub>	Irmãos completos	3503,20	35,73
TESTEMUNHA	ESTRUTURA GENÉTICA	RG ( $\text{kg.ha}^{-1}$ )	CE ( $\text{mL.g}^{-1}$ )
IAC-112	Híbrido Simples Modificado	3082,27	31,32

CE = capacidade de expansão, e RG = rendimento de grãos.



- Mudanças abruptas de nível do Ciclo 0 para o ciclo 1 (Seleção massal para irmãos completos)
- ..... Mudanças abruptas de nível do Ciclo 1 para o ciclo 2 (Seleção de irmãos completos para progênies endogâmicas S<sub>1</sub>)
- - - - Mudanças abruptas de nível do Ciclo 3 para o ciclo 4 (Seleção de meios-irmãos para irmãos completos)

**Figura 1** - Evolução das médias obtidas nos ciclos C<sub>0</sub>, C<sub>1</sub>, C<sub>2</sub>, C<sub>3</sub>, C<sub>4</sub>, C<sub>5</sub>, C<sub>6</sub> e predita em C<sub>7</sub> para a característica rendimento de grãos (Kg.ha<sup>-1</sup>).

### **3.2. Avanço genético com diferentes índices de seleção e via REML/BLUP na população UENF-14 de milho-pipoca<sup>2</sup>**

**Resumo** – O presente trabalho objetivou comparar os ganhos genéticos preditos para as características de interesse ao programa de melhoramento de milho-pipoca da UENF, utilizando-se de quatro métodos de índices de seleção e a metodologia REML/BLUP. Foram avaliadas 200 famílias de irmãos completos, em uma safra, em dois ambientes (Regiões Norte e Noroeste do estado do Rio de Janeiro), com duas repetições, totalizando 800 observações. As características avaliadas foram: altura média de plantas (AP); altura média de inserção da primeira espiga (AE); estande final (NP); tombamento (Tomb.); diâmetro de colmo (Diam.); prolificidade (Prolif.); rendimento de grãos (RG) e capacidade de expansão dos grãos (CE). Entre os índices de seleção testados, o de Mulamba & Mock é o que proporciona os melhores resultados para a seleção das famílias de irmãos completos. A metodologia REML/BLUP se mostra muito eficiente, selecionando famílias com desempenhos relativos elevados e com ganhos genéticos preditos melhores que os índices de seleção testados.

**Termos de indexação:** *Zea mays* L., modelos mistos, seleção recorrente.

---

<sup>2</sup> Artigo submetido para publicação em 06/09/2013 na “Pesquisa Agropecuária Brasileira (PAB)”.

**Genetic progress with different selection indices and via REML/BLUP  
population UENF-14 popcorn**

**Abstract** – This study aimed to compare the predicted genetic gains for the characteristics of interest to the breeding program of popcorn UENF, using four methods of selection indexes and methodology REML/BLUP. We evaluated 200 full-sib families in one season, in two locations (North and Northwest of the State of Rio de Janeiro) with two replications, totaling 800 observations. The characteristics evaluated were: plant height (AP), average height, first ear (AE) final stand (NP); tipping (Tomb.), stem diameter (Diam.), prolificacy (Prolif.); grain yield (RG) and popping expansion (CE). Among the indices tested to Mulamba & Mock was what provided the best results for selection of full-sib families. The methodology REML/BLUP proved very efficient, selecting families with high relative performance and genetic gains predicted that the best selection indices tested.

**Index terms:** *Zea mays* L., mixed models, recurrent selection

**Introdução**

Considerado uma cultura de elevada rentabilidade dentre os denominados “milhos especiais”, o milho-pipoca tem em seu produto final, grande aceitação popular, exercendo influência positiva em setores da economia nacional. No entanto, seu plantio comercial é modesto (Moterle et al., 2011; Pena et al., 2012; Ribeiro et al., 2012; Vittorazzi et al., 2013).

De acordo com Freitas Júnior et al. (2009), para atender ao consumo nacional de milho-pipoca era necessária a importação de grãos, sobretudo dos Estados Unidos da América e da Argentina. Entretanto, mudanças no mercado têm ocorrido, e com o uso em larga escala de híbridos nacionais e norte-americanos, a importação de grãos teve grande redução (Rangel et al., 2008).

Em 2013, foram cultivados 43.379 mil hectares e a previsão é produzir 171.111 mil toneladas do grão. Em comparação com o ano anterior, a área plantada expandiu 64,58% e o

volume colhido cresceu 67,39%, considerando que em 2012 foram ocupados 26.356 mil hectares com milho-pipoca e colhidas 102.221 mil toneladas, segundo informações do Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística (GCEA/IBGE, 2013). Apesar disto, há carência de cultivares de milho-pipoca no mercado de cereais com características agronômicas desejáveis, necessitando intensificar o lançamento de variedades e híbridos comerciais (Rangel et al., 2011).

A Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro (UENF) vem desenvolvendo com pioneirismo no Estado do Rio de Janeiro o programa de melhoramento genético do milho-pipoca. Desde 1998 o programa é conduzido com êxito, obtendo ganhos genéticos expressivos para a cultura. As estratégias do programa de melhoramento da UENF recaem principalmente sobre a melhoria das duas principais características da cultura, rendimento de grãos ( $\text{kg}\cdot\text{ha}^{-1}$ ) e capacidade de expansão ( $\text{mL}\cdot\text{g}^{-1}$ ), tendo como objetivo final a disponibilização de cultivares melhoradas para os pequenos e médios produtores da Região Norte e Noroeste Fluminense (Ribeiro et al., 2012; Silva et al., 2013).

Em milho-pipoca, a correlação negativa entre as duas principais características de valor econômico – capacidade de expansão e produtividade de grãos – dificulta a seleção de genótipos de interesse para o melhoramento e torna necessário o emprego de procedimentos genético-estatísticos que permitam minimizar, ou mesmo tornar inócuos os efeitos deletérios da resposta correlacionada (Daros et al., 2004). Para tanto, os índices de seleção são procedimentos indispensáveis, pois permitem obter ganhos simultâneos mesmo para características com efeitos adversos, que podem ter origem na ligação gênica ou na pleiotropia (Rangel et al., 2011).

Os índices de seleção permitem gerar um agregado genotípico sobre o qual se exerce a seleção, funcionando como caráter adicional, resultante da combinação de determinadas características escolhidas pelo melhorista, nas quais se deseja exercer a seleção simultânea,

permitindo separar genótipos superiores, independente da existência ou não de correlações entre características (Vilarinho et al., 2003; Cruz & Regazzi, 2004; Amaral et al., 2010).

Realizar inferências sobre genótipos em fase de lançamento de cultivares é um processo delicado, pois tais deduções devem recair sobre os verdadeiros valores genotípicos, ou seja, baseados em médias genéticas e não fenotípicas (Borges et al., 2010). Segundo Resende (2002), a estruturação dos procedimentos de seleção, os quais são responsáveis pelo sucesso dos programas de melhoramento genético, baseia-se na estimação dos componentes de variância e predição dos valores genéticos visando à avaliação genética dos candidatos à seleção. Uma alternativa muito utilizada atualmente e com grande acurácia do processo seletivo, é o emprego de componentes de variância estimados por máxima verossimilhança restrita (REML - Restricted Maximum Likelihood) e valores genéticos ou genotípicos preditos pelo melhor preditor linear não viciado (BLUP - Best Linear Unbiased Prediction) (Rodrigues et al., 2013). Esta metodologia ainda é pouco utilizada em plantas anuais, e que tem demonstrado grande potencial para progressos genéticos de maior magnitude.

Pelo exposto, o presente trabalho objetiva comparar os ganhos genéticos preditos para as características de interesse ao programa de melhoramento de milho-pipoca da UENF, utilizando-se de quatro métodos de índices de seleção e a metodologia REML/BLUP, para identificar o índice e ou a metodologia mais adequada à fidedigna composição de 30 famílias de irmãos completos superiores da população UENF-14 a ser submetida a novo ciclo de seleção recorrente, de modo que promova o efetivo aumento da concentração de alelos favoráveis na população.

### **Material e Métodos**

O método utilizado foi a seleção recorrente entre famílias de irmãos completos. Para a obtenção das progênies de irmãos completos, foram semeadas 200 linhas compostas da mistura das sementes recombinadas do sexto ciclo de seleção recorrente de UENF-14, no

Colégio Estadual Agrícola Antônio Sarlo, situado no município de Campos dos Goytacazes-Rio de Janeiro. Como espaçamento utilizou-se linhas de 5,00 m de comprimento, espaçadas em 0,90 m, com 25 plantas distanciadas em 0,20 m uma da outra, com o uso de três sementes por cova, à profundidade de 0,05 m. Aos 21 dias após a emergência, realizou-se o desbaste, deixando uma planta por cova.

Os plantios para o teste de progênes, foram realizados em outubro de 2011 em Itaocara (Estação Experimental da PESAGRO-Rio, na Ilha do Pomba) e em Campos dos Goytacazes (Colégio Estadual Agrícola Antônio Sarlo), no delineamento em blocos casualizados com repetições dentro de ‘sets’. Foram utilizados oito ‘sets’, com duas repetições, sendo que cada ‘set’ conteve 25 famílias de irmãos completos. O espaçamento utilizado foi linhas de 5,00 m de comprimento, espaçadas em 0,90 m, com 25 plantas distanciadas em 0,20 m uma da outra, semeando-se três sementes por cova, à profundidade de 0,05 m. Aos 21 dias após a emergência, foi realizado o desbaste, deixando-se uma planta por cova, totalizando uma população de 55.555 plantas por hectare. Os tratos culturais foram realizados sempre que necessários, de acordo com as recomendações para a cultura (Silva et al., 2013).

Foram testados diferentes índices de seleção – de Pesek & Baker (1969), Smith (1936) & Hazel (1943), Mulamba & Mock (1978) e Williams (1962) – para seleção das 30 famílias superiores. Nas análises computacionais, foram combinados pesos econômicos atribuídos por tentativas para cada característica analisada. A seleção das progênes superiores com base em índices de seleção foi realizada empregando-se os recursos computacionais do programa Genes (Cruz et al., 2013).

Metodologia REML/BLUP - As avaliações fenotípicas foram trabalhadas com o software Selegen-REML/BLUP, utilizando-se o procedimento BLUP individual e o modelo 148. O modelo estatístico utilizado foi:  $Y = Xr + Zg + Wp + Ti + e$ , em que “Y” é o vetor de

valores fenotípicos; “r” é o vetor dos efeitos de repetição (assumidos como fixos) somados à média geral; “g” é o vetor de valores genotípicos individuais (assumidos como aleatórios); “p” é o vetor dos efeitos de parcela (assumidos como aleatórios); “i” é o vetor dos efeitos da interação genótipo x ambiente (aleatórios) e “e” é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios). As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos. O vetor “r” contempla todas as repetições de todos os locais (ajusta as combinações repetição-local). Nesse caso, esse vetor contempla os efeitos de locais e de repetição dentro de locais.

Os valores genéticos de cada família foram obtidos somando-se cada efeito genotípico (g) à média geral do experimento (u). O ganho genético equivale à média dos vetores dos efeitos genéticos preditos para as famílias selecionadas. A média geral somada ao ganho genético resulta na média da população melhorada. O desempenho relativo (DR) de cada família foi obtido pela relação entre as médias da população melhorada de cada família e a média da família de maior valor genético.

Índice de Coincidência – Foi obtido pela relação entre o dobro do número de famílias em que ambos os índices de seleção coincidem e a soma do número total de famílias que contém o índice de seleção “A” mais o número total de famílias que contém o índice de seleção “B” (Pedrozo et al., 2009).

As características avaliadas foram: altura média de plantas (AP) em cm; altura média de inserção da primeira espiga (AE) em cm; estande final (NP), expresso pelo número médio de plantas por fileira; tombamento (Tomb.), expresso pelo número de plantas acamadas e quebradas; diâmetro de colmo (Diam.) em mm; prolificidade (Prolif.), que se refere ao número médio de espigas por planta; rendimento de grãos (RG) em  $\text{kg}\cdot\text{ha}^{-1}$ , e capacidade de expansão dos grãos (CE) em  $\text{mL}\cdot\text{g}^{-1}$ .

## Resultados e Discussão

A tabela 1 contém as estimativas dos ganhos percentuais preditos para os índices de seleção de Pesek & Baker, Smith & Hazel, Mulamba & Mock e Willians, utilizando pesos econômicos atribuídos por tentativas (14, 14, 2.5, 2.5, 2.5, 20, 35, 40) e a metodologia REML/BLUP, sendo a seleção praticada nas características AP; AE; NP; Tomb; Diam; RG e CE.

O procedimento de Pesek & Baker, exposto na tabela 1, resultou em ganhos indesejáveis para AP e AE de 2,1 e 2,95% respectivamente, o que sugere sê-lo não indicado, pois plantas com porte maiores e com espigas mais altas dificultam a colheita, além de serem mais susceptíveis ao quebramento e acamamento, em Regiões como as do Norte e Noroeste Fluminense, que apresentam elevada incidência de ventos.

Por sua vez, os resultados obtidos com o índice de Smith & Hazel apresentaram apenas para rendimento de grãos os ganhos genéticos preditos elevados, tendo como valor médio 7,4%. Embora tenham ocorrido ganhos positivos para CE, estes foram de baixa magnitude (2,19%). As diferenças entre as magnitudes de ganhos genéticos preditos para RG e CE pelo índice de Smith & Hazel por diferentes pesos econômicos, também foram constatadas por Santos et al. (2008), Freitas Júnior et al. (2009), Rangel et al. (2011), em ciclos anteriores desta população em estudo. Todavia, esses resultados não implicam afirmar que o índice de Smith & Hazel não seja adequado para a seleção de progênies na referida população. Gabriel et al. (2011), também utilizaram o índice de Smith & Hazel em programa de seleção recorrente em famílias de irmãos completos em milho comum e obtiveram ganhos para rendimento de grãos de 14,26 %.

Ainda na tabela 1, avaliando-se as características AP e AE, pelo índice de Mulamba & Mock, nota-se que estas características apresentaram ganhos de baixa magnitude, de 0,66 e 0,32%, respectivamente, o que é desejável, pois plantas de porte alto e com espigas mais

elevadas tendem ao tombamento, característica a qual apresentou ganhos negativos de -1,71%, o que é interessante na confecção de uma população ou seja, é importante se ter uma população de menor número de plantas quebradas, acamadas e apresentar porte baixo.

No que se refere ao índice de seleção de Williams, houve obtenção de ganhos nas características AP e AE, o que sugere sê-lo não indicado para seleção, pois o ganho destas características não é desejável, já que a Região Norte e Noroeste Fluminense são propícias a altas velocidades dos ventos, tornando-as mais susceptíveis ao quebramento e acamamento (Tabela 1).

De acordo com a metodologia REML/BLUP, ao avaliar as características AP e AE, nota-se que esta apresentou ganhos de baixa magnitude, de 0,69 e 0,92%, respectivamente, o que é desejável. A característica Tomb. apresentou ganhos de baixa magnitude, de 1,81%. Além disso, houve incremento significativo no ganho de Diam., de 13,39%, o que é interessante, pois implica em ter uma população de menor número de plantas quebradas e acamadas (Tabela 1).

No melhoramento do milho-pipoca, as principais características de interesse são a capacidade de expansão e o rendimento de grãos (Silva et al., 2013). Ao se comparar os índices de seleção com relação a RG e CE, nota-se que apesar da correlação negativa entre essas duas características, houve ganho para todos os índices testados, com exceção do índice de seleção de Williams, o qual obteve ganho de 16,02% de RG, porém, para CE houve ganho negativo de -1,68% (Figura 1). Ao analisar a viabilidade do uso do índice de seleção de Williams em milho-pipoca, Granate et al. (2002) concluíram que o mesmo não permitiu a obtenção de estimativas de ganhos preditos simultâneos nas características de interesse RG e CE, corroborando com os dados do presente trabalho.

Os ganhos percentuais preditos para o índice de seleção de Mulamba & Mock, proporcionaram valores simultâneos mais elevados para RG e CE, sendo de 7,78 % 5,11 %,

respectivamente (Figura 1). Nota-se que estas famílias apresentaram elevada média para capacidade de expansão e rendimento de grãos. Entre os índices testados o de Mulamba & Mock foi o que proporcionou os melhores resultados para a seleção das famílias de irmãos completos, não apenas por proporcionar ganhos satisfatórios para CE e RG, mas também por revelar ganhos negativos para características indesejáveis ao melhoramento do milho-pipoca.

As diferenças entre as magnitudes de ganhos genéticos preditos para RG e CE pelo índice de Mulamba & Mock, por diferentes pesos econômicos, também foram constatadas por Santos et al. (2008); Freitas Júnior et al. (2009); Rangel et al. (2011) e Ribeiro et al. (2012) em ciclos anteriores da população UENF-14. Esses resultados implicam afirmar que o índice de Mulamba & Mock, seja adequado para a seleção de progênies na referida população.

Ainda na figura 1, pode-se destacar a melhoria simultânea das características CE e RG no que se refere à metodologia REML/BLUP. Nota-se elevado valor tanto para RG quanto para CE, de 33,06 e 13,08%, respectivamente, sendo superior a todos os índices de seleção testados. Ao comparar com o índice de seleção de Mulamba & Mock, observa-se diferença de ganho de 25,28% para RG e de 7,95% para CE, sendo 4,26 vezes mais ganhos para RG e 2,56 vezes mais ganhos para CE. Esta diferença pode ser explicada pelo fato da metodologia REML/BLUP utilizar como vetor de soluções os efeitos genotípicos preditos e ganhos de seleção para cada família, corrigindo os valores para os efeitos ambientais e predizendo de maneira precisa e não viciada os valores genotípicos, conduzindo à maximização do ganho genético com seleção (Resende & Sturion, 2001; Rodrigues et al., 2013).

Arnhold et al. (2012) avaliando híbridos de milho-pipoca pela metodologia de REML/BLUP, constataram que foi possível identificar genótipos de milho-pipoca com melhor rendimento de grãos e capacidade de expansão.

Na tabela 2 encontram-se os coeficientes de coincidência das 30 famílias de irmãos completos selecionadas por meio dos índices de seleção, de Pesek & Baker, de Smith & Hazel, de Mulamba & Mock, Williams e a metodologia REML/BLUP, para as características RG e CE.

Considerando apenas as coincidências entre os índices de seleção, estes coeficientes foram em geral baixos, com exceção dos coeficientes encontrados entre os índices Pesek & Baker e Mulamba & Mock os quais, apresentaram o valor de 1, ou seja, as 30 famílias selecionadas foram as mesmas tanto para CE quanto para RG (Tabela 2). De acordo com Pedrozo et al. (2009), quanto maior o coeficiente de coincidência entre dois índices de seleção, maior será a concordância dos resultados de seleção entre eles.

Ao se comparar os índices de seleção e a metodologia REML/BLUP, os maiores coeficientes de coincidência de progênies selecionadas foram obtidos para o índice de Williams de 0,97% para RG, enquanto que para CE este índice foi de 0,06% (Tabela 2). Tal resultado pode ser explicado pelo fato da metodologia REML/BLUP utilizar como vetor de soluções os efeitos genotípicos preditos e ganhos de seleção para cada indivíduo, selecionando grupos diferentes para RG e CE, comprovando a correlação negativa entre estas características. Já o índice de Williams, não requer estimativas dos parâmetros genotípicos e fenotípicos e utiliza os valores econômicos relativos como coeficientes do índice, fazendo a seleção através das características simultâneas (Gioia et al., 2007).

No que se refere à metodologia REML/BLUP, as estimativas da média geral ( $\mu$ ) do experimento, obtidas para RG e CE, foram  $3.072,86 \text{ kg}\cdot\text{ha}^{-1}$  e  $33,16 \text{ mL}\cdot\text{g}^{-1}$ , respectivamente. Já as estimativas da herdabilidade individual no sentido restrito ( $h^2$ ), obtidas ignorando-se a fração (1/4) da variância genética de dominância, foram 0,52 para RG e 0,60 para CE (dados não apresentados). As elevadas estimativas do coeficiente de herdabilidade evidenciaram bom

controle genético na expressão dos caracteres e indicam elevado potencial para seleção dentro do experimento, com boas perspectivas de avanço genético.

Na tabela 3 encontra-se o ranking das 30 famílias superiores, os valores genotípicos ( $u+g$ ) e a nova média predita (BLUP) para as duas características avaliadas. Os resultados demonstraram que o desempenho relativo (DR) das famílias foi de alta magnitude, com todas as 30 famílias selecionadas apresentando estimativas acima de 80% tanto para RG quanto para CE, o que evidencia a acurácia seletiva da metodologia REML/BLUP.

A metodologia REML/BLUP se mostrou muito eficiente, selecionando famílias com desempenhos relativos elevados e com ganhos genéticos preditos promissores para a cultura do milho-pipoca. Porém, em geral, as famílias com maior rendimento de grãos não foram aquelas com maior capacidade de expansão (Tabela 3), corroborando com os dados de Arnhold et al. (2006), os quais mencionaram que a associação negativa entre capacidade de expansão e rendimento de grãos, interferiu com a obtenção de ganhos de seleção simultânea quando se refere às duas características RG e CE na melhoria da população. Do ponto de vista genético, este fenômeno indica que ambas as características podem ser controladas por genes distintos (Pena et al., 2012).

### **Conclusões**

1. Entre os quatro índices de seleção testados, o de Mulamba & Mock, apresenta os melhores resultados para a seleção das famílias de irmãos completos na população UENF-14 de milho-pipoca;
2. Os ganhos genéticos preditos para a metodologia REML/BLUP são melhores que os apresentados pelos índices de seleção;
3. A metodologia REML/BLUP é eficiente para seleção de famílias de irmãos completos na população UENF-14 de milho-pipoca;

4. As famílias selecionadas com maior rendimento de grãos não são as mesmas selecionadas com maior capacidade de expansão para a metodologia REML/BLUP.

### **Agradecimentos**

A Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro (UENF), por tornar possível a concretização do experimento; ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq), pelo suporte financeiro.

### **Referências**

AMARAL AT JR; FREITAS JÚNIOR SP; RANGEL RM; PENA GF; RIBEIRO RM; MORAIS, R.C.; SCHUELTER, A R . Improvement of a popcorn population using selection indexes from a fourth cycle of recurrent selection program carried out in two different environments. **Genetics and Molecular Research**, v.9, p.340-370, 2010.

ARNHOLD, E.; MORA, F.; DEITOS, A. Correlaciones genéticas en familias S 4 de maíz (Zea mays). **Ciencia e investigación agraria**, v.33, n.2, p.25-131. 2006.

ARNHOLD, E.; MORA, F.; SILVA, R. G.; GOOD-GOD, P. I.; RODOVALHO, M. A. Evaluation of top-cross popcorn hybrids using mixed linear model methodology. **Chilean Journal of Agricultural Research**, v.69, p.46-53, 2012.

BORGES, V.; FERREIRA P.V.; SOARES L.; SANTOS G.M.; SANTOS A.M.M. Seleção de clones de batata-doce pelo procedimento REML/BLUP. **Acta Scientiarum. Agronomy**, v.32, n.4, p.643-649, 2010.

CRUZ C.D.; REGAZZI A.J.; CARNEIRO P.C.S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 3 st edn. Editora UFV, Viçosa, 2012.

CRUZ, C.D. **Programa Genes: Versão Windows; aplicativo computacional em genética e estatística**. Viçosa: Ed. UFV, 2006. 390p.

CRUZ, C.D.; REGAZZI, A.J.; CARNEIRO, P.C.S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 3. ed. Viçosa: Editora UFV, v.1, 2004. 480 p.

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

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

GABRIEL, A.P.C.; BERILLI, A.P.C.G.; PEREIRA, M.G.; GONCALVES, L.S.A.; CUNHA, K.S.; RAMOS, H.C.; SOUZA FILHO, G.A.; AMARAL, A.T.JR. Use of molecular markers in reciprocal recurrent selection of maize increases heterosis effects. **Genetics and Molecular Research**, v.10, p.2589-2596, 2011.

GIOIA, D.R.L.; RIBOLDI, J.; FERNANDEZ, D.W. Melhoramento Genético de Plantas Forrageiras. BAG. **Journal of Basic and Applied Genetics**, v. 10, p. 18-21, 2007.

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

Grupo de Coordenação de Estatísticas Agropecuárias - GCEA/IBGE, Diretoria de Pesquisas, Coordenação de Agropecuária, Levantamento Sistemático da Produção Agrícola, 2013.

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

MOTERLE, L.M.; LUCCA E BRACCINI, A.; SCAPIM, C.A.; PINTO, R.J.B.; GONÇALVES, L.S.A.; RODRIGUES, R.; AMARAL JR, A.T. Combining ability of popcorn lines for seed quality and agronomic traits. **Euphytica**, v.185, p.337-347, 2011.

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

PEDROZO, C.A.; BENITES, F.R.G.; BARBOSA, M.H.P.; RESENDE, M.D.V., SILVA, F.L. Eficiência de índices de seleção utilizando a metodologia REML/BLUP no melhoramento da cana-de-açúcar. **Scientia Agraria**, v.10, n.1, p.031-036, 2009.

PENA, G.F.; AMARAL A.T. JR.; GONÇALVES, L.S.A.; CANDIDO, L.S.; VITTORAZZI, C.; RIBEIRO, R.M.; FREITAS JR, S.P. Stability and adaptability of popcorn genotypes in the State of Rio de Janeiro, Brazil. **Genetics and Molecular Research**, v.11, p.3042-3050, 2012.

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

PEŠEK, J.; BAKER, R. J. Desired improvement in relation to selection indices. **Canadian Journal of Plant Science**, v.49, n.6, p.803-804, 1969.

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

RANGEL, R.M.; AMARAL, A.T.JR.; SCAPIM, C.A.; FREITAS JÚNIOR, S.P.; PEREIRA, M.G. Genetic parameters in parents and hybrids of circulant diallel in popcorn. **Genetics and Molecular Research**, v.7, p.1020-1030, 2008.

RESENDE, M.D.V.; STURION, J.A. Análise genética de dados com dependência espacial e temporal no melhoramento de plantas perenes via modelos geo-estatísticos e de séries temporais empregando REML/BLUP ao nível individual. **Colombo, Embrapa Florestas**, 80p, 2001.

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

RODRIGUES, W.P.; VIEIRA<sup>1</sup>, H.D.; BARBOSA, D.H.S.G.; SOUZA FILHO, G.R.; CANDIDO, L.S. Adaptability and genotypic stability of *Coffea arabica* genotypes based on REML/BLUP analysis in Rio de Janeiro State, Brazil. **Genetics and Molecular Research**, v.12, n.3, p. 2391-2399, 2013.

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

SILVA, T.R.C.; AMARAL, A.T.JR.; GONÇALVES, L.S.A.; CANDIDO, L.S.; VITORAZZI, C.; SCAPIM, C.A. Agronomic performance of popcorn genotypes in Northern and Northwestern Rio de Janeiro State. **Acta Scientiarum Agronomy**, v.35, p.57-63, 2013.

SMITH, H.F. A discriminant function for plant selection. **Annals of Eugenics**, v.7, n.3, p.240-250, 1936.

VILARINHO, A.A.; VIANA, J.M.S.; SANTOS, J.F.; CÂMARA, T.M.M. Eficiência da seleção de progênies S1 e S2 de milho-pipoca, visando à produção de linhagens. **Bragantia**, v.6, n.1, p.9-17, 2003.

VITORAZZI, C.; AMARAL, A.T.JR.; GONÇALVES, L.S.A.; CANDIDO, L.S.; SILVA, T.R.C. Selecting pre-cultivars of popcorn maize based on nonparametric indices. **Revista Ciência Agronômica**, v.44, p.356-362, 2013.

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

**Tabela 1.** Estimativas dos ganhos percentuais, com base no diferencial de seleção, por seleção simultânea em oito características no sétimo ciclo de seleção recorrente intrapopulacional em famílias de irmãos completos em milho-pipoca.

Características Avaliadas <sup>1/</sup>	Índices de seleção				
	Pesek & Baker	Smith & Hazel	Mulamba & Mock	Willians	REML/BLUP
AP	2,1	2,03	0,66	2,27	0,69
AE	2,95	2,79	0,32	3,28	0,92
NP	0,77	0,58	1,04	1,24	8,70
Tomb	-2,97	-3,21	-1,37	-1,71	1,81
Diam	1,17	1,24	1,32	1,54	13,39
Proli	1,59	1,11	3,24	2,65	17,41
RG	3,33	2,19	7,78	16,02	33,06
CE	7,33	7,4	5,11	-1,68	13,08

<sup>1/</sup>AP = altura média de planta, em cm; AE = altura média de inserção da primeira espiga, em cm; NP = estande final; Tomb. = Somatório do número de plantas acamadas e número de plantas quebradas; Diam = Diâmetro do colmo; RG = rendimento de grãos, em kg.ha<sup>-1</sup>; e CE = capacidade de expansão, em mL.g<sup>-1</sup>.

**Tabela 2.** Coeficientes de coincidência das famílias selecionadas considerando os índices de seleção e a metodologia REML/BLUP para as características rendimento de grãos e capacidade de expansão para 30 famílias selecionadas da populações UENF-14 de milho-pipoca.

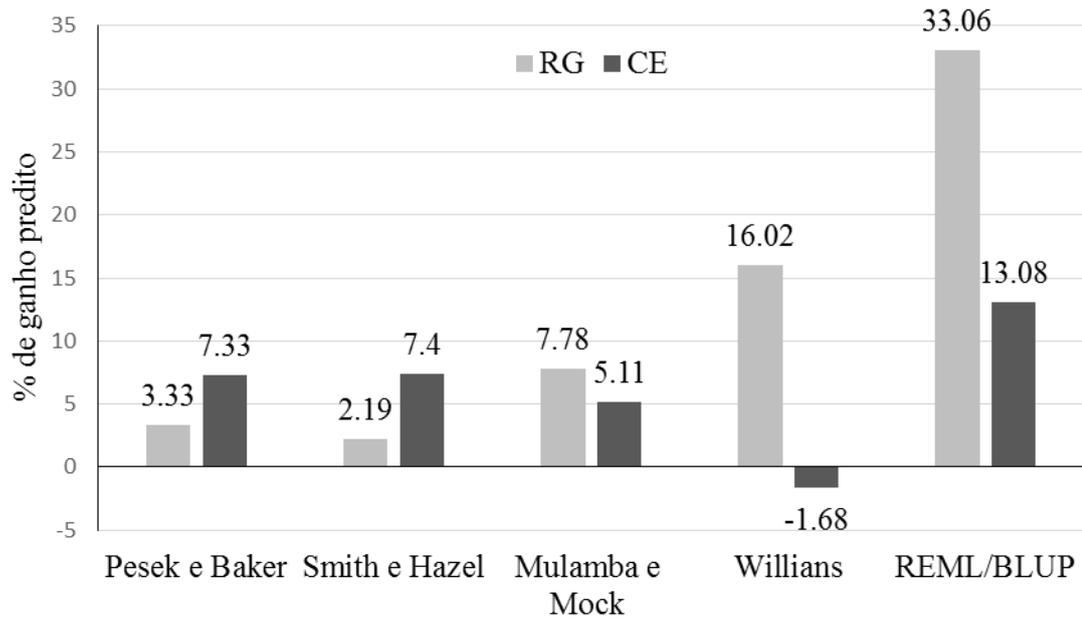
Rendimento de Grãos (RG) – kg.ha <sup>-1</sup>					Capacidade de Expansão (CE) – mL.g <sup>-1</sup>				
	Smith & Hazel	Mulamba & Mock	Willians	REML/BLUP		Smith & Hazel	Mulamba & Mock	Willians	REML/BLUP
Pesek & Baker	0,47	1	0,33	0,33	Pesek & Baker	0,47	1	0,33	0,43
Smith & Hazel	-	0,47	0,17	0,13	Smith & Hazel	-	0,47	0,17	0,67
Mulamba & Mock	-	-	0,36	0,33	Mulamba & Mock	-	-	0,36	0,43
Willians	-	-	-	0,97	Willians	-	-	-	0,06

**Tabela 3.** Ranqueamento e estimativas das 30 famílias superiores de irmãos completos, dos valores genotípicos preditos (g), valores genotípicos (u+g), da nova média predita (BLUP) e do desempenho relativo (DR) para as duas características (RG e CE).

Rendimento de Grãos (RG) – kg.ha <sup>-1</sup>							Capacidade de Expansão (CE) – mL.g <sup>-1</sup>						
Rank	Família	g	u+g	Ganho	Nova média	DR (%)	Rank	Família	g	u+g	Ganho	Nova média	DR (%)
1	54	1483,93	4556,79	1483,93	4556,79	100,00	1	139	5,29	38,45	5,29	38,45	100,00
2	196	1464,24	4537,10	1474,09	4546,95	99,78	2	154	4,72	37,88	5,01	38,17	99,25
3	90	1397,54	4470,40	1448,57	4521,43	99,22	3	173	4,71	37,87	4,91	38,07	98,99
4	38	1287,10	4359,96	1408,20	4481,06	98,34	4	138	4,67	37,83	4,85	38,01	98,84
5	68	1028,64	4101,51	1332,29	4405,15	96,67	5	52	4,65	37,81	4,81	37,97	98,74
6	4	993,77	4066,63	1275,87	4348,73	95,43	6	98	4,58	37,73	4,77	37,93	98,64
7	94	801,79	3874,65	1208,14	4281,01	93,95	7	2	4,40	37,56	4,72	37,88	98,50
8	117	789,18	3862,04	1155,77	4228,64	92,80	8	100	4,36	37,52	4,67	37,83	98,38
9	53	775,42	3848,28	1113,51	4186,37	91,87	9	72	4,29	37,45	4,63	37,79	98,27
10	71	746,55	3819,41	1076,82	4149,68	91,07	10	6	4,17	37,33	4,59	37,74	98,16
11	15	725,41	3798,27	1044,87	4117,73	90,36	11	65	4,03	37,19	4,53	37,69	98,02
12	129	717,70	3790,56	1017,61	4090,47	89,77	12	165	3,96	37,12	4,49	37,65	97,90
13	83	717,50	3790,36	994,52	4067,38	89,26	13	96	3,79	36,95	4,43	37,59	97,76
14	93	709,91	3782,78	974,19	4047,05	88,81	14	32	3,74	36,90	4,38	37,54	97,63
15	73	701,88	3774,74	956,04	4028,90	88,42	15	171	3,64	36,80	4,33	37,49	97,50

**Continuação da tabela 3.**

Rendimento de Grãos (RG) – kg.ha <sup>-1</sup>							Capacidade de Expansão (CE) – mL.g <sup>-1</sup>						
Rank	Família	g	u+g	Ganho	Nova média	DR (%)	Rank	Família	g	u+g	Ganho	Nova média	DR (%)
16	69	640,90	3713,76	936,34	4009,20	87,98	16	169	3,49	36,64	4,28	37,44	97,37
17	41	639,76	3712,63	918,90	3991,76	87,60	17	80	3,49	36,64	4,23	37,39	97,24
18	181	589,64	3662,50	900,60	3973,46	87,20	18	1	3,41	36,57	4,19	37,35	97,13
19	183	579,54	3652,40	883,71	3956,57	86,83	19	101	3,39	36,55	4,15	37,31	97,02
20	86	569,12	3641,99	867,98	3940,84	86,48	20	79	3,22	36,38	4,10	37,26	96,90
21	47	565,48	3638,34	853,57	3926,43	86,17	21	89	3,14	36,30	4,06	37,21	96,78
22	85	551,45	3624,31	839,84	3912,70	85,87	22	83	3,13	36,29	4,01	37,17	96,67
23	119	544,23	3617,09	826,99	3899,85	85,58	23	37	3,09	36,25	3,97	37,13	96,56
24	49	532,02	3604,88	814,70	3887,56	85,31	24	87	2,93	36,09	3,93	37,09	96,45
25	160	530,19	3603,05	803,32	3876,18	85,06	25	148	2,86	36,02	3,89	37,05	96,34
26	40	528,54	3601,40	792,75	3865,61	84,83	26	47	2,84	36,00	3,85	37,01	96,23
27	108	517,14	3590,00	782,54	3855,40	84,61	27	7	2,81	35,96	3,81	36,97	96,13
28	92	504,70	3577,56	772,62	3845,48	84,39	28	84	2,79	35,95	3,77	36,93	96,04
29	70	496,94	3569,80	763,11	3835,97	84,18	29	140	2,65	35,81	3,73	36,89	95,94
30	58	488,28	3561,15	753,95	3826,81	83,98	30	51	2,56	35,71	3,69	36,85	95,84



#### Índices de Seleção e REML/BLUP

**Figura 1.** Estimativas dos ganhos percentuais preditos, com base nos índices de seleção de Pesek & Baker, Smith & Hazel, de Mulamba & Mock, Willians e a metodologia REML/BLUP, por seleção simultânea de RG e CE no sétimo ciclo de seleção recorrente intrapopulacional em famílias de irmãos completos em milho-pipoca

#### 4. RESUMOS E CONCLUSÕES

O programa de melhoramento de milho-pipoca da UENF tem como finalidade disponibilizar aos agricultores das Regiões Norte e Noroeste Fluminense cultivar com características agronômicas desejáveis, sobretudo para rendimento de grãos e capacidade de expansão. A seleção recorrente, estratégia mais utilizada no melhoramento populacional em todo mundo, visa aumentar gradativamente a frequência de alelos favoráveis para características de interesse, por meio de repetidos ciclos de seleção, sem redução da variabilidade genética da população. Os índices de seleção permitem gerar um agregado genotípico sobre o qual se exerce a seleção, funcionando como caráter adicional, resultante da combinação de determinadas características escolhidas pelo melhorista, nas quais se deseja exercer a seleção simultânea, permitindo separar genótipos superiores, independente da existência ou não de correlações entre características. Uma alternativa muito utilizada atualmente e com grande acurácia do processo seletivo, é o emprego de componentes de variância estimados por máxima verossimilhança restrita (REML - Restricted Maximum Likelihood) e valores genéticos ou genotípicos preditos pelo melhor preditor linear não viciado (BLUP - Best Linear Unbiased Prediction). Os objetivos desse trabalho foram avaliar famílias de irmãos completos do sétimo ciclo de seleção recorrente e estimar o progresso genético para rendimento de grãos e capacidade de expansão. Foram avaliadas oito características em 200 famílias de irmãos completos aleatorizadas em blocos com duas repetições dentro de sets em dois

ambientes contrastantes: Campos dos Goytacazes e Itaocara, respectivamente Norte e Noroeste do Estado do Rio de Janeiro.

Pelos resultados obtidos, conclui-se que:

1. A recombinação das progênes selecionadas do ciclo C<sub>6</sub> de UENF-14, possibilita a disponibilização de cultivar mais produtiva e com maior capacidade de expansão para os produtores e consumidores do Norte e Noroeste Fluminense;
2. Existem novas oportunidades de superação das atuais estimativas de rendimento e de capacidade de expansão dos grãos em ciclos mais avançados do programa de seleção recorrente da UENF;
3. Entre os quatro índices de seleção testados, o de Mulamba e Mock, apresenta os melhores resultados para a seleção das famílias de irmãos completos na população UENF-14 de milho-pipoca;
4. Os ganhos genéticos preditos para as metodologias REML/BLUP são melhores que os apresentados pelos índices de seleção;
5. As metodologias REML/BLUP são eficientes para seleção de famílias de irmãos completos na população UENF-14 de milho-pipoca; e
6. As famílias selecionadas com maior rendimento de grãos não são as mesmas selecionadas com maior capacidade de expansão para as metodologias REML/BLUP.

## REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- AGRIANUAL (2012). Anuário da Agricultura Brasileira. FNP Consultoria e Comércio; Mendes e Scotini. Editora Argos, São Paulo.
- Amaral, A.T.Jr., Freitas Jr., S.P., Rangel, R.M., Pena, G.F., Ribeiro, R.M., Morais, R.C., Schuelter, A.R. (2010) Improvement of a popcorn population using selection indexes from a fourth cycle of recurrent selection program carried out in two different environments. *Genetics and Molecular Research*, 9:340-370.
- Arnhold E., Viana, J.M.S. (2007) Eficiência da seleção dentro de famílias S4 de milho-pipoca, visando à obtenção de linhagens. *Revista Ceres* 54:107-111.
- Arnhold, E., Mora, F., Deitos, A. (2006) Correlaciones genéticas en familias S4 de maíz (*Zea mays*). *Ciencia e investigación agraria*, 33(2): 25-131.
- Arnhold, E., Mora, F., Silva, R.G., Good-God, P.I., Rodovalho, M.A. (2012) Evaluation of top-cross popcorn hybrids using mixed linear model methodology. *Chilean Journal of Agricultural Research*, 69:46-53.
- Barbosa, M.H.P., Resende, M.D., Peternelli, L.A., Bressiani, J.A., Silveira, L.C.I., Silva, F.L., Figueiredo, I.C.R. (2004) Use of REML/BLUP for the selection of sugarcane families specialized in biomass production. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*. 4:218-226.
- Bauer, A. M., Leon, J. (2008) Multiple-trait breeding values for parental selection in self-pollinating crops. *Theor. Appl. Genet.*, 116: 235-242.

- Bennetzen, J.L., Chandler, V.L., Schnable, P. (2001) National Science Foundation-sponsored workshop report. Maize genome sequencing project. *Plant Physiol.*, 127:1572-1578.
- Borém, A., Miranda, G.V. (2005) *Melhoramento de plantas*. 4. ed. Viçosa: Editora UFV, 525p.
- Borges, V., Ferreira P.V., Soares L., Santos G.M., Santos A.M.M. (2010) Seleção de clones de batata-doce pelo procedimento REML/BLUP. *Acta Scientiarum. Agronomy*, 32(4):643-649.
- Cardoso, E.T., Sereno, M.J.C.M., Barbosa Neto, J.F. (2003) Estimativa de ganho genético em três populações de milho doce utilizando índices de seleção. *Revista Brasileira de Agrociência*, 9(4):337-341.
- Carvalho, C., Vencato, A.Z., Kist, B.B., Santos, C., Reets, E.R., Poll, H., Beling, R.R. (2013) *Anuário brasileiro do milho 2013*. Editora Gazeta Santa Cruz, Santa Cruz do Sul, p.128.
- Cruz C.D.; Regazzi A.J.; Carneiro P.C.S. (2012) *Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético*. 3 st edn. Editora UFV, Viçosa.
- Cruz, C.D. (2006) *Programa Genes: Versão Windows; aplicativo computacional em genética e estatística*. Viçosa: Ed. UFV, 390p.
- Cruz, C.D., Carneiro, P.C.S. (2006). *Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético*. Editora UFV, Viçosa.
- Cruz, C.D., Regazzi, A.J., Carneiro, P.C.S. (2012). *Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético*. 3 st edn. Editora UFV, Viçosa.
- Cruz, C.D.; Regazzi, A.J.; Carneiro, P.C.S. (2004) *Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético*. 3. ed. Viçosa: Editora UFV, 1:480.
- Cunha, K.S., Pereira, M.G., Gonçalves, L.S.A., Berilli, A.P.C.G., Oliveira, E.C., Ramos, H.C.C., Amaral Jr., A.T. (2012) Full-sib reciprocal recurrent selection in the maize populations Cimmyt and Piranão. *Genetics and Molecular Research*, 11(3):3398-3408.
- Daros, M., Amaral Jr, A.T., Pereira, M.G. (2002). Genetic gain for grain yield and popping expansion in full-sib recurrent selection in popcorn. *Crop Breeding and Applied Biotechnology* 2:339-344.
- Daros, M., Amaral Jr, A.T., Pereira, M.G., Santos, F.S., Scapim, C.A., Freitas Júnior, S.P., Daher, R.F., Ávila, M.R. (2004a) Correlações entre características

- agronômicas em dois ciclos de seleção recorrente em milho-pipoca. *Ciência Rural*, 34(5):1389-1394.
- Daros, M., Amaral Jr., A.T., Pereira, M.G. (2002) Genetic gain for grain yield and popping expansion in full-sib recurrent selection in popcorn. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, 2(3):339-344.
- Daros, M., Amaral Jr., A.T., Pereira, M.G., Santos, F.S. (2004). Correlações entre caracteres agronômicos em dois ciclos de seleção recorrente em milho-pipoca. *Ciência Rural*, 34:1389-1394.
- Faria, R.F., Viana, J.M.S., Sobreira, F.M., Silva, A.C. (2008) Seleção recorrente recíproca na obtenção de híbridos interpopulacionais de milho-pipoca. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, 43(12):1749-1755.
- Farias Neto, J.T., Lins, P.M.P., Resende, M.D.V., Muller, A.A. (2009) Seleção genética em progênies híbridas de coqueiro. *Revista Brasileira de Fruticultura*, Jaboticabal, 31(1):190-196.
- Freitas Jr., S.P., Amaral Jr., A.T., Rangel, R.M., Viana, A.P. (2009). Genetic gains in popcorn by full-sib recurrent selection. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, 9:1-7.
- Gabriel, A.P.C., Berilli, A.P.C.G., Pereira, M.G., Goncalves, L.S.A., Cunha, K.S., Ramos, H.C., Souza Filho, G.A., Amaral Jr, A.T. (2011) Use of molecular markers in reciprocal recurrent selection of maize increases heterosis effects. *Genetics and Molecular Research*, 10:2589-2596.
- Gioia, D.R.L., Riboldi, J., Fernandez, D.W. (2007) Melhoramento Genético de Plantas Forrageiras. BAG. *Journal of Basic and Applied Genetics*, 10:18-21.
- Goodnam, M.M., Smith, J.S.C. (1987) Botânica In: Paterniani, E., Viegas, G.P. (eds.) *Melhoramento e produção de milho*. Campinas, Fundação Cargil, 1:41-78.
- Granate, M.J.; Cruz, C.D.; Pacheco, C.A.P. (2002) Predição de ganho genético com diferentes índices de seleção no milho-pipoca CMS-43. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, 37:101-108.
- Grupo de Coordenação de Estatísticas Agropecuárias - GCEA/IBGE (2013) Diretoria de Pesquisas, Coordenação de Agropecuária, Levantamento Sistemático da Produção Agrícola.
- Guadagnin, J.P. (1996) *Milho-pipoca*. Porto Alegre: FEPAGRO, 9: 11p.

- Hallauer AR, Carena MJ, (2009) *Maize breeding*. In: Handbook of plant breeding: cereals (Carena MJ, ed.). Springer, New York, 3-98.
- Hallauer AR, Miranda Filho JB, Carena MJ (2010). *Quantitative genetics in maize breeding*. Springer, New York.
- Hallauer, A.R.; Miranda Filho, J.B. (1988) *Quantitative genetics in maize breeding*. Ames: Iowa State University Press, 468p.
- Hazel, L. N. (1943) The genetic basis for constructing selection indexes. *Genetics*, 28(6):476-490.
- Krishnaswamy, K. e Raghuramulu, N. (1998) Bioactive phytochemicals with emphasis on dietary practice. *Indian J. Med. Res.* 108:167-181.
- Laviola, B.G., Rosado, T.B., Bhering, L.L., Kobayashi, A.K. (2010) Genetic parameters and variability in physic nut accessions during early developmental stages. *Pesquisa agropecuária brasileira*, 45(10):1117–1123.
- Linares, E. (1987) *Seleção recorrente recíproca em famílias de meio-irmãos em milho-pipoca (Zea mays L.)*. Tese (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas), Piracicaba, Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz - ESALQ, 78p.
- Mendes de Paula, T.O., Gonçalves, L.S.A., Amaral Jr, A.T., Oliveira, E.C. (2010) Magnitude of the genetic base of commercial popcorn and in recommendation in Brazil. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, 10:289-297.
- Moterle LM, Lucca e Braccini A, Scapim CA, Pinto RJB, et al. (2011). Combining ability of popcorn lines for seed quality and agronomic traits. *Euphytica*, 185:337–347.
- Mulamba, N.N. e Mock, J.J. (1978) Improvement of yield potential of the Eto Blanco maize (*Zea mays L.*) population by breeding for plant traits. *Egyptian Journal of Genetics and Cytology*, 7:40-51.
- Pacheco, C.A.P., Castoldi, F. L., Alvarenga, E.M.(1996) Efeito do dano mecânico na qualidade fisiológica e na capacidade de expansão de sementes de milho-pipoca. *Revista Brasileira de Sementes*, 7(2):267-270.
- Paterniani, E., Campos, M.S. (1999) Melhoramento do milho. In: Borém, A. (Org.). *Melhoramento de espécies cultivadas*. Viçosa: Editora UFV, p. 429-485.
- Pedrozo, C.A., Benites, F.R.G., Barbosa, M.H.P., Resende, M.D.V., Silva, F.L. (2009) Efficiency of selection indexes using the REML/BLUP procedure in sugarcane breeding. *Scientia Agraria*, 10:31-36.

- Pena, G.F., Amaral Jr., A.T., Gonçalves, L.S.A., Candido, L.S., Vittorazzi, C., Ribeiro, R.M., Freitas Jr, S.P. (2013) Stability and adaptability of popcorn genotypes in the State of Rio de Janeiro, Brazil. *Genetics and Molecular Research*, 11:3042-3050.
- Pereira, M.G. e Amaral Jr., A.T. (2001). Estimation of genetic components in popcorn based on the nested design. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, 1:3-10.
- PEŠEK, J.; BAKER, R. J. (1969) Desired improvement in relation to selection indices. *Canadian Journal of Plant Science*, 49(6):803-804.
- Rangel, R.M., Amaral Jr., A.T., Gonçalves, L.S.A., Freitas Jr., S.P., Candido, L.S. (2011) Análise biométrica de ganhos por seleção em população de milho-pipoca de quinto ciclo de seleção recorrente. *Revista Ciência Agronômica*, 42:473-481.
- Rangel, R.M., Amaral Jr., A.T., Scapim, C.A., Freitas Jr., S.P., Pereira, M.G. (2008) Genetic parameters in parents and hybrids of circulant diallel in popcorn. *Genetics and Molecular Research*, 7:1020-1030.
- Resende, M.D.V. (2002) *Genética biométrica e estatística no melhoramento de plantas perenes*. Brasília: Embrapa Informação Tecnológica, 975p.
- Resende, M.D.V., Sturion, J.A. (2001) Análise genética de dados com dependência espacial e temporal no melhoramento de plantas perenes via modelos geo-estatísticos e de séries temporais empregando REML/BLUP ao nível individual. *Colombo, Embrapa Florestas*, 80p.
- Ribeiro, R.M., Amaral Jr., A.T., Gonçalves, L.S.A., Candido, L.S., Silva, T.R., Pena, G.F. (2012) Genetic progress in the UNB-2U population of popcorn under recurrent selection in Rio de Janeiro. *Genetics and Molecular Research*, 11:1417-1423.
- Rocha, M.G.B., Pires, I.E., Xavier, A., Cruz, C.D., Rocha, R.B. (2006) Avaliação genética de progênies de meio-irmãos de *Eucalyptus urophylla* utilizando os procedimentos REML/BLUP E E(QM). *Ciência Florestal*, Santa Maria, 16(4):369–379.
- Rodrigues, W.P.; Vieira, H.D.; Barbosa, D.H.S.G.; Souza Filho, G.R.; Candido, L.S. (2013) Adaptability and genotypic stability of *Coffea arabica* genotypes based on REML/BLUP analysis in Rio de Janeiro State, Brazil. *Genetics and Molecular Research*, 2(3):2391-2399.

- Santos, F.S, Amaral Jr., A.T., Freitas Jr., S.P., Rangel, R.M., Pereira, M.G. (2007) Predição de ganhos genéticos por índices de seleção na população de milho-pipoca UNB-2U sob seleção recorrente. *Bragantia*, 66(3):389-396.
- Santos, F.S., Amaral Jr., A.T., Freitas Jr., S.P., Rangel, R.M., Scapim, C.A., Mora, F.M. (2008) Genetic gain prediction of the third recurrent selection cycle in a popcorn population. *Acta Scientiarum Agronomy*, 30:651-655.
- Sawazaki, E., Fantin, G.M., Dudienas, C., Castro, G.de. (2003) Resistência de genótipos de milho-pipoca a doenças. *Revista de Agricultura*, 78(1):149-164.
- Silva, F.F., Viana, J.M.S., Faria, V.R., Resende, M.D.V. (2013a) Bayesian inference of mixed models in quantitative genetics of crop species. *Theoretical and Applied Genetics*, p. on line first.
- Silva, T.R.C., Amaral Jr., A.T., Gonçalves, L.S.A., Candido, L.S., Vitorazzi. C., Scapim, C.A. (2013) Agronomic performance of popcorn genotypes in Northern and Northwestern Rio de Janeiro State. *Acta Scientiarum Agronomy*, 35:57-63.
- Singh, L.; Kaur, N.; Kumar, P. (2009) Reactive oxygen species (ROS), oxidative damage and antioxidative defence systems with emphasis on herbal antioxidants and human and cattle health. *Biochem. Cell. Arch.* 9(2): 135-144.
- Smith, H.F. (1936) A discriminant function for plant selection. *Annals of Eugenics*, 7(3):240-250.
- Souza Júnior, C.L. (1987) Reciprocal recurrent selection with half-sib progenies obtained alternately from non-inbred ( $S_0$ ) and inbred ( $S_1$ ) plants in maize. *Maydica*, 22:19-31.
- Times of India News <[hetimes-tribune.com/news/health-science/university-of-scranton-professor-and-student-make-national-presentation-1.1290352#axzz1qEOulkKE](http://hetimes-tribune.com/news/health-science/university-of-scranton-professor-and-student-make-national-presentation-1.1290352#axzz1qEOulkKE)> acesso em 27 de agosto de 2013
- Viana, J.M.S., Faria, V.R, Silva, F.F., Resende, M.D.V. (2012) Combined selection of progeny in crop breeding using best linear unbiased prediction. *Canadian Journal of Plant Science*, v. 92, p. On line 1st.
- Vilarinho, A.A., Viana, J.M.S., Santos, J.F., Câmara, T.M.M. (2003) Eficiência da seleção de progênies  $S_1$  e  $S_2$  de milho-pipoca, visando à produção de linhagens. *Bragantia*, 6(1): 9-17.
- Vilela, F.O., Amaral Jr., A.T., Pereira, M.G., Scapim, C.A., Viana, A.P., Freitas Jr., S.P. (2008) Effect of recurrent selection on the genetic variability of the UNB-2U

popcorn population using RAPD markers. *Acta Scientiarum Agronomy*, 30:25-30.

Vitorazzi, C., Amaral Jr., A.T., Gonçalves, L.S.A., Candido, L.S., Silva, T.R.C. (2013) Selecting pre-cultivars of popcorn maize based on nonparametric indices. *Revista Ciência Agronômica*, 44:356-362.

Weatherwax, P. (1922) The popping of corn. *Ind. Acad. Sci. Proc.*, 1921:149-153.

Willians, J.S. (1962) The evaluation of a selection index. *Biometrics*, North Carolina, 18:375-393.

Zinsly, J.R., Machado, J.A. (1987) Milho-pipoca. *In*: Paterniani, E., Viegas, G.P. (eds.) *Melhoramento e produção do milho*. Campinas, Fundação Cargill, p.413-421.