

MELHORAMENTO DE MILHO PIPOCA: CAPACIDADE
COMBINATÓRIA DE LINHAGENS, PARAMETRIZAÇÃO HETERÓTICA
E HERANÇA DE CARACTERÍSTICAS AGRÔNOMICAS

VANESSA QUITETE RIBEIRO DA SILVA

UNIVERSIDADE ESTADUAL DO NORTE FLUMINENSE DARCY
RIBEIRO – UENF
CAMPOS DOS GOYTACAZES – RJ
FEVEREIRO – 2009

MELHORAMENTO DE MILHO PIPOCA: CAPACIDADE
COMBINATÓRIA DE LINHAGENS, PARAMETRIZAÇÃO HETERÓTICA
E HERANÇA DE CARACTERÍSTICAS AGRÔNOMICAS

VANESSA QUITETE RIBEIRO DA SILVA

Dissertação 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 Mestre em Produção Vegetal

Orientador: Prof. Antônio Teixeira do Amaral Júnior

CAMPOS DOS GOYTACAZES – RJ
FEVEREIRO – 2009

MELHORAMENTO DE MILHO PIPOCA: CAPACIDADE
COMBINATÓRIA DE LINHAGENS, PARAMETRIZAÇÃO HETERÓTICA
E HERANÇA DE CARACTERÍSTICAS AGRÔNOMICAS

VANESSA QUITETE RIBEIRO DA SILVA

Dissertação 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 Mestre em Produção Vegetal

Aprovada em

Comissão Examinadora:

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

Prof. Luiz Alexandre Peternelli (Ph.D. em Estatística) – UFV

Prof. Rogério Figueiredo Daher (D.Sc. em Produção Vegetal) – UENF

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

“Porque eu estou bem certo de que nem a morte, nem a vida, nem os anjos, nem os principados, nem as coisas do presente, nem do porvir, nem os poderes, nem a altura, nem a profundidade, nem qualquer outra criatura poderá separar-nos do amor de DEUS, que está em Cristo Jesus, NOSSO SENHOR.”
Romanos 8: 38-39

AGRADECIMENTO

A Deus, minha razão de existir;

Aos meus familiares, meus queridos e amados pais Rogéria e Enivaldo, meu irmão Vinícius, meus avós Marlene, José Carlos e Wilson;

A Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro (UENF) pela construção da minha profissão;

Ao CNPq, pela bolsa concedida;

Ao Professor Antônio Teixeira do Amaral Júnior, pela brilhante orientação, atenção, amizade e respeito;

Ao Prof. Carlos Alberto Scapim, pela concessão das linhagens utilizadas no presente trabalho;

Aos professores Messias Gonzaga Pereira e Rogério Figueiredo Daher pelos conselhos e sugestões concedidos na defesa de projeto de tese;

Aos membros da banca, pela disponibilidade em me auxiliar neste trabalho;

Ao Técnico Geraldo Francisco de Carvalho, ao Eng^o Agrônomo Paulo Rogério Nunes, e aos trabalhadores de campo, pelo auxílio indispensável na instalação e condução dos experimentos em Itaocara e Campos dos Goytacazes;

Aos colegas, Ramon, Tiago Otávio, Cássio, Thiago Rodrigues, Marcela, Serginho e Juliano pela amizade e auxílio no campo e laboratório, e ao Silvério Júnior pela amizade, prestabilidade e ajuda fundamental na análise estatística;

Às amigas Fernanda, Emanuely, Silvana, Patrícia, Cíntia, Simone, Amanda, Érica e Andréa Costa pela amizade e auxílio nas disciplinas;

Aos meus sogros Washington e Rosangela e meu cunhado Alex, pelo carinho, amor e amizade com que sempre me dedicaram;

E, especialmente, ao meu amado esposo Max, pela amizade, apoio e carinho sempre dedicados com muito amor. Sua existência me motiva a realizar meus sonhos. Amo você.

Muito Obrigado!

SUMÁRIO

RESUMO.....	Viii
ABSTRACT.....	X
1. INTRODUÇÃO.....	1
2. REVISÃO DE LITERATURA.....	3
2.1. Origem e Aspectos Gerais do Milho Pipoca.....	3
2.2 Abordagem Econômica.....	4
2.3. Histórico do Melhoramento do Milho Pipoca e a Trajetória do Programa de Dialelo da UENF.....	6
2.4. Análise Dialélica e Aplicações ao Milho Pipoca.....	9
3. MATERIAL E MÉTODOS.....	14
3.1. Pré-seleção e Multiplicação das Linhagens.....	14
3.2. Obtenção dos Híbridos Dialélicos.....	15
3.3. Avaliação dos Híbridos, Genitores do Dialelo e Testemunhas.....	16
3.4. Análise Estatística.....	19
3.4.1. Análise de Variância.....	19
3.4.2. Análises Dialélicas.....	22
3.4.2.1. Determinação da Capacidade Combinatória (Griffing, 1956).....	22

3.4.2.2. Método de Gardner e Ebehart (1966).....	25
3.4.2.3. Método de Hayman (1954).....	28
3.4.2.3.1 Teste de Suficiência do Modelo Aditivo Dominante.....	37
3.4.2.3.2. Informações Genéticas.....	39
4. RESULTADOS E DISCUSSÕES.....	43
4.1. Ambiente de Campos dos Goytacazes.....	43
4.1.1. Análise de Variância Univariada.....	43
4.1.2. Agrupamento de Médias.....	48
4.2. Ambiente de Itaocara.....	54
4.2.1. Análise de Variância Univariada.....	54
4.2.2. Agrupamento de Médias.....	59
4.3. Análise Conjunta.....	65
4.3.1 Análise de Variância Conjunta.....	65
4.3.2. Agrupamento de Médias.....	71
4.4. Análise Dialélica de Griffing (1956) para o Ambiente de Campos dos Goytacazes.....	77
4.4.1. Análise de Variância para Capacidade de Combinação.....	77
4.4.2. Estimativas dos Efeitos da Capacidade Geral de Combinação	81
4.4.3. Estimativas dos Efeitos da Capacidade Específica de Combinação.....	85
4.4.4. Estimativa da Heterose Relativa.....	91
4.5. Análise Dialélica de Griffing (1956) para o Ambiente de Itaocara.....	94
4.5.1. Análise de Variância para Capacidade de Combinação.....	94
4.5.2. Estimativas dos Efeitos da Capacidade Geral de Combinação.....	99
4.5.3. Estimativas dos Efeitos da Capacidade Específica de Combinação.....	103
4.5.4. Estimativa da Heterose Relativa.....	108
4.6. Análise Dialélica Conjunta de Griffing (1956).....	111
4.6.1. Análise de Variância para a Capacidade de Combinação.....	111
4.6.2. Estimativa dos Efeitos Médios da Capacidade Geral de Combinação....	116
4.6.3. Estimativas dos Efeitos da Capacidade Específica de Combinação.....	120

4.7. Análise Dialéctica de Gardner e Ebehart (1966) para o Ambiente de Campos dos Goytacazes.....	127
4.7.1. Análise de Variância para Linhagens e Heteroses.....	127
4.7.2. Estimativas do Efeito de Variedade.....	132
4.7.3. Estimativa dos Efeitos de Heterose Média e Varietal.....	135
4.7.4. Estimativa dos Efeitos de Heterose Específica.....	138
4.8. Análise Dialéctica de Gardner e Ebehart (1966) para o Ambiente de Itaocara	142
4.8.1. Análise de Variância para Linhagens e Heteroses.....	142
4.8.2. Estimativas do Efeito de Variedade.....	147
4.8.3. Estimativas dos Efeitos da Heterose Média e Varietal.....	150
4.8.4. Estimativa dos Efeitos de Heterose Específica.....	154
4.9. Análise Dialéctica Conjunta de Gardner e Ebehart (1966).....	156
4.9.1. Análise de Variância para Linhagens e Heteroses.....	156
4.9.2. Estimativas do Efeito de Variedade.....	162
4.9.3. Estimativas dos Efeitos da Heterose Média e Varietal.....	166
4.9.4. Estimativa dos Efeitos de Heterose Específica.....	170
4.10. Análise Dialéctica de Hayman (1954).....	174
4.10.1. Teste de Suficiência do Modelo Aditivo-dominante.....	174
4.10.2. Ambiente de Campos dos Goytacazes.....	175
4.10.2.1. Capacidade de Expansão.....	175
4.10.2.2. Peso Médio de Espigas.....	179
4.10.2.3. Rendimento de Grãos.....	181
4.10.2.4. Número Médio de Espigas.....	184
4.10.3. Ambiente de Itaocara.....	186
4.10.3.1. Capacidade de Expansão.....	186
4.10.3.2. Peso Médio de Espigas.....	189
4.10.3.3. Rendimento de Grãos.....	191
4.10.3.4. Número Médio de Espigas.....	193
5. RESUMO E CONCLUSÕES.....	196
6. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....	198

RESUMO

SILVA, VANESSA QUITETE RIBEIRO DA; M.Sc.. Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro. Fevereiro de 2009. Melhoramento do milho pipoca: Capacidade combinatória, parametrização heterótica e herança de características agronômicas. Orientador: Prof. Antonio Teixeira do Amaral Júnior.

Dez linhagens de milho pipoca foram utilizadas para obtenção de 45 híbridos dialélicos, os quais foram avaliados juntamente com seus genitores e três testemunhas em delineamento em blocos ao acaso com três repetições em dois ambientes no Estado do Rio de Janeiro: Colégio Estadual Agrícola Antonio Sarlo, em Campos dos Goytacazes e Estação Experimental da PESAGRO-RIO de Itaocara, respectivamente, regiões Norte e Noroeste Fluminense. Avaliaram-se quatorze características utilizando os métodos de Griffing (1956), Gardner e Ebehart (1966) e Hayman (1954), por uma análise individual para cada ambiente e também por uma análise conjunta, exceto para Hayman (1954). Pelos resultados obtidos, pôde-se concluir que as características de maior interesse agrônomo – capacidade de expansão (CE) e rendimento de grãos (RG) – revelaram valores significativos para genitores e híbridos, indicando a variabilidade dos pais e $F_{1's}$. Os genitores P2, P3, P4 e P5 foram os mais promissores para maior número de características, em especial para peso de espigas com grãos e rendimentos de grãos. Em ambos os ambientes avaliados, pela metodologia de Griffing (1956), a capacidade de expansão

revelou média dos quadrados dos efeitos para o componente de aditividade superior ao de dominância, ao passo que, consistentemente, número médio de espigas, peso médio de espigas com grãos e rendimento de grãos expressaram magnitudes superiores dos efeitos de dominância. Os híbridos superiores foram: P1 x P3, P2 x P4 e P3 x P7. Pela metodologia de Gardner e Ebehart (1966) para as características mais importantes (CE e RG), sobressaíram-se os híbridos P1 x P3, P3 x P7 e P2 x P9. Por meio da metodologia de Hayman (1954) os genes dominantes são, em sua maioria, responsáveis pela expressão das características número médio de espigas (NE), peso médio de espigas (PE) e rendimento de grãos (RG). Para capacidade de expansão a correlação positiva entre \bar{Y}_{ii} e $w_i + v_i$ revelou a herança recessiva da capacidade de expansão. Houve predominância dos efeitos gênicos não-aditivos ($\tilde{H}_1, \tilde{H}_2, \tilde{h}^2$) para NE, PE e RG. Em ambos os ambientes utilizados, houve prevalência da dominância parcial e elevada herdabilidade no sentido restrito para CE, enquanto em NE, PE e RG predominou a sobredominância e herdabilidades moderadas a baixa.

ABSTRACT

SILVA, VANESSA QUITETE RIBEIRO DA; M.Sc.. Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro. February 2009. Breeding of popcorn: Combining ability, heterotic parametrization and heritability of agronomic traits. Adviser: Prof. Antonio Teixeira do Amaral Júnior.

Ten popcorn inbred lines as to their 45 hybrids by diallel crosses and three controls had been evaluated in complete block design with three replications in two environments in the Rio de Janeiro State: State College Agricultural Antonio Sarlo, in county of the Campos dos Goytacazes and the Experimental Station of the PESAGRO-RIO in county of the Itaocara, respectively North and the Northwestern regions of the Rio de Janeiro State. Fourteen traits had been evaluated using the methods of Griffing (1956), Gardner and Ebehart (1966) and Hayman (1954), for an individual analysis for each environment and also for a joint analysis, except for Hayman (1954). The results allowed by the most important agronomical traits – popping expansion and grain yield – had disclosed to significant values for genitors and hybrids, indicating the variability of the parents and the F_1 's. The genitors P2, P3, P4 and P5 had been most promising for bigger number of traits, in special for mean weight of ear with grains and grain yield. In both the evaluated environments, for the methodology of Griffing (1956), the popping expansion revealed superiority of the mean of the squares of the additive effect in relation to the dominance. The superior

hybrids were: P1 x P3, P2 x P4 and P3 x P7. For the methodology of Gardner and Ebehart (1966) for the traits popping expansion and grain yield, the superior hybrids were: P1 x P3, P3 x P7 and P2 x P9. Based on the methodology of Hayman (1954) the dominant genes are, in its majority, responsible for the expression of the traits mean number of ear, mean weight of ear and the grain yield. For popping expansion the positive correlation between \bar{Y}_{ii} and $w_i + v_i$ revealed the recessive inheritance of the popping expansion. It had predominance of the non additive genic effect for the mean number of ear, mean weight of ear with grains and grain yield. In both environments had prevalence of the partial dominance and higher narrow heritability for popping expansion. On the other hand, for the traits mean number of ear, mean weight of ear with grains and grain yield it predominated the sobredominance and the moderate to low heritabilities.

1. INTRODUÇÃO

Há algumas décadas, a cultura do milho pipoca era considerada elementar e modesta (Galvão *et al.*, 2000). Entretanto, mudanças no mercado foram ocorrendo. O milho pipoca é alimento bastante apreciado no Brasil. Atualmente, em consequência do aprimoramento e da popularização de máquinas elétricas e fornos de microondas para o pipocamento do milho, constata-se aumento crescente na fabricação e no consumo (Daros *et al.*, 2004 a).

O valor de mercado deste tipo de grão é bem superior ao do milho comum. No início da década de 90, a valorização do real em relação ao dólar aproximou o preço do produto importado ao do nacional, favorecendo a importação de grãos de milho pipoca da Argentina e dos Estados Unidos da América. Porém, atualmente com o câmbio livre, o produto nacional está bastante valorizado. Apesar da popularidade e do crescente consumo da pipoca no Brasil, até o presente, há apenas quatro híbridos (IAC 112, IAC 125, Zélia e Jade), que resultaram dos trabalhos do IAC e da PIONEER e três variedades (BRS ANGELA, RS 20 e UFVM2-Barão Viçosa), as quais foram recomendadas por instituições nacionais (Pacheco *et al.*, 2000; Sawazaki, 2001; Scapim *et al.*, 2002; Cruz e Pereira Filho, 2007; Rangel *et al.*, 2008). Dentre as instituições que atuam no melhoramento da cultura, no país, há a UFV, UEM, IAC, UEL, EMBRAPA - Milho e Sorgo e UENF. Na UENF, o Programa de Melhoramento de milho pipoca tem adotado duas vertentes: emprego de seleção

recorrente na população UNB-2U (Pereira e Amaral Júnior, 2001; Daros *et al.*, 2002; Daros *et al.*, 2004 a; Santos *et al.*, 2007; Vilela *et al.*, 2008) e implementação de dialelo circulante (Freitas Júnior *et al.*, 2006; Rangel *et al.*, 2007; Rangel *et al.*, 2008). O primeiro visa à obtenção de variedade melhorada, com os conseqüentes aumentos das freqüências de alelos favoráveis. A segunda vertente visa à identificação de híbridos superiores e de genitores para a formação de compostos.

Os trabalhos realizados com dialelo em milho pipoca no Brasil, não obstante serem raros, têm-se balizados no cruzamento de variedades (Zanete, 1989; Andrade *et al.*, 2002; Scapim *et al.*, 2002; Freitas Júnior *et al.*, 2006; Scapim *et al.*, 2006; Miranda *et al.*, 2007; Rangel *et al.*, 2008). Miranda *et al.* (2008) trabalhando com cinco genitores em esquema de cruzamento dialélico com gerações avançadas de híbridos (IAC 112 e Zélia) e três variedades (RS 20, Branco e SAM), concluíram que: a) há variabilidade genética nos materiais nacionais que permitem a exploração de efeitos não-aditivos para rendimento de grãos; e b) há reduzida possibilidade de obter híbridos comerciais diretamente de variedades locais do Brasil, uma vez que estas têm baixa performance para capacidade de expansão. Desse modo, a obtenção de híbridos de linhagens de milho pipoca torna-se uma estratégia relevante em programas de melhoramento (Miranda *et al.*, 2008; Rangel *et al.*, 2008).

Até o presente, não há relatos no país, de avaliação de híbridos de linhagens de milho pipoca por meio de esquema de cruzamento em dialelo. Os trabalhos de obtenção de híbrido simples modificado e triplo, fundamentam-se em procedimentos de *testcrosses* para inferir sobre a capacidade combinatória de linhagens em gerações S_3 , S_5 e, ou S_6 (Sawazaki *et al.*, 2000; Seifert *et al.*, 2006; Viana *et al.*, 2007).

Por conseguinte, desenvolveu-se o presente trabalho, pelo estabelecimento de cruzamentos dialélicos entre dez linhagens de milho pipoca na expectativa de contribuir para a futura recomendação de híbridos simples para os produtores do Norte e Noroeste Fluminense. Também interessou averiguar a capacidade de combinação e suas parametrizações heteróticas. Para tanto, adotaram-se as metodologias de Griffing (1956) e Gardner e Ebehart (1966). Ademais, tencionou-se investigar a herança de quatro características, por meio do procedimento de Hayman (1954).

2. REVISÃO DE LITERATURA

2.1. Origem e Aspectos Gerais do Milho Pipoca

O milho pipoca pertence à espécie *Zea mays* L., à família Poaceae, sub-família Panicoideae, tribo Maydeae. Quando comparado ao milho comum apresenta em geral grãos menores, maior prolificidade, menor vigor e maior suscetibilidade a doenças. Todavia, a capacidade de se expandir é a principal diferença entre os tipos pipoca e comum (Brunson, 1937; Kantety *et al.*, 1975; Larish e Brewbaker, 1999; Sawazaki, 2001).

Segundo Galinat (1977), há várias hipóteses aventadas quanto à origem genética do milho pipoca. No entanto, três são relevantes: a) o teosinte atual é o ancestral silvestre do milho; b) um teosinte primitivo é o ancestral silvestre, tanto do milho comum quanto do teosinte atual; e c) uma forma extinta de milho tunicado foi o ancestral do milho, sendo o teosinte uma forma mutante do tipo tunicado.

Segundo Goodman e Smith (1987) existem evidências genéticas e citológicas que comprovam o parentesco entre o milho e teosinte. Essas evidências confirmam o fato de que o milho e o teosinte apresentam facilidade de intercruzamento, originando descendentes geralmente férteis. Além disso, possuem o mesmo número e homologia dos cromossomos.

Mangelsdorf e Smith Jr. (1949) descrevem que o primeiro relato de descoberta do milho pipoca foi um exemplar com data estimada de 2500 a.C. encontrado no sítio arqueológico de 'Bat Cave', Novo México. Mangelsdorf (1974) analisando descobertas arqueológicas de doze sítios, localizados no México e no Sudoeste dos Estados Unidos da América, identificou os milhos mais antigos como precursores das raças mexicanas de milho pipoca Chapalote ou Nal-tel, não havendo indícios de que o teosinte seja o genitor silvestre do milho. Mangelsdorf (1974) afirma que o teosinte é mais especializado que o milho em alguns aspectos: adaptação a menor número de ambientes; redução de grãos pareados a únicos e endurecimento das glumas e ráquis, de forma que se hipotetiza que o milho é o ancestral e não o descendente do teosinte.

Segundo Erwin (1949), o milho pipoca surgiu de uma mutação do milho comum (tipo 'flint'), sendo então cultivado e consumido pelo homem. Porém, esta hipótese é pouco provável, pois segundo evidências arqueológicas, há indícios de que a evolução deve ter ocorrido em sentido contrário, uma vez que o milho pipoca está entre os tipos mais antigos de milho encontrados. Além do mais, segundo Zinsly e Machado (1987), a característica de expansão é condicionada por vários genes. Embora essas hipóteses não permitam uma conclusão concreta quanto à origem de *Zea mays* L., é incontestável que o milho pipoca teve participação marcante na formação dessa espécie (Zinsly e Machado, 1987).

2.2 Abordagem Econômica

Não obstante exista carência de informações sobre produção, área plantada e quantidade importada para a cultura do milho pipoca (Vendruscolo *et al.*, 2001; Carpentieri-Pípolo *et al.*, 2002) é reconhecido que o milho pipoca tem contribuição na safra brasileira de cereais, leguminosas e oleaginosas.

Nos últimos anos, tem-se revelado uma crescente tendência à auto-suficiência no abastecimento do consumo interno de milho pipoca. Na década de 90, estimava-se o consumo em 80 mil toneladas no Brasil, sendo que 75% dessa demanda era importada (Galvão *et al.*, 2000). Em 2003, importações

corresponderam a apenas 30%, com consumo estimado em 65 a 70 mil toneladas (Grupo Megaagro, 2004, citado por Vilela, 2004). No ano agrícola de 2004/2005, houve uma nova redução na importação de grãos em cerca de 20 mil toneladas, em virtude do uso em larga escala do híbrido simples modificado IAC-112 (Sawazaki, 2001; Santos *et al.*, 2007).

A utilização de sementes importadas de híbridos norte-americanos no país, principalmente pela Yoki Alimentos S.A., também contribui efetivamente para redução da importação de grãos (Sawazaki *et al.*, 2003). Tal empresa estabelece acesso restrito de uso das sementes importadas com os produtores parceiros da empresa.

Segundo Santos *et al.* (2007), o uso de sistema integrado entre empresas empacotadoras e produtores para o cultivo do milho pipoca tem crescido no país.

A garantia de produtividade e redução nos custos de produção é favorecida pelas empacotadoras, nas quais selecionam a região onde querem produzir, fornecem as sementes e a tecnologia necessária ao cultivo. Sabe-se que na safra de 2003, os melhores produtores colheram em média 50 a 60 sacas por hectare e repassadas às empresas empacotadoras no valor em torno de R\$ 45,00 por saca. O custo de produção variou de R\$ 800,00 a R\$ 1.200,00/hectare, de acordo com a tecnologia utilizada.

Em crescente desenvolvimento e expansão, a cultura do milho pipoca, no ano agrícola de 2008, atingiu o preço médio de R\$ 43,00 por saca de 30 kg. Supondo uma produção média de 2.500 quilos por hectare, obtém-se uma renda bruta de aproximadamente R\$ 3.583,00 por hectare, vendendo-se a saca a R\$ 43,00. Desse modo, a renda líquida situa-se em torno de R\$ 2.583,00 por hectare ao se descontar o custo médio de produção de aproximadamente R\$ 1.000,00 por hectare. Por conseguinte, há possibilidade de excelentes lucros com a cultura, considerando um ciclo de quatro meses por ano, ou ainda, se o produtor utilizar irrigação, pode-se obter até duas safras por ano, para as regiões Norte e Noroeste Fluminense.

Por uma análise, se as 83 sacas produzidas em média, cada qual com 30 kg, fossem vendidas como pipoca estourada diretamente ao consumidor, o produtor poderia obter lucros ainda maiores. A produção de 2.490,00 kg de milho pipoca

proporcionariam 74.700 litros de pipoca e, considerando o litro a R\$ 1,00, isso forneceria o valor de R\$ 74.700,00. Por esse raciocínio, se fossem auferidos os ganhos diretos entre o produtor e o consumidor com duas safras por ano, isso resultaria em cerca de R\$ 149.400,00.ha⁻¹.

Por estas conclusões, o cultivo do milho pipoca pode ser incentivado nas Regiões Norte e Noroeste Fluminense, como alternativa à diversificação das atividades agrícolas, em virtude do elevado valor econômico por área e a possibilidade de se agregar valor ao produto final.

É importante ressaltar que a região Noroeste Fluminense tem as atividades agropecuárias como sua principal atividade econômica, e que a Região Norte Fluminense, composta por nove municípios, caracteriza-se tradicionalmente pelo cultivo da cana-de-açúcar. Considerando-se os atrativos que a cultura do milho pipoca apresenta, há a possibilidade do surgimento de empresas empacotadoras nestas regiões, impulsionando a cadeia produtiva da cultura, principalmente da agricultura familiar, que no Estado do Rio de Janeiro representa 79,9 % dos estabelecimentos rurais (IBGE, 2006).

2.3. Histórico do Melhoramento do Milho Pipoca e a Trajetória do Programa de Dialelo da UENF

O desenvolvimento da indústria do milho pipoca nos EUA teve início na segunda metade do século XIX (Willier, 1927). Sabe-se que os primeiros trabalhos de produção de linhagens nos EUA começaram em 1925 (Brunson, 1937). O milho híbrido, utilizado desde a década de 30 para o melhoramento do milho pipoca, foi responsável pelo grande progresso obtido nessa cultura nos Estados Unidos da América, para produtividade e qualidade da pipoca (Ziegler e Ashman, 1994). No Brasil, o melhoramento do milho pipoca teve impulso a partir de 1990, embora o primeiro programa de milho híbrido tenha-se iniciado em 1932, no Instituto Agrônomo de Campinas (Krug *et al.*, 1943).

Segundo relatos do Dr. Eduardo Sawazaki¹, em 1973, o Instituto Agronômico de Campinas, possuía duas variedades, a “Branca Pontuda” e “South American Mushroom” (SAM). Naquela época, a Secretaria de Agricultura do Estado de São Paulo, estava produzindo sementes da SAM. Algumas empresas particulares como a Contibrasil e Braskalb chegaram a produzir essa variedade. A cultivar SAM é originada de introduções da “South American”, feita em 1941, a qual após seleção massal, foi lançada pelo IAC, em 1947.

O trabalho de melhoramento só foi retomado em 1982 quando foram liberados recursos da EMBRAPA para estudo de populações em cruzamentos dialélicos, sendo eleitas as cultivares SAM e Guarani, para o programa de melhoramento, visando ao melhoramento *per se* dessas variedades e utilização comercial do híbrido intervarietal no início do programa e de híbridos de linhagens, em uma fase posterior. O híbrido intervarietal não chegou a ser utilizado comercialmente, pois sua qualidade visual dos grãos era indesejável. A variedade Guarani tem os grãos compridos, variando a cor de endosperma e a cor de aleurona.

Em 1998 foi lançado o híbrido simples modificado IAC 112, sendo que um pouco antes foi lançado o híbrido triplo Zélia, cujo programa de melhoramento foi realizado por Dr. Edmilson Linares¹, pouco após haver sido iniciado o trabalho para obtenção do IAC 112. Porém, as pesquisas conduzidas por Edmilson Linares tinham recursos da empresa PIONEER, o que permitiu que o programa evoluísse rapidamente para a obtenção do híbrido.

Esses dois híbridos foram os primeiros a serem lançados no Brasil. O IAC 112 originou-se de uma combinação de linhagens da variedade SAM com linhagens oriundas do cruzamento Guarani x UFV amarelo. Em abril de 2006, foi registrado o IAC 125, que é um híbrido *topcross* (híbrido simples x variedade), resultado do cruzamento do IAC 112 com um sintético obtido de um híbrido norte-americano. O IAC 125 é uma versão de híbrido simples do IAC 112. Atualmente o IAC 112 é o híbrido de melhor sanidade de espiga com grande estabilidade de produção, devido à resistência às principais doenças foliares, viroses e a podridões de grãos.

¹ Sawazaki, Eduardo. IAC, 2006. Informação Pessoal

Dentre as cultivares de milho pipoca do tipo variedade, destaca-se a RS-20, na qual apresenta qualidade equivalente aos híbridos, porém com baixos valores de produção. É uma variedade de polinização aberta, que na safra de 2002/2003, teve sua parcela de contribuição no mercado nacional (Daros, 2003).

Uma estratégia pertinente para o lançamento de variedades, é a obtenção de variedade melhorada a partir de composto. Um exemplo é a variedade BRS ANGELA, oriunda de ciclos de seleção recorrente do composto CMS-43, da EMBRAPA/CNPMS (Pacheco *et al.*, 2000). BRS ANGELA é uma variedade produtiva e com boa qualidade de pipoca, apesar de seus grãos serem brancos, limitando sua difusão no mercado (Sawazaki, 2001).

A despeito do lançamento de novos materiais para plantio comercial, há necessidade de estudos que objetivem o desenvolvimento de materiais adaptados para cada região de cultivo. Com a finalidade de disponibilizar aos produtores da região Norte e Noroeste Fluminense, materiais com características desejáveis, a Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, desenvolve um Programa de Melhoramento de milho pipoca em duas principais linhas de atuação: implementação de ciclos de seleção recorrente na população UNB-2U e melhoramento por meio de cruzamentos dialélicos entre variedades e, mais recentemente, entre linhagens.

O programa de seleção recorrente iniciou com a população UNB-2U, proveniente de dois ciclos de seleção massal de UNB-1 que, por sua vez, derivou-se de um composto indígena e que foi cruzado com a variedade “Americana”, cujas progênies foram retrocruzadas com uma variedade “Amarela”, assim designada por conter grãos de mesma cor (Pereira e Amaral Júnior, 2001).

Após cinco ciclos de seleção recorrente em UNB-2U, houve uma evolução de $19,00 \text{ mL.g}^{-1}$ para $28,00 \text{ mL.g}^{-1}$ para capacidade de expansão; e de $1.700,00 \text{ kg.ha}^{-1}$ em relação a rendimento de grãos.

Com relação ao dialelo intervarietal, Freitas Júnior *et al.* (2006) avaliaram a capacidade combinatória de dez genitores em esquema de dialelo circulante, em dois ambientes: Campos dos Goytacazes e Itaocara, RJ. Concluíram que os híbridos PR Ervália x BRS ANGELA e UNB2U-C1 x BRS ANGELA são de interesse para obtenção de segregantes superiores e que a análise de dialelo circulante em um

conjunto de ambientes provê resultados mais adequados do que a avaliação em um único ambiente.

Rangel *et al.* (2007) avaliaram os genótipos do dialelo de Freitas Júnior *et al.* (2006), com a incorporação de dois cultivos em 2002/2003 e 2003/2004 e corroboraram que o híbrido UNB 2U-C1 x BRS ANGELA tem o potencial para utilização em caráter experimental pelos produtores do Norte e Noroeste Fluminense.

Porém, é consabido que a maior expectativa de sucesso na obtenção de híbridos provém do cruzamento entre linhagens pré-selecionadas (Paterniani e Miranda Filho, 1978; Vencovsky e Cruz, 1989; Hallauer e Miranda Filho, 1988). Tal assertiva tem motivado o direcionamento da trajetória do melhoramento de milho pipoca da UENF, por meio de dialelo entre linhagens. Tem-se, pois, uma opção de trabalho com expectativas alvissareiras de resultados promissores em curto prazo.

O presente trabalho caminha nessa direção, com a obtenção e a avaliação dos primeiros híbridos simples para o programa de melhoramento da UENF. Certamente abrirá opção para teste de híbridos simples modificado ou mesmo de híbridos triplos, para que se disponibilize material de elevada rentabilidade para os produtores do Norte e Noroeste Fluminense.

2.4. Análise Dialélica e Aplicações ao Milho Pipoca

O dialelo é um sistema em que um grupo de p genótipos são cruzados entre si, disponibilizando o máximo de p^2 combinações. No procedimento de cruzamentos dialélicos a capacidade combinatória subdivide-se em capacidade geral e capacidade específica de combinação (Sprague e Tatum, 1942; Vencovsky, 1970).

A capacidade geral de combinação (CGC) corresponde ao comportamento dos genitores, quando uma linhagem é cruzada com outra, e está associada à ação aditiva dos genes. A capacidade específica de combinação (CEC) corresponde ao comportamento médio dos híbridos e está associada aos efeitos da dominância (Griffing, 1956; Ramalho *et al.*, 1993; Vencovsky, 1970). De acordo com Cruz *et al.* (2004), a análise dialélica utiliza a estimação de parâmetros genéticos para auxiliar

na escolha de um método de seleção mais eficiente e também indica os melhores genitores para hibridação.

O método proposto por Griffing (1956) estima os efeitos de CGC e CEC. Este procedimento é fundamentado em modelos estatísticos, e apresenta um conjunto máximo de p^2 genótipos. Estes são obtidos a partir de cruzamentos entre p variedades, linhagens ou cultivares, cujos dados são dispostos em uma tabela dialélica ($p \times p$), sendo que X_{ii} representa o valor médio para a linhagem autofecundada de ordem i ; X_{ij} representa o valor médio para a F_1 resultante do cruzamento entre as linhagens i e j ; e x_{ji} representa a F_1 recíproca (Vencovsky, 1970; Cruz *et al.*, 2004). A metodologia de Griffing (1956) é apresentada em quatro métodos: Método 1, em que são avaliadas as p^2 combinações (genitores, F_1 's e recíprocos); Método 2, em que se avaliam as $p(p+1)/2$ combinações (genitores e F_1 's); Método 3, em que se avaliam somente as $p(p-1)$ combinações (híbridos e recíprocos); e Método 4, que se avaliam somente as $p(p-1)/2$ combinações (híbridos). Os métodos podem ser analisados como modelo aleatório ou fixo, de acordo com a natureza amostral dos genitores (Ramalho *et al.*, 1993; Cruz *et al.*, 2004).

O modelo fixo pressupõe que os efeitos genéticos sejam fixos, no qual os genitores possuem propriedades genéticas particulares, e por isso, não correspondem a uma amostra da população. No entanto, quando os genitores utilizados representam a população, sendo possível estimar parâmetros populacionais, denomina-se o modelo como aleatório (Cruz *et al.*, 2004).

Larish e Brewbaker (1999), com base na metodologia de Griffing (1956), analisaram dois dialelos em milho pipoca, um de seis variedades de milho pipoca e outro de cinco linhagens americanas para avaliação do rendimento de grãos e capacidade de expansão. Houve heterose positiva para rendimento de grãos e heterose negativa para capacidade de expansão para os dois dialelos. A razão entre a capacidade geral de combinação e capacidade específica de combinação foi alta para todas as características, o que permitiria desta maneira, ganhos rápidos por seleção. Ambos os dialelos possibilitaram afirmar que os melhoristas dos trópicos deveriam trabalhar com dois grupos heteróticos formados pelas variedades "Supergold" e "Japanese Hulless".

Andrade *et al.* (2002) avaliaram, por meio da metodologia de Griffing (1956), 15 híbridos $F_{1's}$ e seus recíprocos, os quais foram obtidos por cruzamentos dialélicos entre seis variedades de milho pipoca (Amarela, Roxa, Branca, Rosa-claro, Beija-flor e Viçosa). A variedade Viçosa foi indicada para ser usada em híbridos ou como fonte de linhagens para uso em programas de melhoramento intra ou interpopulacional. Destacou-se o híbrido Viçosa x Roxa, com resultados alvissareiros para rendimento de grãos e capacidade de expansão. Para iniciar programa de seleção recorrente recíproca, foram indicadas as combinações híbridas Viçosa x Roxa e Rosa-claro x Beija-flor devido à elevada complementação em relação ao peso de grãos e capacidade de expansão. Verificaram, ainda, que houve pouca expressividade dos efeitos recíprocos para as características avaliadas.

Miranda *et al.* (2008) utilizaram a metodologia de Griffing (1956) para análise da variabilidade genética e identificação de grupos heteróticos entre variedades de milho pipoca. Com base nos resultados, concluíram que há suficiente variabilidade genética entre as populações avaliadas, que explicam os efeitos aditivos e não-aditivos para rendimento de grãos. No entanto, as populações de milho pipoca revelaram reduzida heterose e variabilidade genética para capacidade de expansão em relação às cultivares comerciais.

A metodologia de Gardner e Ebehart (1966) fornece informações detalhadas a respeito do potencial *per se* dos genitores e da heterose manifestada nas combinações híbridas. A heterose é, então, decomposta em heterose média, heterose varietal e heterose específica, a partir de uma parametrização crescente, tendo como base quatro modelos. No Modelo 1, preconiza-se que não há heterose nos cruzamentos obtidos; no Modelo 2, a heterose é considerada constante para todos os cruzamentos; para o Modelo 3, preconiza-se que há uma heterose diferencial, em virtude dos efeitos de variedade, além da heterose constante nos cruzamentos; e no Modelo 4, admite-se que há uma heterose específica para cada cruzamento, além das heteroses pressupostas no modelo 3.

Com relação à metodologia de Gardner e Ebehart (1966), Vencovsky (1970) destacou que a heterose média é função linear da dominância e das variâncias das freqüências gênicas entre os genitores, podendo ser aumentada se houver aumento da variância das freqüências gênicas, no mínimo em parte dos locos dominantes. Se

o genitor revela valores positivos para heterose varietal, indica que há dispersão das freqüências gênicas em relação à freqüência gênica média. Entretanto, genitores que apresentam valores negativos para heterose varietal, indicam que estes apresentam menor diversidade em relação aos demais genitores.

Scapim *et al.* (2002) realizaram cruzamentos dialélicos entre nove populações de milho pipoca (UNB-2, RS-20, UEM-J1, UEM-M2, CMS-42, CMS-43, Viçosa, Beija-flor e a geração avançada do híbrido triplo Zélia) para a obtenção dos 36 híbridos F_1 's com o intuito de obter informação sobre estimativas de capacidade combinatória e da heterose. A partir dos resultados, concluiu-se que as populações Beija-flor e RS-20 foram recomendadas para iniciar programa de seleção recorrente recíproca, pois se complementam em relação ao rendimento de grãos e à capacidade de expansão.

Com o intuito de selecionar genitores promissores e detectar a melhor estratégia de melhoramento para iniciar um programa com milho pipoca, Scapim *et al.* (2006) utilizaram informações sobre capacidade combinatória e heterose de oito populações com relação às características altura de planta e espigas, capacidade de expansão e rendimento de grãos. Os resultados demonstram que, a capacidade de expansão destas populações, não são favoráveis para explicar os efeitos de heterose nos híbridos. A capacidade de expansão revelou reduzida heterose, sendo o melhoramento intrapopulacional das populações BRS ANGELA e SC 002 a melhor estratégia de melhoramento para elevação da característica.

Rinaldi *et al.* (2007) correlacionaram a heterose com a divergência genética, por meio de cruzamento dialélico entre oito populações de milho pipoca, gerando 28 híbridos. A utilização da técnica de RAPD para obtenção das estimativas de distâncias genéticas entre as populações, permitiu a detecção de correlações positivas e significativas entre a divergência genética estimada pelos marcadores RAPD e massa de grãos, prolificidade e altura de planta e espigas. Entretanto, não foi detectada correlação significativa para capacidade de expansão, florescimento e heterose percentual, com a divergência genética.

Diferentemente das metodologias citadas, o método de Hayman (1954) baseia-se no conhecimento da natureza ambiental e genética de médias, variâncias e covariâncias, não advindo de modelos estatísticos previamente estabelecidos. A

metodologia de Hayman (1954) possibilita uma série de informações de elevada contribuição para o melhoramento: estima o grau médio de dominância dos genes controladores da característica em estudo; classifica os genitores com base na concentração de genes dominantes e recessivos; determina o número de genes envolvidos na característica e a simetria alélica entre os genitores; identifica a presença de interações epistáticas; estima o limite de seleção a ser atingido; e estima o componente genético de determinação genotípica.

Para sua utilização, devem-se atender algumas pressuposições: segregação diplóide; ausência de efeito materno, epistasia e alelismo múltiplo; homozigose parental; e distribuição independente dos genes entre os genitores.

Em milho pipoca, ainda não se tem relato de utilização da metodologia de Hayman (1954) para estudo da herança de características e dos limites com emprego de seleção. Suas restrições talvez sejam o maior empecilho para sua maior difusão e utilização por parte dos pesquisadores.

Como não há relatos de dialelo completo em milho pipoca, é válido destacar o uso de dialelo circulante como estratégia utilizada quando se tem elevado *quantum* de genitores. Como exemplo, Freitas Júnior *et al.*, 2006 avaliaram a capacidade combinatória de dez genitores e quinze híbridos em esquema de dialelo circulante em dois ambientes do estado do Rio de Janeiro no ano agrícola de 2003/2004. Os resultados indicaram os genitores UNB-2U, BRS ANGELA, UNB2U-C2 e Viçosa-UFV para o melhoramento intrapopulacional, enquanto para inter cruzamentos as melhores combinações foram PR Ervália x BRS ANGELA e UNB2U-C1 x BRS ANGELA.

Rangel *et al.* (2008) reavaliaram, em 2004/2005, os híbridos e genitores do dialelo circulante implementado em 2003/2004 por Freitas Júnior *et al.* (2006). Os autores concluíram pela possibilidade de ganhos *per se* e nos híbridos, principalmente para capacidade de expansão e rendimento de grãos. Constataram ainda ser a heterobeltiose um efeito comum para rendimento de grãos.

3. MATERIAL E MÉTODOS

3.1. Pré-seleção e Multiplicação das Linhagens

Contatos estabelecidos com o Dr. Carlos Alberto Scapim, da UEM, permitiram a obtenção de dez linhagens em S_7 , nas quais foram pré-selecionadas pela Universidade Estadual de Maringá. As linhagens foram designadas por P_1 (PR 023), P_2 (PR 024), P_3 (PR 036), P_4 (UEM J1), P_5 (PR 045-1), P_6 (PR 045-2), P_7 (PR 045-3), P_8 (PR 087-1), P_9 (PR 087-2) e P_{10} (PR 087-3). Estas linhagens foram multiplicadas, no Colégio Estadual Agrícola Antonio Sarlo, no Município de Campos dos Goytacazes, RJ, no ano agrícola de 2006/2007. Para tanto, cada linhagem foi cultivada em quatro fileiras de 5,00 no espaçamento de 1,00 m entre fileiras e 0,40 m entre plantas. A profundidade de plantio no sulco foi de 0,05 m. Aos 30 dias após a emergência, foi realizado o desbaste, deixando-se uma planta por cova. A adubação foi feita utilizando-se $350 \text{ kg} \cdot \text{ha}^{-1}$ de NPK, na formulação 04-14-08.

A adubação de cobertura foi realizada aos 30 dias após o plantio, utilizando-se 60 kg de nitrogênio por hectare, na forma de sulfato de amônio. Os tratos culturais foram realizados conforme o recomendado para a cultura (Sawazaki, 2001).

O procedimento de multiplicação das linhagens foi realizado da seguinte forma: quando os pendões estavam aptos à dispersão dos grãos de pólen, de cada população, em cada uma das quatro fileiras correspondentes, os pendões eram

cobertos por sacos de papel tipo 'kraft'. Os pendões da fileira contidos no saco de papel eram, então, utilizados para polinizar as espigas de mesma fileira, pelo cobrimento da espiga receptiva com o saco de papel contendo os pendões.

A colheita das linhagens, ou seja, das espigas das quatro fileiras correspondentes a cada introdução, ocorreu, aproximadamente, 120 dias após o plantio. As espigas das quatro fileiras representativas de cada introdução foram reunidas e identificadas pela designação da linhagem original.

3.2. Obtenção dos Híbridos Dialélicos

Para a obtenção das populações híbridas, em março de 2007, no Colégio Estadual Agrícola Antonio Sarlo, em Campos dos Goytacazes, RJ, as dez linhagens foram cultivadas em fileiras, compondo os 45 híbridos simples, cada fileira contendo 6,00 m de comprimento, espaçada em 1,00 m da outra fileira e com espaçamento entre plantas de 0,40 m, compondo os 45 pares dialélicos.

Os cruzamentos foram realizados manualmente, entre as plantas dos pares de fileiras, conforme consta na Tabela 1. Para tanto, realizou-se a cobertura dos pendões maduros com saco de papel "kraft", de determinada planta de uma fileira, correspondente a uma linhagem.

Depois, o saco foi utilizado para encobrimento de espiga apta para polinização de planta de outra linhagem, após corte de cerca de 0,05 m dos estiletes. Estas espigas foram protegidas do pólen de plantas indesejáveis pelo uso de saco plástico, anteriormente ao aparecimento do estilo-estigma. Deve-se assegurar que as sacolas foram bem colocadas, com o intuito de prevenir contaminação por pólen de outras plantas. Além disso, deve-se observar se há quantidade suficiente de pólen viável na sacola do pendão para realizar a fertilização. Foram realizadas polinizações de 100 espigas por par de fileiras, para a obtenção de suficiente quantidade de sementes para a continuidade do processo.

Tabela 1 - Esquema de cruzamentos em dialelo completo entre dez linhagens de milho pipoca.

Linhagens	P ₁	P ₂	P ₃	P ₄	P ₅	P ₆	P ₇	P ₈	P ₉	P ₁₀
P ₁	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X
P ₂		X	X	X	X	X	X	X	X	X
P ₃			X	X	X	X	X	X	X	X
P ₄				X	X	X	X	X	X	X
P ₅					X	X	X	X	X	X
P ₆						X	X	X	X	X
P ₇							X	X	X	X
P ₈								X	X	X
P ₉									X	X
P ₁₀										X

P₁ = PR 023; P₂ = PR 024; P₃ = PR 036; P₄ = UEM J1; P₅ = PR 045-1; P₆ = PR 045-2; P₇ = PR 045-3; P₈ = PR 087-1; P₉ = PR 087-2; P₁₀ = PR 087-3.

3.3. Avaliação dos Híbridos, Genitores do Dialelo e Testemunhas

As populações híbridas e genitoras foram semeadas no dia 13 de novembro de 2007, no Colégio Estadual Agrícola Antônio Sarlo, em Campos dos Goytacazes, região Norte do estado do Rio de Janeiro, situado a 21° 45' de latitude sul e 41° 20' W de longitude e a 11 m de altitude (Oliveira, 1996), classificado como tropical chuvoso, clima de bosque com uma precipitação média anual de 1023 mm, evapotranspiração potencial de 1601 mm anuais e temperatura média anual de 23° C. Nos dias 28 e 29 de novembro de 2007, foram semeadas as populações híbridas e genitoras no segundo ambiente, situado na Estação Experimental da PESAGRO-RIO de Itaocara, na Região Noroeste Fluminense, situada a 21° 39' 12" de latitude sul e 42° 04' 36" W de longitude e a 60 m de altitude, com temperatura média anual de 22,5° C e precipitação média anual de 1041 mm (Fontes, 2002).

A avaliação dos híbridos e genitores foi realizada em janeiro e fevereiro de 2008, juntamente com materiais comerciais (IAC112, IAC125 e Zélia) com elevada capacidade de expansão e produção de grãos. Os híbridos, genitores e testemunhas foram cultivados em delineamento em blocos ao acaso, com três repetições, nos dois ambientes contrastantes mencionados anteriormente. O sorteio das linhagens foi feito separado dos híbridos para evitar efeito de competição. Cada bloco foi constituído de 58 tratamentos que correspondem as dez linhagens genitoras, 45 híbridos dialélicos e três testemunhas, cultivados em fileiras simples de 10,00 m de comprimento e espaçamento de 0,90 m entre fileiras e 0,20 m entre plantas. As testemunhas a serem utilizadas são: o híbrido simples modificado IAC 112; o híbrido “top cross” IAC 125; e o híbrido triplo Zélia.

As seguintes características foram avaliadas:

- a) número total de espigas por parcela (NE);
- b) número médio de espigas doentes (ED);
- c) número médio de espigas atacadas por pragas (EP);
- d) peso médio de espigas com grãos (PE);
- e) rendimento de grãos (RG);
- f) massa média de 100 grãos, em g (M100);
- g) altura média da planta, em cm (AP);
- h) altura média de inserção da espiga superior, em cm (AE);
- i) número médio de dias para florescimento (FLOR);
- j) capacidade de expansão dos grãos (CE);
- k) número médio de plantas acamadas (PAC);
- l) número médio de plantas quebradas (PQ);
- m) estande final (EST); e
- n) número médio de espigas mal empalhadas (EMP).

O número total de espigas da parcela foi quantificado pelo número de espigas colhidas em cada parcela. O número total de espigas doentes foi obtido pela contagem de espigas doentes por parcela. O número médio de espigas atacadas por pragas foi expresso pela contagem do número de espigas atacadas por pragas por parcela. O peso de espigas foi obtido por pesagem das espigas despalhadas, após a colheita, em $\text{kg} \cdot \text{ha}^{-1}$.

O rendimento de grãos foi determinado por meio da pesagem dos grãos após a eliminação do sabugo sendo expressa em $\text{kg}\cdot\text{ha}^{-1}$. Quanto à massa média de 100 grãos, foram pesados, em balança com duas casas decimais, 100 grãos tomados aleatoriamente de plantas distintas de cada parcela (Lira, 1983).

A altura da planta foi quantificada em cm, após o pendoamento, do nível do solo à inserção da folha bandeira, em dez plantas competitivas. Já a altura da espiga foi obtida pela quantificação da distância, em cm, do nível do solo à base de inserção da espiga superior, em dez plantas competitivas, conforme descrito por Brunson (1937), Verma e Singh (1979) e Lira (1983). O número médio de dias para o florescimento foi obtido pela quantificação do período compreendido entre o plantio e a liberação dos estilos de 50 % das plantas da fileira.

A capacidade de expansão foi determinada em laboratório, pela utilização de forno microondas da marca Panasonic modelo NN-S65B, colocando-se 30 g de sementes em pote plástico especial obtido nos EUA, na potência de 1000 W, por três minutos, em seis repetições por tratamento, possibilitando a avaliação quantitativa da expansão do milho por meio de controles automáticos de potência e tempo de aquecimento da mistura dos grãos do milho pipoca.

A proporção de plantas acamadas foi obtida pela relação entre o número de plantas acamadas na parcela e o estande final. Foram consideradas plantas acamadas, aquelas que apresentaram um ângulo de inclinação superior a 45° , em relação à vertical, na ocasião da colheita. A proporção de plantas quebradas foi obtida pela relação entre o número de plantas quebradas na parcela e o estande final. Foram consideradas plantas quebradas aquelas que estavam com o colmo quebrado, abaixo da espiga superior, na ocasião da colheita.

O estande final foi obtido pelo número de plantas na parcela, na ocasião da colheita. As espigas mal empalhadas foram expressas pela contagem do número de espigas mal empalhadas por parcela. As espigas foram colhidas manualmente com umidade próxima de 17 %, e posteriormente levadas ao secador. O grau da umidade foi quantificado por meio do método padrão de estufa com circulação de ar ($105^{\circ}\text{C} \pm 3^{\circ}\text{C}$, durante 24 horas), com três repetições, de acordo com as Regras para Análise de Sementes (Brasil, 1992). Os resultados foram expressos em % de umidade, em base úmida.

3.4. Análise Estatística

Para a análise genético-estatística dos resultados, utilizaram-se os recursos computacionais do Programa GENES (Cruz, 2006).

3.4.1. Análise de Variância

A partir das características mensuradas nos dez genitores, 45 F_1 's e três testemunhas, foi realizada a análise de variância, empregando-se o modelo genético-estatístico $Y_{ij} = \mu + g_i + b_j + \xi_{ij}$, em que:

Y_{ij} = valor fenotípico da ij-ésima observação referente ao i-ésimo genótipo no j-ésimo bloco;

μ = média geral da característica;

g_i = efeito do i-ésimo genótipo;

b_j = efeito do j-ésimo bloco; e

ξ_{ij} = erro experimental médio.

O esquema da análise de variância univariada em cada ambiente, com as respectivas esperanças dos quadrados médios, considerando-se como fixo a fonte de variação genótipo, encontra-se na Tabela 2.

Tabela 2 - Análise de variância univariada e esperança de quadrados médios, utilizando $F_{1's}$, genitores e testemunhas.

FV	GL	QM	E (QM)
Blocos	b - 1	QM ₃	$\sigma^2 + t \sigma_2^2 b$
Tratamentos (t)	t - 1	QM ₂	$\sigma^2 + b \phi t$
Genótipos (pais + $F_{1's}$)	g - 1	QM _{2.1}	$\sigma^2 + b t e \phi g$
Pais	p - 1	QM _{2.1.1}	$\sigma^2 + b \phi p$
$F_{1's}$	$F_1 - 1$	QM _{2.1.2}	$\sigma^2 + b \phi f_1$
Pais x $F_{1's}$	1	QM _{2.1.3}	$\sigma^2 + b \phi p f_1$
Testemunhas (te)	te - 1	QM _{2.2}	$\sigma^2 + b g \phi t e$
Genótipo x te	1	QM _{2.3}	$\sigma^2 + b \phi g t e$
Erro	(b - 1) (t - 1)	QM ₁	σ^2

Em que: b = número de blocos; g = número de genótipos (pais + $F_{1's}$); t = número de tratamentos (pais + $F_{1's}$ + testemunhas); e te = número de testemunhas.

A análise de variância conjunta para os ambientes em relação às características avaliadas, foi realizada, considerando-se como fixo os genótipos e os ambientes, por meio do modelo genético-estatístico, conforme Hallauer e Miranda Filho (1988), $Y_{ijk} = \mu + (b/a)_{jk} + g_i + a_j + g a_{ij} + \xi_{ijk}$, em que:

Y_{ijk} = observação do k-ésimo bloco, avaliado no i-ésimo genótipos e j-ésimo ambiente;

μ = média geral do ensaio;

$(b/a)_{jk}$ = efeito do bloco k dentro do ambiente j;

g_i = efeito do genótipo i;

a_j = efeito do ambiente j;

$g a_{ij}$ = efeito aleatório da interação entre o genótipo i e o ambiente j; e

ξ_{ijk} = erro experimental associado à observação ijk.

O esquema da ANOVA conjunta é apresentado na Tabela 3.

Tabela 3 - Análise de variância conjunta e esperança de quadrados médios, utilizando F_1 's, genitores e testemunhas.

FV	GL	QM	E (QM)
Bloco/Ambiente	a (b-1)	QM ₅	$\sigma^2 + t \sigma^2_{B/A}$
Ambiente (a)	a - 1	QM ₄	$\sigma^2 + b t \phi_A$
Tratamentos (t)	t - 1	QM ₃	$\sigma^2 + b \phi_{TA} + ba \phi_T$
Genótipos (g)	g - 1	QM _{3.1}	$\sigma^2 + b \phi_{GA} + ba \phi_G$
Pais	p - 1	QM _{3.1.1}	$\sigma^2 + b \phi_{AP} + b \phi_{GA} + ba \phi_P$
F_1 's	$F_1 - 1$	QM _{3.1.2}	$\sigma^2 + b \phi_{AF_1} + b \phi_{GA} + ba \phi_{F_1}$
Pais x F_1 's	1	QM _{3.1.3}	$\sigma^2 + b \phi_{APF_1} + ba \phi_{PF_1}$
Testemunhas(te)	te - 1	QM _{3.2}	$\sigma^2 + b \phi_{ATe} + ba \phi_{Te}$
g x te	1	QM _{3.3}	$\sigma^2 + b \phi_{AGTe} + ba \phi_{GTe}$
a x t	(a - 1) (t - 1)	QM ₂	$\sigma^2 + b \phi_{TA}$
a x g	(a-1) (g-1)	QM _{2.1}	$\sigma^2 + b \phi_{GA}$
a x Pais	(a-1) (p-1)	QM _{2.1.1}	$\sigma^2 + b \phi_{AP}$
a x F_1 's	(a-1) (F_1 -1)	QM _{2.1.2}	$\sigma^2 + b \phi_{AF_1}$
a x Pais x F_1 's	(a-1) (1)	QM _{2.1.3}	$\sigma^2 + b \phi_{APF_1}$
a x te	(a-1) (te - 1)	QM _{2.2}	$\sigma^2 + b \phi_{ATe}$
a x g x te	(a-1) (1)	QM _{2.3}	$\sigma^2 + b \phi_{AGTe}$
Erro	a (b - 1) (t - 1)	QM ₁	σ^2

Em que: a = número de ambientes; b = número de blocos; t = número de tratamentos (pais + F_1 's + testemunhas); g = números de genótipos (pais + F_1 's); e te = número de testemunhas.

3.4.2. Análise Dialélica

Foram utilizados três métodos, fundamentados em cruzamentos dialélicos completos: Griffing (1956); Gardner e Ebehart (1966); e Hayman (1954).

3.4.2.1. Determinação da capacidade combinatória (Griffing, 1956)

Neste procedimento, as análises de capacidade combinatória foram realizadas de acordo com o Método 2, o qual inclui os genitores e F_{1s} , empregando-se o Modelo B, em que se considera o efeito fixo dos genótipos.

O modelo estatístico considerado para a análise é baseado na média das repetições, a saber:

$$Y_{ij} = m + g_i + g_j + s_{ij} + \bar{\varepsilon}_{ij},$$

Em que:

Y_{ij} = é o valor médio da combinação híbrida ($i \neq j$) ou do genitor ($i = j$);

m = média geral de todos os tratamentos;

g_i = corresponde ao efeito da capacidade geral de combinação do progenitor i ;

g_j = corresponde ao efeito da capacidade geral de combinação do progenitor j ;

s_{ij} = corresponde ao efeito da capacidade específica de combinação para os cruzamentos entre os progenitores i e j ; e

$\bar{\varepsilon}_{ij}$ = correspondendo ao erro experimental médio.

Os estimadores das capacidades geral e específica de combinação foram obtidos por meio do Método dos Mínimos Quadrados e as equações normais $X'Y = X'X\hat{\beta}$, derivadas a partir do modelo linear $Y = X\beta + \varepsilon$, em que $\varepsilon \sim NID(\phi, I\sigma_q^2)$ (Cruz *et al.*, 2004).

Assim, obtém-se:

$$Y_{..} = \frac{p(p+1)}{2} \hat{m} + (p+1) \sum_i \hat{g}_i + \frac{1}{2} \sum_i (\hat{s}_{ii} + \sum_j \hat{s}_{ij})$$

$$Y_{ii} + Y_{i.} = (p + 1) \hat{m} + (p + 2) \hat{g}_i + \sum_j \hat{g}_j + (\hat{s}_{ii} + \sum_j \hat{s}_{ij})$$

$$Y_{ij} = \hat{m} + \hat{g}_i + \hat{g}_j + \hat{s}_{ij}$$

Considerando-se as restrições $\sum_i \hat{g}_i = 0$ e $\hat{s}_{ii} + \sum_j \hat{s}_{ij} = 0$ (para cada i),

(Griffing, 1956), obtiveram-se os seguintes estimadores dos efeitos (Cruz *et al.*, 2004):

$$\hat{m} = \frac{2}{p(p+1)} Y_{..}$$

$$\hat{g}_i = \frac{1}{p+2} [Y_{ii} + Y_{i.} - (p+1)\hat{m}] = \frac{1}{p+2} \left[Y_{ii} + Y_{i.} - \frac{2}{p} Y_{..} \right]$$

$$\hat{s}_{ij} = Y_{ij} - (\hat{m} + \hat{g}_i + \hat{g}_j) = Y_{ij} - \frac{1}{p+2} [Y_{ii} + Y_{jj} + Y_{i.} + Y_{.j}] + \frac{2}{(p+1)(p+2)} Y_{..},$$

Em que:

\hat{m} = estimador da média geral;

\hat{g}_i = estimador do efeito da capacidade geral de combinação; e

\hat{s}_{ij} = estimador do efeito da capacidade específica de combinação.

Então, foram obtidas as somas de quadrados (Cruz *et al.*, 2004):

$$SQ(\hat{m}) = \hat{m}^2 Y_{..} = \frac{1}{p(p+1)} Y_{..}^2$$

$$SQ(\hat{g}_i) = SQ(CGC) = \sum_i \hat{g}_i^2 (Y_{ii} + Y_{i.}) = \frac{1}{p+2} \left[\sum (Y_{ii} + Y_{i.})^2 - \frac{4}{p} Y_{..}^2 \right]$$

$$SQ(\hat{s}_{ij}) = SQ(CEC) = \sum_{i \leq j} \sum \hat{s}_{ij}^2 Y_{ij} =$$

$$\sum_{i \leq j} \sum Y_{ij}^2 - \frac{1}{p+2} \sum_i (Y_{ii} + Y_{i.})^2 + \frac{2}{[(p+1)(p+2)]} Y_{..}^2$$

O esquema da análise de variância para cada ambiente está presente na Tabela 4 (Hallauer e Miranda Filho, 1988).

Tabela 4 - Esquema de análise de variância para CGC e CEC, com as respectivas esperanças de quadrados médios e expressões de soma de quadrados, segundo Griffing (1956), Modelo B, Método 2.

FV	GL	QM	E (QM)
Bloco	b-1	QM ₃	$\sigma^2 + g \sigma^2_B$
Genótipos	g-1	QM ₂	$\sigma^2 + b \phi_G$
CGC	p-1	QM _{2.1}	$\sigma^2 + bs (p+2) / (p-1) \phi_{gi}$
CEC	ps / 2	QM _{2.2}	$\sigma^2 + b \phi_{si}$
Resíduo	(b -1)(g-1)	QM ₁	σ^2

Em que: b = número de blocos; s = número de cruzamentos; p = número de genitores; ϕ_{si} = capacidade específica de combinação; e ϕ_{gi} = capacidade geral de combinação.

O esquema da análise de variância conjunta está presente na Tabela 5 (Hallauer e Miranda Filho, 1988).

Tabela 5 - Esquema de análise de variância conjunta para CGC e CEC, com as respectivas esperanças de quadrados médios e expressões de soma de quadrados, segundo Griffing (1956), Modelo B, Método 2.

FV	GL	QM	E (QM)
Bloco / Ambiente	a (b-1)	QM ₅	$\sigma^2 + g \sigma^2_{b/a}$
Genótipos (g)	g -1	QM ₄	$\sigma^2 + ba \phi_g$
CGC	p-1	QM _{4.1}	$\sigma^2 + bas (p+2)/(p-1) \phi_{gi}$
CEC	ps / 2	QM _{4.2}	$\sigma^2 + ba \phi_{si}$
Ambiente (g)	a -1	QM ₃	$\sigma^2 + bg \phi_a$
g x a	(a-1) (g-1)	QM ₂	$\sigma^2 + b \phi_{ga}$
CGC x a	(p-1) (a-1)	QM _{2.1}	$\sigma^2 + bs (p+2)/(p-1) \phi_{giA}$
CEC x a	(ps / 2) (a-1)	QM _{2.2}	$\sigma^2 + b \phi_{siA}$
Resíduo	a (b -1) (g-1)	QM ₁	σ^2

Em que: b = número de blocos; a = número de ambientes; s = número de cruzamentos; p = número de genitores; ϕ_{si} = capacidade específica de combinação; e ϕ_{gi} = capacidade geral de combinação.

Para cada característica avaliada obteve-se a heterose relativa, por meio da média dos genitores e F_1 , pela expressão (Falconer, 1987):

$$H_{mp} = \frac{F_1 - MP}{MP} \times 100; \text{ sendo que: } MP = \frac{P_1 + P_2}{2}$$

3.4.2.2. Método de Gardner e Ebehart (1966)

Esta metodologia inclui, no mínimo, p populações e os $p(p-1)/2$ híbridos F_1 's, e caracteriza-se por prover informações detalhadas do potencial *per se* dos genitores e da heterose manifestada em seus híbridos. Além disso, permite as estimações dos efeitos da média (m), das linhagens (L_i e L_j) e da heterose ($\bar{h}, \hat{h}_i, \hat{h}_j, \hat{s}_{ij}$). Estas serão obtidas pelos seguintes modelos estatísticos:

- a) $Y_{ij} = m + \frac{L_i + L_j}{2} + \bar{\epsilon}_{ij}$;
- b) $Y_{ij} = m + \frac{L_i + L_j}{2} + \theta \bar{h} + \bar{\epsilon}_{ij}$;
- c) $Y_{ij} = m + \frac{(L_i + L_j)}{2} + \theta(\bar{h} + \hat{h}_i + \hat{h}_j) + \bar{\epsilon}_{ij}$; e
- d) $Y_{ij} = m + \frac{(L_i + L_j)}{2} + (\bar{h} + \hat{h}_i + \hat{h}_j + \hat{s}_{ij}) + \bar{\epsilon}_{ij}$.

Nestes modelos, tem-se que:

Y_{ij} = valor médio esperado para um genitor ($i=j$) ou para uma combinação híbrida ($i \neq j$);

m = efeito da média;

L_i e L_j = efeito das linhagens i e j , respectivamente;

θ = coeficiente adicional da heterose ($\theta=0$, se $i=j$, e $\theta=1$, se $i \neq j$);

\bar{h} = efeito da heterose média;

\hat{h}_i e \hat{h}_j = efeitos das linhagens i e j , respectivamente;

\hat{s}_{ij} = efeito da heterose específica do cruzamento entre o i -ésimo e j -ésimo genitor; e

$\bar{\epsilon}_{ij}$ = erro experimental médio.

Por meio dos modelos apresentados, foi calculada a soma de quadrado de parâmetros para cada um e, por diferença, a contribuição de cada um dos efeitos. O esquema de análise de variância é apresentado na Tabela 6.

Tabela 6 - Esquema da análise de variância para o delineamento dialélico, segundo a metodologia de Gardner e Ebehart (1966).

FV	GL	SQ	QM
Tratamento	$[p(p+1)/2] - 1$	SQ_1	QM_1
Linhagens	$p - 1$	SQ_2	QM_2
Heterose	$p(p - 1)/2$	SQ_3	QM_3
Heterose média	1	SQ_4	QM_4
Heterose varietal	$p - 1$	SQ_5	QM_5
Heterose específica	$p(p - 3)/2$	SQ_6	QM_6
Resíduo	f		QMR

Em que: f = número de graus de liberdade da análise de variância unidividual; e QMR = quadrado médio residual, já dividido pelo número de repetições

O esquema da análise de variância conjunta é apresentado na Tabela 7.

Tabela 7 - Esquema da análise de variância para o delineamento dialélico, segundo a metodologia de Gardner e Ebehart (1966).

FV	GL	SQ	QM
Genótipos (G)	$[p(p+1)/2] - 1$	SQ ₁	QM ₁
Linhagens (L)	$p - 1$	SQ ₂	QM ₂
Heterose (H)	$p(p - 1)/2$	SQ ₃	QM ₃
Heterose média	1	SQ ₄	QM ₄
Heterose varietal	$p - 1$	SQ ₅	QM ₅
Heterose específica	$p(p - 3)/2$	SQ ₆	QM ₆
Ambiente (A)	$a - 1$	SQ ₇	QM ₇
G x A	$[p(p+1)/2] - 1 (a - 1)$	SQ ₈	QM ₈
L x A	$(p - 1) (a - 1)$	SQ ₉	QM ₉
H x A	$p(p - 1)/2 (a - 1)$	SQ ₁₀	QM ₁₀
H. média x A	$1 (a - 1)$	SQ ₁₁	QM ₁₁
H. varietal x A	$(p - 1) (a - 1)$	SQ ₁₂	QM ₁₂
H. específica x A	$p(p - 3)/2 (a - 1)$	SQ ₁₃	QM ₁₃
Resíduo	h		QMR

Em que: h = número de graus de liberdade da análise de variância conjunta; e QMR = quadrado médio residual, já dividido pelo número de repetições.

Nessa situação tem-se:

$$S_1 = \hat{\beta}' X'Y (4) - C;$$

$$S_2 = \hat{\beta}' X'Y (1) - C;$$

$$S_3 = \hat{\beta}' X'Y (4) - \hat{\beta}' X'Y (1);$$

$$S_4 = \hat{\beta}' X'Y (2) - \hat{\beta}' X'Y (1);$$

$$S_5 = \hat{\beta}' X'Y (3) - \hat{\beta}' X'Y (2); e$$

$$S_6 = \hat{\beta}' X'Y (4) - \hat{\beta}' X'Y (3),$$

Em que:

$$C = SQ(\hat{\mu}) = \hat{m} Y_{..}$$

$$\hat{\beta}' X'Y (1) = SQ(\hat{\mu}, \hat{v}_i) = \hat{m} Y_{..} + 1/p + 2 \left[\sum_i (Y_{ii} + Y_i)^2 - 4/p Y_{..}^2 \right]$$

$$\hat{\beta}' X'Y (2) = SQ(\hat{\mu}, \hat{v}_i, \hat{h}) = \hat{m} Y_{..} + \sum_i \hat{v}_i [1/2 (Y_{ii} + Y_i)] + \bar{h} Y_H$$

$$\hat{\beta}' X'Y (3) = SQ(\hat{\mu}, \hat{v}_i, \hat{h}, \hat{h}_i) = \hat{m}_v Y_{..} + 1/2 \sum_i \hat{v}_i [(Y_{ii} + Y_i)] + \bar{h} Y_H + \sum_i \hat{h}_i Y_{hi}$$

$$\hat{\beta}' X'Y (4) = SQ(\hat{\mu}, \hat{v}_i, \hat{h}, \hat{h}_i, \hat{S}_{ij}) = \hat{m}_v Y_{..} + 1/2 \sum_i \hat{v}_i [(Y_{ii} + Y_i)] + \bar{h} Y_H + \sum_i \hat{h}_i Y_{hi} +$$

$$\sum_{i < j} \sum \hat{s}_{ij} Y_{ij}$$

Assim, as seguintes expressões podem ser enunciadas:

$$S_1 = \sum_{i < j} \sum Y_{ij}^2 - C$$

$$S_2 = 1/p + 2 \left[\sum (Y_{ii} + Y_i)^2 - (4/p) Y_{..}^2 \right]$$

$$S_3 = SQ \text{ Tratamento} - SQ \text{ Linhagem}$$

$$S_4 = (1/p) Y_v^2 + [2/p(p-1)] Y_H^2 - [2/P(P-1)] Y_{..}^2$$

$$S_5 = \left[\sum_i Y_{ii}^2 - (1/p) Y_v^2 \right] + [1/p - 2] \left[\sum_{hi} Y_{hi}^2 - (4-p) Y_H^2 \right] - SQ \text{ Linhagem}$$

$$S_6 = \sum_{i < j} \sum Y_{ij}^2 - [1/p - 2] \sum_{hi} Y_{hi}^2 + [2/(p-1)(p-2)] Y_H^2 =$$

$$SQ(\text{Het. Esp.}) = SQ(\text{Het.}) - SQ(\text{Het. Média}) - SQ(\text{Het. Linhag.})$$

3.4.2.3. Método de Hayman (1954)

Este procedimento baseia-se no conhecimento da natureza ambiental e genética de estatísticas, tais como médias, variâncias e covariâncias, obtidas a partir de uma tabela dialélica envolvendo p genitores homocigotos. Supõe-se que estes diferem em um loco (T/t), ainda existindo uma proporção u_t de genitores com alelos

favoráveis e outra, v_t com alelos desfavoráveis, ilustrados na Tabela 8 (Cruz et al., 2004).

Tabela 8 - Número e frequência de genótipos entre genitores

Genitores	número	Frequência	θ_t
TT	p1	u	1
tt	p2	v	- 1
Total	p	1	

$\theta_t = 1$ se o genótipo é favorável e -1 se desfavorável

Cruz *et al.* (2004) consideram que os genes em questão assumem uma distribuição independente entre os genitores, e que os valores genotípicos relacionados aos genótipos TT, Tt e tt são, respectivamente, d_t , h_t e $-d_t$, definindo:

a) Valor genotípico do i-ésimo genitor

$$Y_{ii} = \sum_t d_t \theta_{it}$$

b) Valor genotípico das médias dos progenitores

$$\bar{Y}_p = \frac{1}{p} \sum_i Y_{ii} = \sum_t d_t w_t$$

c) Valor genotípico da progênie entre os genitores i e j

$$Y_{ij} = \frac{1}{2} \sum_t [(d_t - h_t \theta_{it}) \theta_{jt} + d_t \theta_{it} + h_t]$$

d) Valor genotípico da média da i-ésima linha

$$\bar{Y}_i = \frac{1}{2} \sum_t [(d_t - h_t w_t) \theta_{it} + d_t w_t + h_t]$$

e) Valor genotípico da média da j-ésima coluna

$$\bar{Y}_j = \frac{1}{2} \sum_t [(d_t - h_t w_t) \theta_{jt} + d_t w_t + h_t]$$

f) Valor genotípico da média geral

$$\bar{Y}_{..} = \sum_t d_t w_t + \frac{1}{2} \sum_t h_t (1 - w_t^2)$$

Normalmente, entre os híbridos e seus recíprocos, não há diferenças. Sendo

assim, utilizam-se, na tabela dialéctica, as estimativas de $(Y_{ij} + Y_{ji})/2$. Assim, considerando-se apenas os componentes ambientais (residuais), tem-se:

$$E(Y_{ii}^2) = \varepsilon$$

$$E(Y_{ij}^2) = \frac{1}{2} \varepsilon'$$

Em que, ε e ε' são variâncias residuais associadas, respectivamente, aos genitores e aos híbridos.

Segundo Cruz *et al.* (2004), os componentes genéticos e ambientais (residuais) associados às variâncias e covariâncias, são expressos por:

a) Variância entre genitores

$$\hat{V}_p = \frac{1}{(p-1)} \left[\sum_i Y_{ii}^2 - \frac{1}{p} Y_p^2 \right]$$

O valor paramétrico da variância entre genitores (V_p), sob o aspecto genético, foi dado por:

$$V_{p(g)} = V(Y_{ii}) = V \left[\sum_t d_t \theta_{ii} \right] = \sum_t d_t^2 V(\theta_{ii}) = \sum_t d_t^2 (1 - W_t^2), \quad \text{sendo} \quad \sum_t d_t^2 (1 - W_t^2) = D, \quad \text{a}$$

medida de variação causada pelos efeitos genéticos aditivos.

Sob o aspecto ambiental, considera-se $E \left[\sum_i Y_{ii}^2 \right] = E(Y_p^2) = p\varepsilon$. Com isto:

$$V_{p(e)} = \varepsilon$$

$$\text{Logo, } V_p = V_{p(g)} + V_{p(e)} = D + \varepsilon$$

b) Variância dentro da linha ou coluna

$$\hat{V}_i = \frac{1}{(p-1)} \left[\sum_j Y_{ij}^2 - \frac{1}{p} Y_i^2 \right]$$

Os componentes genéticos $V_{i(g)}$ e ambientais $V_{i(e)}$, associados à variância V_i , foram dados por:

$$V_{i(g)} = V(Y_{ij}), \quad \text{para cada } i. \quad \text{Assim:}$$

$$V_{i(g)} = V \left\{ \frac{1}{2} \sum_t [(d_t - h_t \theta_{ii}) \theta_{ij} + d_t \theta_{ii} + h_t] \right\}$$

Sendo apenas θ_{ij} variável na i-ésima linha, tem-se que:

$$V_{i(g)} = \frac{1}{4} \sum_t (d_t - h_t \theta_{ii})^2 V(\theta_{ij}) = \frac{1}{4} \sum_t (d_t - h_t \theta_{ii})^2 (1 - W_t^2)$$

Ou ainda:

$$V_{i(g)} = \frac{1}{4} \sum_t d_t^2 (1 - W_t^2) - \frac{2}{4} \sum_t d_t h_t \theta_{ii} (1 - W_t^2) + \frac{1}{4} \sum_t h_t^2 (1 - W_t^2)$$

Sob o aspecto ambiental, considera-se $E \left[\sum_j Y_{ij}^2 \right] = E(Y_i^2) = \varepsilon + \frac{(p-1)}{2} \varepsilon'$.

Então:

$$V_{i(e)} = \frac{1}{p} \left[\varepsilon + \frac{(p-1)\varepsilon'}{2} \right], \text{ se } \varepsilon = \varepsilon', \text{ então: } V_{i(e)} = \left[\frac{(p-1)}{2p} \right] \varepsilon$$

Portanto, observa-se que:

$$V_i = V_{i(g)} + V_{i(e)} = \frac{1}{4} D - \frac{1}{4} F_i + \frac{1}{4} H_1 + \left[\frac{(p+1)}{2p} \right] \varepsilon,$$

Em que:

$F_i = 2 \sum_t d_t h_t \theta_{ii} (1 - W_t^2)$ correspondente à covariância entre efeitos aditivos e

dominantes nas combinações híbridas do i-ésimo genitor; e $H_1 = \sum_t h_t^2 (1 - W_t^2)$

correspondente à variação causada pelo efeito da dominância.

c) Média das variâncias obtidas dentro da linha

$$\bar{V} = \frac{1}{p} \sum_i \hat{V}_i$$

As frações genética e ambiental foram obtidas pela decomposição do valor paramétrico de \bar{V} :

$$\bar{V} = \frac{1}{4} D - \frac{1}{4} F + \frac{1}{4} H_1 + \left[\frac{(p+1)}{2p} \right] \varepsilon,$$

Em que:

$$F = \frac{1}{p} \sum_i F_i = 2 \sum_t d_t h_t W_t (1 - W_t^2)$$

d) Variância entre as médias das linhas

$$\hat{V}_M = \frac{1}{(p-1)} \left[\sum_i \bar{Y}_i^2 - \frac{1}{p} \left(\sum_i \bar{Y}_i \right)^2 \right]$$

Associando o componente genético ao valor paramétrico \hat{V}_M , observa-se:

$$\begin{aligned} V_{M(g)} = V(\bar{Y}_i) &= V \left[\frac{1}{2} \sum_t (d_t - h_t W_t) \theta_{ii} + d_t W_t + h_t \right] = \frac{1}{4} \sum_t (d_t - h_t W_t)^2 V(\theta_{ii}) = \\ &= \frac{1}{4} \sum_t (d_t - h_t W_t)^2 (1 - W_t^2) = \frac{1}{4} \sum_t d_t^2 (1 - W_t^2) - \frac{2}{4} \sum_t d_t h_t W_t (1 - W_t^2) + \frac{1}{4} \sum_t h_t^2 W_t^2 (1 - W_t^2) \end{aligned}$$

Na obtenção do componente ambiental associado a V_m , foram consideradas as seguintes esperanças matemáticas:

$$E \left(\sum_i \bar{Y}_i^2 \right) = \frac{1}{p^2} \sum_i E \left(\sum_j Y_{ij}^2 \right) = \frac{1}{p^2} \sum_i \left[\varepsilon + \frac{(p-1)}{2} \varepsilon' \right] = \frac{1}{p} \left[\varepsilon + \frac{(p-1)}{2} \varepsilon' \right]$$

$$E \left[\left(\sum_i \bar{Y}_i \right)^2 \right] = \frac{1}{p^2} E \left[\left(\sum_i \sum_j Y_{ij} \right)^2 \right] = \frac{1}{p} [\varepsilon + (p-1) \varepsilon']$$

Portanto:

$$V_{M(e)} = \frac{1}{p^2} \left[\varepsilon + \frac{(p-2)}{2} \varepsilon' \right], \text{ se } \varepsilon = \varepsilon', \text{ então: } V_{M(e)} = \frac{\varepsilon}{2p}$$

Deste modo, o valor paramétrico de V_M , estabelecido pelas suas frações genética e ambiental, foi:

$$V_M = \frac{1}{4} D - \frac{1}{4} F + \frac{1}{4} (H_1 - H_2) + \frac{\varepsilon}{2p},$$

sendo que:

$$H_2 = \sum_t h_t^2 (1 - W_t^2)^2$$

$$H_1 - H_2 = \sum_t h_t^2 W_t^2 (1 - W_t^2)$$

e) Covariância entre as médias das colunas e a i-ésima linha

$$\hat{W}_{ci} = \frac{1}{(p-1)} \left[\sum_j Y_{ij} \bar{Y}_{.j} - \frac{1}{p} \sum_j Y_{ij} \sum_j \bar{Y}_{.j} \right], \text{ para cada } i.$$

Assim, a fração genética foi dada por:

$$W_{ci(g)} = \text{Cov}(Y_{ij}, \bar{Y}_{.j}) =$$

$$\text{Cov} \left\{ \frac{1}{2} \sum_t [(d_t - h_t \theta_{ti}) \theta_{ij}] + d_t \theta_{ti} + h_t, \frac{1}{2} \sum_t [(d_t - h_t W_t) \theta_{ij} + d_t W_t + h_t] \right\},$$

em que θ_{ti} é o valor variável na expressão anterior. Assim:

$$\begin{aligned} W_{ci(g)} &= \frac{1}{4} \sum_t (d_t - h_t \theta_{ti})(d_t - h_t W_t) V(\theta_{ij}) = \frac{1}{4} \sum_t (d_t - h_t \theta_{ti})(d_t - h_t W_t)(1 - W_t^2) = \\ &= \frac{1}{4} \sum_t d_t^2 (1 - W_t^2) - \frac{1}{4} \sum_t d_t h_t W_t (1 - W_t^2) - \frac{1}{4} \sum_t d_t h_t \theta_{ti} (1 - W_t^2) + \frac{1}{4} \sum_t h_t^2 W_t \theta_{ti} (1 - W_t^2) \end{aligned}$$

A fração ambiental foi obtida considerando as esperanças matemáticas:

$$E \left[\sum_j Y_{ij} \bar{Y}_{.j} \right] = \frac{1}{p} \left[\varepsilon + \frac{(p-1)}{2} \varepsilon' \right]$$

$$E \left[\sum_j Y_{ij} \bar{Y}_{.j} \right] = \frac{1}{p} \left[\varepsilon + (p-1) \varepsilon' \right]$$

Portanto:

$$W_{ci(e)} = \frac{1}{p^2} \left[\varepsilon + \frac{(p-2)}{2} \varepsilon' \right], \text{ se } \varepsilon = \varepsilon', \text{ então: } W_{ci(e)} = \frac{1}{2p} \varepsilon$$

Por fim, tem-se o valor paramétrico W_{ci} :

$$W_{ci} = \frac{1}{4} D - \frac{1}{8} F - \frac{1}{8} F_i + \frac{1}{4} (H_1 - H_{i2}) + \frac{1}{2p} \varepsilon$$

Em que:

$$H_{i2} = \sum_t h_t^2 (1 - W_t \theta_{ii})(1 - W_t^2)$$

$$H_1 - H_{i2} = \sum_t h_t^2 W_t \theta_{ii} (1 - W_t^2)$$

f) Covariância entre genitores e a i-ésima linha

$$\hat{W}_i = \frac{1}{(p-1)} \left[\sum_j Y_{jj} Y_{ij} - \frac{1}{p} \sum_j Y_{jj} \sum_j Y_{ij} \right]$$

Sua fração genética foi dada por:

$$W_{i(g)} = \text{Cov}(Y_{ij}, Y_{jj}) = \text{Cov} \left\{ \frac{1}{2} \sum_t [(d_t - h_t \theta_{ii}) \theta_{ij}] + d_t \theta_{ii} + h_t, \sum_t d_t \theta_{ij} \right\}$$

Assumindo que θ_{ij} é o valor variável da expressão anterior, observa-se:

$$W_{i(g)} = \frac{1}{2} \sum_t (d_t - h_t \theta_{ii}) d_t V(\theta_{ij}) = \frac{1}{2} \sum_t (d_t - h_t \theta_{ii}) d_t (1 - W_t^2) =$$

$$\frac{1}{2} \sum_t d_t^2 (1 - W_t^2) - \frac{1}{2} \sum_t d_t h_t \theta_{ii} (1 - W_t^2)$$

A fração ambiental de W_i foi obtida considerando as esperanças matemáticas:

$$E \left[\sum_j Y_{jj} Y_{ij} \right] = E \left[\sum_j Y_{jj} \sum_j Y_{ij} \right] = \varepsilon$$

Assim:

$$W_{i(e)} = \frac{1}{p-1} \left[\varepsilon - \frac{\varepsilon'}{p} \right] = \frac{1}{p} \varepsilon$$

Portanto:

$$W_i = \frac{1}{2} D - \frac{1}{4} F_i + \frac{1}{p} \varepsilon$$

g) Média das covariâncias entre genitores e a i-ésima linha

$$\overline{\widehat{W}} = \frac{1}{p} \sum_i \widehat{W}_i$$

Logo:

$$\overline{W} = \frac{1}{2}D - \frac{1}{4}F + \frac{1}{p}\varepsilon$$

h) Quadrado da diferença entre a média geral ($\bar{Y}_{..}$) e a média dos genitores \bar{Y}_p (M^2)

Sendo $\hat{M}^2 = (\bar{Y}_{..} - \bar{Y}_p)^2$, tem-se, sob o aspecto genético:

$$M^2_{(g)} = \left[\sum_t d_t W_t + \frac{1}{2} \sum_t h_t (1 - W_t^2) - \sum_t d_t W_t \right]^2 = \frac{1}{4} \left[\sum_t h_t (1 - W_t^2) \right]^2 = \frac{1}{4} h^2$$

em que $h = \sum_t h_t (1 - W_t^2)$

Sob o aspecto ambiental, tem-se:

$$M^2_{(e)} = E(\bar{Y}_{..} - \bar{Y}_p)^2 = E(\bar{Y}_{..}^2 - 2\bar{Y}_{..}\bar{Y}_p + \bar{Y}_p^2)$$

Sendo:

$$E(\bar{Y}_{..}^2) = \frac{1}{p^4} [p\varepsilon + p(p-1)\varepsilon']$$

$$E(\bar{Y}_{..}\bar{Y}_p) = \frac{1}{p}\varepsilon$$

$$E(\bar{Y}_p^2) = \frac{1}{p}\varepsilon$$

Portanto:

$$M^2_{(e)} = \frac{(p-1)}{p^3} [(p-1)\varepsilon + \varepsilon']$$

Estabelecidas as frações genéticas e ambientais, o valor paramétrico de M^2 foi dado por:

$$M^2 = \frac{1}{4}h^2 + \frac{(p-1)}{p^3} [(p-1)\varepsilon + \varepsilon']; \text{ se } \varepsilon = \varepsilon', \text{ então:}$$

$$M^2 = \frac{1}{4}h^2 + \frac{(p-1)}{p^2}\varepsilon$$

As seguintes equações foram obtidas:

$$E(V_p) = D + \varepsilon$$

$$E(V_i) = \frac{1}{4}D - \frac{1}{4}F_i + \frac{1}{4}H_1 + \frac{p+1}{2p}\varepsilon$$

$$E(\bar{V}) = \frac{1}{4}D - \frac{1}{4}F + \frac{1}{4}H_1 + \frac{p+1}{2p}\varepsilon$$

$$E(V_M) = \frac{1}{4}D - \frac{1}{4}F + \frac{1}{4}H_1 - \frac{1}{4}H_2 + \frac{1}{2p}\varepsilon$$

$$E(W_i) = \frac{1}{2}D - \frac{1}{4}F_i + \frac{1}{p}\varepsilon$$

$$E(\bar{W}) = \frac{1}{2}D - \frac{1}{4}F + \frac{1}{p}\varepsilon$$

$$E(M^2) = \frac{1}{4}h^2 + \frac{p-1}{p^2}\varepsilon$$

$$E(QMR) = \varepsilon$$

Com base nos estimadores e omitindo-se as médias de \hat{V}_i e \hat{W}_i , observa-se a disposição de $2p + 4$ equações e $p + 5$ parâmetros a serem estimados (\tilde{D} , \tilde{H}_1 , \tilde{H}_2 , \tilde{h}_2 , $\tilde{\varepsilon}$, e \tilde{F}_i para $i = 1, 2, \dots, p$). Estes parâmetros foram estimados pelo método dos mínimos quadrados, ponderando-se as equações \hat{V}_M , \hat{M}^2 e $\hat{\varepsilon}$ por \sqrt{p} , pois estas dependem das p^2 observações da tabela dialélica, diferentemente das demais (Cruz *et al.* 2004).

A solução do sistema $X'X\tilde{\beta} = X'Y$ provê os seguintes estimadores:

$$\tilde{\varepsilon} = QMR$$

$$\tilde{D} = \hat{V}_p - \tilde{\varepsilon}$$

$$\tilde{F} = 2\hat{V}_p - 4\bar{\hat{W}} - \left[\frac{2(p-2)}{p} \right] \tilde{\varepsilon}$$

$$\tilde{H}_1 = \hat{V}_p - 4\bar{\hat{W}} + 4\bar{\hat{V}} - \left[\frac{(3p-2)}{p} \right] \tilde{\varepsilon}$$

$$\tilde{H}_2 = 4\bar{\hat{V}} - 4\hat{V}_M - 2\tilde{\varepsilon}$$

$$\tilde{h}^2 = 4\hat{M}^2 - \left[\frac{4(p-1)}{p^2} \right] \tilde{\varepsilon}$$

$$\tilde{F}_i = 2(\hat{V}_p - \bar{\hat{W}} + \bar{\hat{V}} - \hat{W}_i - \hat{V}_i) - \left[\frac{2(p-2)}{p} \right] \tilde{\varepsilon}$$

Segundo (Cruz *et al.*, 2004), apenas F_i não possui solução única. Portanto, a diferença de Y e \tilde{Y} , em que $\tilde{Y} = X\tilde{\beta}$, com relação a \tilde{W}_i e \tilde{V}_i , proporciona a falta de ajustamento do modelo. Deste modo, a soma de quadrados para a falta de ajustamento, associada a $p - 1$ graus de liberdade, foi dada por:

$$\tilde{\delta}'\tilde{\delta} = (Y - \tilde{Y})'(Y - \tilde{Y}) = \sum_i \left[(\hat{W}_i - \tilde{W}_i)^2 + (\hat{V}_i - \tilde{V}_i)^2 \right]$$

Pela substituição dos valores de \tilde{W}_i e \tilde{V}_i , obteve-se a expressão:

$$\hat{\sigma}_d^2 = \frac{1}{p-1} \tilde{\delta}'\tilde{\delta} = \frac{1}{2} \hat{V}(\hat{W}_i - \hat{V}_i)$$

Deste modo, a matriz de co-variância dos efeitos estimados foi obtida a partir da matriz $(X'X)^{-1} \hat{\sigma}_d^2$ (Cruz *et al.*, 2004).

3.4.2.3.1 Teste de suficiência do modelo aditivo dominante

O método proposto por Hayman (1954), necessita da aplicação de teste de suficiência para ser aceito, pois pressupõe segregação diplóide, progenitores homozigotos, ausência de efeito materno, ausência de alelismo múltiplo, distribuição independente dos genes entre genitores e ausência de epistasia.

Portanto, serão utilizados dois tipos de testes, descritos conforme (Cruz *et al.*, 2004).

a) Avaliação da suficiência do modelo aditivo-dominante, inicialmente feita pelo coeficiente de regressão linear \hat{W} em função de \hat{V} . Neste caso, a expectativa para equação de regressão é $\hat{W}_i = \frac{(\hat{D} - \hat{H}_1)}{4} + \hat{V}_i$.

Considerando $\hat{W}_i = \hat{a} + \hat{b}\hat{V}_i$, obtém-se

$$\hat{b} = \frac{C\hat{\sigma}V(\hat{W}, \hat{V})}{\hat{V}(\hat{V})}; \text{ e } \hat{a} = \overline{\hat{W}} - \hat{b}\overline{\hat{V}}.$$

Assim:

$$SQ(\text{regressão}) = (p - 1) \hat{V}(\hat{W})$$

$$SQ(\text{desvio}) = SQ(\text{total}) - SQ(\text{regressão})$$

$$QM(\text{desvio}) = \left[\frac{SQ(\text{desvio})}{(p - 2)} \right]$$

Deste modo, a hipótese $H_0: b=1$ “versus” $H_a: b \neq 1$ é testada, fazendo-se:

$$t = \frac{(\hat{b} - 1)}{\sqrt{\hat{V}(\hat{b})}},$$

Em que:

$$\hat{V}(\hat{b}) = \frac{QM(\text{desvio})}{\sum_i (\hat{V}_i - \overline{\hat{V}})^2}.$$

A validade das pressuposições evidencia-se pela não rejeição da hipótese $H_0: b=1$.

b) No segundo teste, os eixos \hat{W}_i e \hat{V}_i foram ponderados, por meio de uma rotação de 45° (Cruz et al. 2004). A suficiência do modelo foi avaliada pela estatística $F(=t^2)$, associada a 1 e $p - 2$ graus de liberdade, expressa por:

$$F = \frac{(p - 2)}{4} \frac{[\hat{V}(\hat{V}) - \hat{V}(\hat{W})]^2}{\hat{V}(\hat{V})\hat{V}(\hat{W}) - C\hat{\sigma}V^2(\hat{W}, \hat{V})}$$

3.4.2.3.2. Informações Genéticas

a) Distribuição dos alelos entre os progenitores

Avalia a proporção de progenitores que se encontram em homozigose dominante ou recessiva, segundo a expressão:

$$S = \frac{\tilde{H}_2}{4\tilde{H}_1} = \frac{\sum_t h_t^2 (1 - \hat{W}_t^2)^2}{4 \sum_t h_t^2 (1 - \hat{W}_t^2)}$$

b) Grau médio de dominância

Define a posição ocupada pelo heterozigoto em relação aos homozigotos.

Obtida através da seguinte expressão:
$$\sqrt{\frac{\tilde{H}_1}{\tilde{D}}} = \sqrt{\frac{\sum_t h_t^2 (1 - W_t^2)}{\sum_t d_t^2 (1 - W_t^2)}}$$

Em que, o estimador $\sqrt{\frac{\tilde{H}_1}{\tilde{D}}}$ é ponderado em favor de genes que têm os alelos representados igualmente nos genitores (distribuição simétrica) e de genes com grandes efeitos ou expressões.

c) Concentração de alelos dominantes e recessivos nos progenitores

Estima a distribuição dos genes dominantes e recessivos entre os genitores. Basicamente, seu princípio é que os genitores com maior número de genes dominantes produzirão progênes com mínima variância entre si (\hat{V}_i mínimo) e mínima covariância progenitor-progênie (\hat{W}_i mínimo), enquanto genitores com alto número de alelos recessivos produzirão progênes com elevados valores \hat{W}_i e \hat{V}_i . Portanto, utiliza-se a soma $\hat{W}_i + \hat{V}_i$ como indicador da concentração relativa dos alelos recessivos e dominantes nos progenitores.

Sendo $V_{i(g)} = \frac{1}{4} \sum_t (d_t - h_t \theta_{ii})^2 (1 - W_t^2)$, e $W_{i(g)} = \frac{1}{4} \sum_t d_t (d_t - h_t \theta_{ii}) (1 - W_t^2)$

então, os genitores em total homozigose, dominante e recessiva, terão $\theta_{ii} = 1$ e -1 , respectivamente; e V_D, V_R, W_D e W_R serão:

$$\hat{V}_D = \frac{1}{4} \sum_t (d_t - h_t)^2 (1 - W_t^2); \hat{W}_D = \frac{1}{2} \sum_t d_t (d_t - h_t) (1 - W_t^2)$$

$$\hat{V}_R = \frac{1}{4} \sum_t (d_t + h_t)^2 (1 - W_t^2); \hat{W}_R = \frac{1}{2} \sum_t d_t (d_t + h_t) (1 - W_t^2)$$

Os pontos (V_D, W_D) e (V_R, W_R) foram estimados da seguinte forma:

$$\text{Sendo } D = \sum_t d_t^2 (1 - W_t^2); H_1 = \sum_t h_t^2 (1 - W_t^2); \text{ e } \sqrt{DH_1} = \sum_t h_t^2 (1 - W_t^2)$$

Então:

$$\tilde{V}_D = \frac{1}{4} (\tilde{D} + \tilde{H}_1) - \frac{1}{2} \sqrt{\tilde{D}\tilde{H}_1}; \tilde{W}_D = \frac{1}{2} \tilde{D} - \frac{1}{2} \sqrt{\tilde{D}\tilde{H}_1}$$

$$\tilde{V}_R = \frac{1}{4} (\tilde{D} + \tilde{H}_1) + \frac{1}{2} \sqrt{\tilde{D}\tilde{H}_1}; \tilde{W}_R = \frac{1}{2} \tilde{D} + \frac{1}{2} \sqrt{\tilde{D}\tilde{H}_1}$$

Conseqüentemente, os genitores com maior concentração de genes dominantes ficarão na extremidade inferior da reta, enquanto os genitores recessivos ficarão na extremidade superior da reta. Genitores com frequência igual de genes dominantes e recessivos se posicionarão na região mediana.

d) Limites teóricos de seleção

Referem-se ao valor médio esperado para o progenitor completamente dominante ou recessivo em relação aos genes segregantes no dialelo. O limite é estimado por meio de uma equação de predição, dada pela regressão de Y_{ii} em função de $\hat{W} + \hat{V}$, expresso a seguir (Cruz *et al.*, 2004).

$$\hat{Y}_{ii} = \hat{\alpha}_0 + \hat{\alpha}_1 (\hat{W}_i + \hat{V}_i)$$

$$\hat{\alpha}_0 = \bar{Y}_p - \hat{\alpha}_1 (\bar{\hat{W}} + \bar{\hat{V}})$$

$$\hat{\alpha}_1 = \frac{Cov(\hat{W} + \hat{V}, Y_{ii})}{\hat{V}(\hat{W} + \hat{V})}$$

Ao substituir os valores esperados $\hat{W}_D, \hat{V}_D, \hat{W}_R$ e \hat{V}_R , na equação de predição, serão obtidos \hat{Y}_D e \hat{Y}_R , os quais são estimadores dos limites máximos e mínimos a serem obtidos por seleção.

e) Relação entre alelos favoráveis e dominância

O alelo que propicia acréscimo na média genotípica do caráter pode ser dominante ou recessivo, e a medida desta associação é obtida pela correlação entre o valor médio do progenitor Y_{ii} e a medida $\hat{W}_i + \hat{V}_i$, ou seja:

$$r = \frac{C\hat{V}(\hat{W} + \hat{V}, Y_{ii})}{\sqrt{\hat{V}(\hat{W} + \hat{V})V_p}}$$

Sendo r negativo, os genes dominantes proporcionam aumento na média da característica; caso contrário, ou seja, r positivo, os genes recessivos, em sua maioria, é que proporcionam aumento na média da característica.

f) Número de genes que exibem dominância

Será considerado que entre os k genes que controlam o caráter, há k_+ genes com dominância positiva e k genes com dominância negativa, independentemente distribuídos entre os genitores.

Se os efeitos h_i não são nulos e diferentes em magnitude e $w_i = 0$ (ocorre quando $H_1 - H_2$ é estatisticamente nulo), uma medida do número de genes pode ser dada pela expressão:

$$\frac{\tilde{h}^2}{\tilde{H}^2} = \frac{\left[\sum_i h_i (1 - \tilde{w}_i^2)^2 \right]}{\sum_i h_i^2 (1 - \tilde{w}_i^2)^2}$$

g) Coeficiente de determinação genotípica

É definido como a proporção da variação fenotípica entre populações (genitores e híbridos), sendo de natureza genotípica. Pode-se obtê-lo por duas expressões:

$$\tilde{h}_R^2 = \frac{\tilde{D} - \tilde{F} + \tilde{H}_1 - \tilde{H}_2}{\tilde{D} - \tilde{F} + \tilde{H}_1 - \frac{1}{2}\tilde{H}_2 + 2\tilde{\epsilon}}$$

$$\tilde{h}_A^2 = \frac{\tilde{D} - \tilde{F} + \tilde{H}_1 - \frac{1}{2}\tilde{H}_2}{\tilde{D} - \tilde{F} + \tilde{H}_1 - \frac{1}{2}\tilde{H}_2 + 2\tilde{\epsilon}}$$

Em que:

\tilde{h}_R^2 = coeficiente de determinação no sentido amplo; e

\tilde{h}_A^2 = coeficiente de determinação no sentido restrito.

4. RESULTADOS E DISCUSSÃO

4.1. Ambiente de Campos dos Goytacazes

4.1.1. Análise de Variância Univariada

Na Tabela 9 há as médias dos genitores, dos híbridos ($F_{1's}$), e das testemunhas; os coeficientes de variação e os quadrados médios para os efeitos de blocos, tratamentos (pais + $F_{1's}$ + testemunhas), genótipos (pais + $F_{1's}$), desdobramento de genótipos em Pais, $F_{1's}$ e no contraste Pais x $F_{1's}$, bem como os quadrados médios das testemunhas, da interação genótipos x testemunhas e o resíduo, provenientes da análise de variância de delineamento em blocos casualizados com testemunhas adicionais para 14 características avaliadas.

Constataram-se diferenças significativas entre os tratamentos para todas as características, com exceção de número de plantas acamadas (PAC), pelo teste F, em 1 e 5% de probabilidade, demonstrando o potencial dos genótipos para o melhoramento genético. A significância dos quadrados médios pelo teste F em 1% de probabilidade para a maioria das características estudadas, revelou a presença de diferenças genéticas entre os genótipos, indicando o potencial de ganho genético dos mesmos em futuros trabalhos de melhoramento.

O desdobramento da fonte de variação Genótipos em Pais e $F_{1's}$ e no contraste Pais x $F_{1's}$, permitiu a diferenciação dos genótipos quanto a significância,

Tabela 9 - Valores e significâncias dos quadrados médios (QM) e coeficientes percentuais da variação experimental, com base na média dos tratamentos para 14 características avaliadas em combinações híbridas, respectivos genitores e testemunhas. Campos dos Goytacazes, RJ.

FV	GL	Quadrados Médios ^{1/}				
		NE	ED	EP	PE	RG
Blocos (B)	2	357,3160	40,5689	2,9195	39629,4540	126900,1436
Tratamentos (T)	57	337,4786**	63,4450 **	17,0853 **	1579599,6672 **	1213525,8015 **
Genótipos (G)	54	347,5739**	62,0588 **	16,8792 **	1649863,9730 **	1271561,9360 **
F ₁ 's	44	358,2969 **	358,2969 **	15,3670 **	1612900,7575 **	1159080,4545 **
Pais	9	244,8148 **	244,8148 **	12,1814 n.s.	367593,0555 **	293067,0370 **
Pais x F ₁ 's	1	800,5939 **	800,5939 n.s.	125,6971 **	14816683,7121**	15027201,2121
Testemunhas (Te)	2	357,3160 n.s.	124,1111 **	30,3333 *	468025,0000 *	174175,0000 n.s.
G x Te	1	337,4786 n.s.	16,9697 n.s.	1,7169 n.s.	8476,4890 n.s.	158276,1442 n.s.
Resíduo	114	347,5739	21,6625	9,2353	127924,1908	78419,0033
Média Geral		56,3160	13,4482	6,0919	2573,2183	2190,8045
Média dos Híbridos		57,0444	13,6370	5,7030	2716,1111	2340,1111
Média dos Pais		51,3333	13,000	7,9660	1939,1666	1557,6666
Média das Testemunhas		62,0000	12,1111	5,6666	2543,3332	2061,6667
CVe (%)		17,5616	34,6089	49,8840	13,8995	12,7822

^{1/} NE = número médio de espigas; ED = número médio de espigas doentes; EP = número médio de espigas com praga; PE = peso médio de espigas com grãos; e RG = rendimento de grãos.

n.s. = Não significativo em nível de 0,05;

** = Significativo em nível de 0,01; e

* = Significativo em nível de 0,05.

Continuação.

FV	GL	Quadrados Médios ^{1/}				
		M100	AP	AE	FLOR	CE
Blocos (B)	2	1,9514	10,1532	1,7939	29367,0000	0,5690
Tratamentos (T)	57	4,3748 **	10,1817 **	1,7933 **	664889,0000 **	10,8717 **
Genótipos (G)	54	4,5512 **	9,6316 **	1,8044 **	599858,0000 **	2,9324 **
F ₁ 's	44	4,0291 **	0,0452 **	0,0289 **	41,9771 **	2,0640 **
Pais	9	6,9573 **	0,0875 **	0,0505 **	4,3000 ^{n.s.}	6,3727 *
Pais x F ₁ 's	1	5,8698 **	0,5134 **	0,4548 **	1353,5438 **	10,1811 **
Testemunhas (Te)	2	0,5076 ^{n.s.}	0,0523 ^{n.s.}	0,0293 ^{n.s.}	2054444,0000 **	0,8737 ^{n.s.}
G x Te	1	2,5828 *	0,0011 ^{n.s.}	0,0032 ^{n.s.}	1397425,0000 **	459,5867 **
Resíduo	114	0,5935	0,0218	0,0110	73285,0000	0,3634
Média Geral		10,1532	1,7939	1,1021	53,6149	32,3844
Média dos Híbridos		10,2705	1,8196	1,1270	52,4740	32,6469
Média dos Pais		9,7815	1,6750	0,9918	59,9000	33,2910
Média das Testemunhas		9,6315	1,8044	1,0838	49,7777	25,4257
CVe (%)		7,5878	8,2255	9,4949	5,0492	1,8615

^{1/} M100 = massa média de 100 grãos; AP = altura média de planta; AE = altura média de inserção da primeira espiga; FLOR = número médio de dias para florescimento; e CE = capacidade de expansão dos grãos.

^{n.s.} = Não significativo em nível de 0,05;

** = Significativo em nível de 0,01; e

* = Significativo em nível de 0,05.

Continuação.

FV	GL	Quadrados Médios ^{1/}			
		PAC	PQ	EST	EMP
Blocos (B)	2	0,4540	25,8793	40,6954	0,1782
Tratamentos (T)	57	0,5057 ^{n.s.}	37,1760 ^{**}	137,6165 ^{**}	1,4302 [*]
Genótipos (G)	54	0,5291 ^{n.s.}	38,6528 ^{**}	142,7706 ^{**}	1,5095 [*]
F ₁ 's	44	0,6084 ^{n.s.}	42,0953 ^{**}	128,9182 ^{**}	1,5044 ^{**}
Pais	9	0,0741 ^{n.s.}	25,9593 [*]	201,2630 ^{**}	1,0407 ^{n.s.}
Pais x F ₁ 's	1	1,1327 ^{n.s.}	1,4222 ^{n.s.}	225,8455 [*]	5,9559 ^{**}
Testemunhas (Te)	2	0,4540 ^{n.s.}	12,111 ^{n.s.}	14,7778 ^{n.s.}	0,0000 ^{n.s.}
G x Te	1	0,5057 ^{n.s.}	7,5638 ^{n.s.}	104,9703 ^{n.s.}	0,0078 ^{n.s.}
Resíduo	114	0,5291	15,0197	39,7831	0,9033
Média Geral		1,1609	7,5517	44,5632	2,3045
Média dos Híbridos		1,1185	7,4592	44,9333	2,3925
Média dos Pais		1,3333	7,7000	41,9000	1,9000
Média das Testemunhas		1,2222	8,4444	47,8888	2,3333
CVe (%)		58,0412	51,319	14,1537	41,2403

^{1/} PAC = número médio de plantas acamadas; PQ = número médio de plantas quebradas; EST = estande final; e EMP = número médio de espigas mal empalhadas.

^{n.s.} = Não significativo em nível de 0,05;

^{**} = Significativo em nível de 0,01; e

^{*} = Significativo em nível de 0,05.

visto que estes apresentam base genética distinta, por se tratar de linhagens e híbridos. Nota-se que a fonte de variação $F_{1's}$ foi significativa em 1% para todas as características, com exceção do número de plantas acamadas, apontando que há variabilidade genética entre os híbridos. Com relação à fonte de variação Pais, observou-se que houve significância para a maioria das características, indicando variabilidade entre os genitores; apenas não houve significância em 5% para número de espigas com praga (EP), número de dias para o florescimento (FLOR), número de plantas acamadas (PAC), e número de espigas mal empalhadas (EMP).

De modo geral, as características de maior interesse agrônômico (CE e RG) expressaram valores significativos para genitores e híbridos, indicando a variabilidade dos pais e $F_{1's}$ obtidos nos cruzamentos dialélicos. Esta diversidade entre os híbridos indica a possibilidade de identificar cruzamentos superiores para recomendação.

Observou-se ainda que o contraste pais e $F_{1's}$ expressou significância para as principais características, dentre elas a capacidade de expansão (CE), rendimento de grãos (RG), peso de espiga (PE), e número de dias para o florescimento (FLOR). Esta informação denota a ocorrência de diversidade entre híbridos e linhagens, fato explicado pela exploração da heterose. Espera-se que a capacidade de expansão sofra redução dos pais para os híbridos, devido à ação aditiva dos genes. Para rendimento de grãos, por sua vez, espera-se que haja aumento dos pais para os híbridos devido à presença de heterose positiva.

Com relação à fonte de variação testemunha, houve significância apenas para as características ED, EP, PE e FLOR, evidenciando a uniformidade destes materiais. Desse modo, as testemunhas revelaram-se menos dissimilares do que os genótipos. O contraste $G \times T_e$ foi significativo apenas para M100, FLOR e CE, indicando potencial genético dos genótipos. Quanto à característica CE, observou-se que houve diferença significativa do contraste, pois a média dos genótipos foi superior às testemunhas. Assim, é possível deduzir que os genótipos em estudo demonstram superioridade e elevado potencial para uso em trabalhos de melhoramento genético. Além da CE, as características RG e PE, expressaram médias superiores para os pais e $F_{1's}$ em relação às testemunhas, confirmando mais uma vez o potencial dos genótipos.

De acordo com Gomes (1990), os coeficientes de variação observados

nos ensaios agrícolas de campo podem ser considerados baixos, quando inferiores a 10 % médios, quando variam de 10 % a 20 % altos, quando se estendem de 20 % a 30 % e muito alto quando superiores a 30 %. Scapim *et al.* (1995) destacam que tal classificação é muito abrangente, não levando em consideração as particularidades da cultura estudada e, além disso, não faz distinção entre a natureza da característica avaliada. Comparando-se com outros trabalhos, em geral, os coeficientes de variação foram satisfatórios, destacando-se o baixo valor para a característica capacidade de expansão.

Ao comparar o presente trabalho com os resultados de Freitas Júnior *et al.* (2006) e Rangel *et al.* (2008), observa-se que os valores de C_{Ve} são próximos para a maioria das características.

Com base nas médias dos híbridos e das testemunhas, observa-se que para as principais características (CE, RG e PE) a média dos F_{1's} foi superior às testemunhas, comprovando o alto desempenho dos híbridos. Com relação à característica FLOR, a média dos híbridos foi inferior à média dos genitores, indicando aumento na precocidade, fato interessante e desejado pelos produtores. Além disso, os híbridos demonstraram menor suscetibilidade ao ataque de pragas, pois a média dos F_{1's} foi inferior quando comparada com a média dos genitores.

4.1.2. Agrupamento de Médias

A Tabela 10 contém as estimativas das médias para 14 características avaliadas no ambiente de Campos dos Goytacazes, em relação a 45 híbridos, dez genitores e três testemunhas, seguidos pelo critério de comparação de Scott Knott, em 5% de probabilidade (Steel e Torrie, 1980).

Para altura de planta (AP) houve a formação de dois grupos tanto para os híbridos, F_{1's} e testemunhas, denotando, pois, variabilidade entre os tratamentos. Para altura de espiga (AE), os genitores e híbridos compuseram três grupos cada, ao passo que as testemunhas, dois.

É importante perceber que, dentre os híbridos, apenas dois (P₂ x P₄ e P₂ x P₉) contiveram altura média superior a 2,00 m, o que é desvantajoso para Campos dos Goytacazes, onde ocorrem fortes ventos.

Tabela 10 – Estimativas de médias de quatorze características avaliadas em dez genitores, 45 híbridos e três testemunhas, seguidas pelo agrupamento entre médias de Scott Knott, em 5% de probabilidade. Campos dos Goytacazes, RJ.

Genótipos	NE	ED	EP	PE	RG	M100	AP
P1 x P2	60,00 a	15,00 b	7,67 a	3253,33 c	2786,67 b	10,54 b	1,89 a
P1 x P3	79,67 a	19,33 a	6,33 b	4195,00 a	3360,00 a	11,31 a	1,82 a
P1 x P4	54,67 a	13,33 b	7,67 a	3531,67 b	2973,33 a	11,87 a	1,81 a
P1 x P5	58,67 a	18,67 a	6,33 b	2513,33 d	2506,67 b	9,40 c	1,74 b
P1 x P6	45,00 b	21,00 a	2,33 b	1913,33 e	1573,33 d	8,45 d	1,74 b
P1 x P7	52,67 b	11,67 b	3,33 b	1696,67 e	1323,33 d	8,81 c	1,59 b
P1 x P8	58,33 a	20,33 a	7,00 a	2498,33 d	2136,67 c	8,86 c	1,92 a
P1 x P9	62,67 a	17,33 a	4,67 b	2568,33 d	2316,67 b	9,47 c	1,74 b
P1 x P10	56,67 a	15,33 b	4,00 b	2396,67 d	2016,67 c	9,04 c	1,70 b
P2 x P3	70,67 a	10,33 b	6,00 b	3493,33 b	3003,33 a	11,72 a	1,94 a
P2 x P4	54,33 a	11,00 b	4,00 b	4356,67 a	3493,33 a	11,98 a	2,02 a
P2 x P5	62,00 a	18,00 a	10,67 a	3153,33 c	2621,67 b	10,78 b	1,92 a
P2 x P6	59,33 a	15,00 b	13,00 a	2813,33 c	2456,67 b	10,61 b	1,96 a
P2 x P7	58,67 a	14,67 b	8,33 a	2770,00 c	2328,33 b	11,33 a	1,80 a
P2 x P8	57,00 a	11,67 b	4,00 b	2913,33 c	2543,33 b	10,97 b	1,89 a
P2 x P9	69,67 a	14,00 b	4,00 b	3603,33 b	3166,67 a	11,87 a	2,07 a
P2 x P10	75,00 a	15,00 b	6,00 b	3253,33 c	2726,67 b	11,00 b	1,96 a
P3 x P4	64,33 a	11,00 b	5,00 b	3733,33 b	3170,00 a	11,98 a	1,91 a
P3 x P5	68,67 a	10,00 b	4,00 b	2895,00 c	2446,67 b	10,35 b	1,72 b
P3 x P6	71,00 a	10,33 b	3,33 b	3231,67 c	2840,00 b	9,17 c	1,77 a
P3 x P7	72,33 a	17,33 a	7,67 a	3946,67 a	3396,67 a	11,19 a	1,74 b
P3 x P8	66,67 a	14,33 b	8,67 a	2890,00 c	2466,67 b	10,50 b	1,73 b
P3 x P9	70,33 a	10,00 b	7,67 a	3133,33 c	2750,00 b	10,80 b	1,77 b
P3 x P10	56,67 a	13,33 b	3,33 b	3236,67 c	2915,00 a	11,70 a	1,80 a
P4 x P5	61,33 a	13,67 b	5,00 b	3043,33 c	2770,00 b	11,18 a	1,86 a
P4 x P6	57,00 a	13,00 b	6,67 a	2928,33 c	2660,00 b	10,71 b	1,97 a
P4 x P7	59,33 a	13,00 b	7,67 a	3076,67 c	2633,33 b	10,79 b	1,91 a
P4 x P8	51,00 b	8,67 b	6,00 b	3438,33 b	2976,67 a	11,56 a	1,95 a
P4 x P9	54,33 a	12,67 b	6,67 a	3035,00 c	2731,67 b	11,62 a	1,95 a
P4 x P10	51,33 b	10,33 b	5,00 b	2636,67 d	2370,00 b	11,84 a	1,84 a

NE = número médio de espigas com grãos; ED = número médio de plantas doentes; EP = número médio de espigas atacadas por pragas; PE = peso médio de espigas com grãos; RG = rendimento de grãos; M100 = massa média de 100 grãos; e AP = altura média de plantas.

Continuação.

Genótipos	NE	ED	EP	PE	RG	M100	AP
P5 x P6	39,00 b	8,33 b	7,00 a	1250,00 e	1025,00 d	8,83 c	1,62 b
P5 x P7	45,67 b	14,67 b	3,00 b	1458,33 e	1223,33 d	9,04 c	1,64 b
P5 x P8	54,00 a	13,00 b	5,33 b	2163,33 d	1870,00 c	10,16 b	1,63 b
P5 x P9	63,33 a	24,67 a	6,00 b	2493,33 d	1986,67 c	10,54 b	1,91 a
P5 x P10	57,67 a	20,00 a	7,33 a	2356,67 d	2073,33 c	10,83 b	1,95 a
P6 x P7	36,33 b	11,67 b	3,33 b	2400,00 d	2063,33 c	8,45 d	1,66 b
P6 x P8	40,33 b	13,33 b	3,00 b	2646,67 d	2250,00 b	9,56 c	1,94 a
P6 x P9	67,67 a	8,67 b	2,67 b	1998,33 d	1700,00 c	8,88 c	1,86 a
P6 x P10	53,67 a	9,67 b	4,67 b	1841,67 e	1556,67 d	9,72 c	1,82 a
P7 x P8	64,67 a	12,67 b	3,00 b	2163,33 d	1893,33 c	9,18 c	1,76 b
P7 x P9	39,00 b	2,67 b	3,33 b	1816,67 e	1573,33 d	8,35 d	1,80 a
P7 x P10	34,33 b	7,33 b	4,67 b	2120,00 d	1856,67 c	9,75 c	1,78 a
P8 x P9	51,33 b	20,00 a	6,33 b	2066,67 d	1846,67 c	9,84 c	1,88 a
P8 x P10	42,33 b	15,33 b	5,67 b	1720,00 e	1530,00 d	9,44 c	1,50 b
P9 x P10	38,33 b	12,33 b	9,33 a	1581,67 e	1396,67 d	8,21 d	1,75 b
P1	32,67 b	11,33 b	9,33 a	1330,00 e	1110,00 d	6,66 e	1,30 b
P2	49,33 b	13,00 b	8,33 a	1983,33 d	1460,00 d	11,31 a	1,73 b
P3	56,33 a	7,00 b	10,00 a	2306,67 d	1996,67 c	11,50 a	1,64 b
P4	50,33 b	6,00 b	8,33 a	2256,67 d	1695,00 c	11,08 b	1,86 a
P5	51,67 b	11,67 b	10,33 a	2166,67 d	1788,33 c	10,40 b	1,83 a
P6	61,33 a	22,33 a	6,00 b	2031,67 d	1793,33 c	9,12 c	1,59 b
P7	41,00 b	12,67 b	9,00 a	1608,33 e	1276,67 d	8,04 d	1,60 b
P8	61,33 a	23,67 a	8,33 a	2238,33 d	1881,67 c	10,26 b	1,84 a
P9	58,33 a	16,33 a	4,00 b	2010,00 d	1385,00 d	9,57 c	1,78 a
P10	51,00 b	6,00 b	6,00 b	1460,00 e	1190,00 d	9,88 c	1,59 b
IAC 112	61,67 a	7,00 b	9,00 a	2455,00 d	1970,00 c	9,16 c	1,93 a
IAC 125	57,00 a	10,00 b	5,33 b	2200,00 d	1880,00 c	9,79 c	1,67 b
ZÉLIA	67,33 a	19,33 a	2,67 b	2975,00 c	2335,00 b	9,94 c	1,82 a

NE = número médio de espigas com grãos; ED = número médio de plantas doentes; EP = número médio de espigas atacadas por pragas; PE = peso médio de espigas com grãos; RG = rendimento de grãos; M100 = massa média de 100 grãos; e AP = altura média de plantas.

Continuação.

Genótipos	AE	FLOR	CE	PAC	PQ	EST	EMP
P1 x P2	1,03 b	54,33 b	32,84 c	1,33 a	5,33 b	51,33 a	3,00 a
P1 x P3	1,13 a	52,00 c	32,13 d	1,67 a	4,67 b	49,67 a	3,00 a
P1 x P4	1,07 b	41,67 d	32,47 c	1,33 a	3,67 b	49,67 a	1,00 a
P1 x P5	0,99 b	58,33 a	31,93 d	2,67 a	3,67 b	43,00 a	1,33 a
P1 x P6	1,04 b	59,67 a	31,37 d	1,67 a	5,33 b	41,33 a	3,00 a
P1 x P7	0,88 c	58,00 a	32,03 d	1,00 a	4,00 b	39,00 b	2,33 a
P1 x P8	1,09 b	53,00 c	33,57 b	1,33 a	11,67 a	50,67 a	2,33 a
P1 x P9	1,05 b	53,00 c	32,60 c	1,00 a	1,67 b	52,00 a	2,67 a
P1 x P10	0,98 b	50,67 c	33,63 b	1,67 a	4,33 b	41,67 a	2,33 a
P2 x P3	1,17 a	51,33 c	31,87 d	1,00 a	16,33 a	53,67 a	2,67 a
P2 x P4	1,20 a	52,00 c	33,17 c	1,00 a	5,00 b	45,00 a	2,00 a
P2 x P5	1,21 a	50,00 c	32,67 c	1,00 a	7,00 b	48,00 a	3,67 a
P2 x P6	1,20 a	48,67 c	32,77 c	1,33 a	6,67 b	52,33 a	4,33 a
P2 x P7	1,08 b	49,67 c	32,87 c	1,33 a	6,67 b	45,00 a	3,00 a
P2 x P8	1,17 a	54,00 b	34,07 b	1,00 a	7,00 b	49,67 a	3,00 a
P2 x P9	1,34 a	52,33 c	33,53 b	1,67 a	14,67 a	47,33 a	2,33 a
P2 x P10	1,26 a	51,33 c	34,00 b	1,00 a	11,00 a	45,33 a	4,00 a
P3 x P4	1,22 a	50,33 c	31,83 d	1,33 a	5,00 b	50,67 a	2,33 a
P3 x P5	1,10 a	55,33 b	31,03 d	0,67 a	5,00 b	50,00 a	3,00 a
P3 x P6	1,19 a	56,00 b	31,80 d	0,67 a	10,00 a	45,67 a	2,00 a
P3 x P7	1,10 a	50,00 c	31,43 d	0,67 a	1,67 b	51,33 a	3,00 a
P3 x P8	1,07 b	50,00 c	32,80 c	0,67 a	6,67 b	49,00 a	1,67 a
P3 x P9	1,18 a	50,00 c	32,57 c	0,67 a	6,00 b	50,67 a	2,33 a
P3 x P10	1,17 a	50,00 c	32,90 c	0,67 a	9,33 a	46,67 a	2,33 a
P4 x P5	1,23 a	52,67 c	32,03 d	0,67 a	4,67 b	48,00 a	2,00 a
P4 x P6	1,19 a	43,00 d	31,70 d	1,33 a	3,33 b	47,33 a	2,00 a
P4 x P7	1,18 a	50,00 c	31,77 d	1,00 a	2,00 b	50,33 a	1,00 a
P4 x P8	1,24 a	56,00 b	32,73 c	1,00 a	3,67 b	48,00 a	1,67 a
P4 x P9	1,27 a	54,00 b	32,73 c	1,00 a	1,33 b	47,00 a	1,67 a
P4 x P10	1,18 a	50,00 c	33,17 c	1,00 a	7,33 b	49,33 a	2,33 a

AE = altura média de inserção da primeira espiga; FLOR = número médio de dias para o florescimento; CE = capacidade de expansão dos grãos; PAC = número médio de plantas acamadas; PQ = número médio de plantas quebradas; EST = estande final; e EMP = número médio de espigas mal empalhadas.

Continuação.

Genótipos	AE	FLOR	CE	PAC	PQ	EST	EMP
P5 x P6	1,00 b	56,00 b	31,80 d	1,33 a	10,67 a	36,00 b	2,67 a
P5 x P7	1,06 b	54,00 b	31,47 d	0,33 a	13,67 a	37,00 b	2,33 a
P5 x P8	1,09 b	54,67 b	33,00 c	0,67 a	10,00 a	49,00 a	2,67 a
P5 x P9	1,15 a	49,33 c	32,07 d	0,67 a	6,33 b	47,00 a	1,67 a
P5 x P10	1,21 a	53,00 c	32,57 c	1,33 a	12,33 a	45,33 a	1,67 a
P6 x P7	1,10 a	50,67 c	31,77 d	1,67 a	9,00 a	34,00 b	3,00 a
P6 x P8	1,38 a	60,67 a	33,60 b	1,67 a	11,67 a	39,00 b	1,00 a
P6 x P9	1,18 a	56,00 b	32,77 c	0,67 a	13,67 a	47,00	2,00 a
P6 x P10	1,11 b	56,00 b	33,03 c	1,33 a	10,33 a	46,33 a	2,67 a
P7 x P8	1,02 b	50,00 c	33,43 b	2,00 a	7,33 b	45,33 a	2,67 a
P7 x P9	1,05 b	57,33 b	32,57 c	0,67 a	6,67 b	30,67 b	2,00 a
P7 x P10	1,04 b	50,00 c	32,90 c	0,67 a	11,33 a	27,33 b	2,33 a
P8 x P9	1,13 a	55,00 b	34,00 b	0,67 a	9,00 a	31,67 b	2,67 a
P8 x P10	1,03 b	50,00 c	34,83 a	1,33 a	7,33 b	33,33 b	2,33 a
P9 x P10	1,05 b	51,33 c	33,30 b	1,00 a	11,67 a	34,33 b	2,67 a
P1	0,74 c	61,00 a	32,44 c	1,33 a	7,00 b	26,33 b	2,00 a
P2	0,95 b	59,00 a	34,30 b	1,00 a	11,00 a	49,67 a	3,00 a
P3	1,08 b	60,00 a	32,17 d	1,33 a	8,00 b	49,33 a	1,33 a
P4	1,13 a	59,33 a	32,37 c	1,67 a	4,00 b	49,00 a	2,00 a
P5	1,12 a	60,00 a	32,20 d	1,33 a	8,67 a	36,33 b	1,67 a
P6	0,98 b	62,67 a	32,10 d	1,33 a	4,33 b	41,67 a	2,67 a
P7	0,86 c	59,67 a	31,90 d	1,33 a	8,00 b	31,00 b	1,00 a
P8	1,10 a	59,33 a	35,67 a	1,33 a	6,33 b	46,67 a	1,67 a
P9	1,06 b	58,33 a	34,93 a	1,33 a	13,67 a	46,67 a	1,67 a
P10	0,90 c	59,67 a	34,83 a	1,33 a	6,00 b	42,33 a	2,00 a
IAC 112	1,14 a	59,33 a	25,90 e	1,00 a	6,33 b	45,33 a	2,33 a
IAC 125	0,97 b	45,00 d	24,84 e	1,33 a	10,33 a	49,00 a	2,33 a
ZÉLIA	1,15 a	45,00 d	25,53 e	1,33 a	8,67 a	49,33 a	2,33 a

AE = altura média de inserção da primeira espiga; FLOR = número médio de dias para o florescimento; CE = capacidade de expansão dos grãos; PAC = número médio de plantas acamadas; PQ = número médio de plantas quebradas; EST = estande final; e EMP = número médio de espigas mal empalhadas.

As maiores alturas de planta foram acompanhadas também por maiores alturas de espigas nesses híbridos, o que é esperado, em razão da elevada correlação entre essas características em milho pipoca, conforme Coimbra *et al.* (2001).

Para as características PAC e EMP não houve diferença significativa entre os genitores, híbridos e testemunhas, dados que corroboram os obtidos por Freitas Júnior *et al.* (2006). Com relação ao PE, destacaram-se os híbridos $P_1 \times P_3$, $P_2 \times P_4$ e $P_3 \times P_7$ como os mais produtivos, com estimativas de médias de 4.195,00; 4.356,67 e 3.946,67 kg.ha⁻¹, respectivamente.

As características ED e EP proporcionaram a formação de apenas dois grupos, demonstrando não haver significativas diferenças entre os tratamentos, ou seja, os genótipos apresentaram padrão semelhante de sanidade das testemunhas.

A característica CE, de elevada importância para o melhoramento, proporcionou a formação de cinco grupos, sendo os genitores P_8 , P_9 e P_{10} as linhagens com melhor desempenho, com estimativas de 35,67; 34,93 e 34,83 mL.g⁻¹, respectivamente. A elevada CE para as linhagens é explicada pela ação aditiva dos genes para esta característica. Dentre os híbridos, o $P_8 \times P_{10}$ apresentou uma capacidade de expansão promissora, no entanto, seu valor de rendimento de grãos foi somente 1.530,00 kg.ha⁻¹. Observando os demais valores de CE, conjuntamente com RG, identificaram-se os híbridos $P_2 \times P_4$ e $P_2 \times P_9$ com resultados promissores, visto que a CE supera o limite comercial de 30 mL.g⁻¹ (com valores respectivos de 33,7 e 33,53 mL.g⁻¹) e a RG supera a produtividade média de 2.500,00 kg.ha⁻¹ (com valores estimados de 3.493,33 e 3.166,67 kg.ha⁻¹). Em seguida vêm os híbridos $P_3 \times P_{10}$, $P_1 \times P_3$ e $P_4 \times P_8$ com resultados satisfatórios para tais características.

Dentre os genótipos com pior desempenho, estão os genitores P_1 , P_7 e P_{10} , com os valores menores dentre as linhagens para RG, apesar de apresentarem valores de CE acima do limite comercial. Este fato pode ser explicado pela correlação negativa entre tais características. Observou-se ainda que os valores mais inferiores de CE corresponderam as três testemunhas, cujas estimativas não superaram 25,90 mL.g⁻¹. Este comportamento também é observado para RG que, apesar de não possuírem os valores mais inferiores, estão abaixo da produtividade média da cultura (2.500,00 kg.ha⁻¹). Portanto, os híbridos IAC 112, IAC 125 e Zélia

não têm boa adaptação para Campos dos Goytacazes, conforme já destacado por Freitas Júnior *et al.* (2006) e Rangel *et al.* (2008).

Em resumo, os genitores contiveram os valores mais promissores de CE. No entanto para RG não foram capazes de alcançar resultados satisfatórios, fato atribuído à sua natureza genética, ou seja, elevada homozigose, favorecendo as características de efeito aditivo nas subseqüentes autofecundações.

A característica número de espigas (NE) proporcionou apenas dois grupos, explicitando a uniformidade dos tratamentos. No entanto, é possível destacar os híbridos $P_1 \times P_3$ e $P_2 \times P_{10}$ com as maiores estimativas de médias para a característica, além de revelar expressivos valores para RG e CE. Para a característica FLOR, observou-se menor precocidade dos genitores em relação aos híbridos. Assim, conclui-se que os cruzamentos dialélicos entre as 10 linhagens contribuíram favoravelmente para o aumento da precocidade dos híbridos.

4.2. Ambiente de Itaocara

4.2.1. Análise de Variância Univariada

Na Tabela 11, há as estimativas da média geral, média dos pais, média dos híbridos ($F_{1's}$), médias das testemunhas, dos coeficientes de variação e dos quadrados médios para os efeitos de blocos, dos tratamentos (pais + $F_{1's}$ + testemunhas), dos genótipos (pais + $F_{1's}$), do desdobramento de genótipos em Pais, $F_{1's}$ e no contraste Pais x $F_{1's}$, bem como dos quadrados médios para as testemunhas e interação genótipos x testemunhas, além do resíduo, provenientes da análise de variância no delineamento em blocos casualizados, com testemunhas adicionais para 14 características avaliadas.

A maioria das características foi significativa para a fonte de variação Tratamento, com exceção de ED, PAC, PQ e EMP, pelo teste F, em 5 e 1% de probabilidade. A ausência de significância para tais características indica que o

Tabela 11 - Valores e significâncias dos quadrados médios (QM) e coeficientes percentuais da variação experimental, com base na média dos tratamentos para 14 características avaliadas em combinações híbridas, respectivos genitores e testemunhas. Itaocara, RJ.

FV	GL	Quadrados Médios ^{1/}				
		NE	ED	EP	PE	RG
Blocos (B)	2	104,4310	6,9482	0,9368	2189,7989	2189,7989
Tratamentos (T)	57	167,8254 **	9,6951 n.s.	9,6032 **	2092973,5930 **	2092973,5930 **
Genótipos (G)	54	167,1712 **	9,9813 n.s.	10,0170 **	2170404,8930 **	2170404,8930 **
F ₁ 's	44	113,1151 *	11,7200 n.s.	10,5363 **	1499313,0303 **	1345192,4030 **
Pais	9	275,9592 **	2,4770 **	7,0370 n.s.	1200398,9815 **	861807,8704 **
Pais x F ₁ 's	1	1566,5480 **	0,9458 **	14,0122 n.s.	40428500,0757 **	48108327,2757 **
Testemunhas (Te)	2	203,1111 *	6,7777 n.s.	3,1111 n.s.	1045808,3330 **	1045808,3330 **
G x Te	1	132,5810 n.s.	0,0769 n.s.	0,2171 n.s.	6013,9185 n.s.	6013,9185 **
Resíduo	114	64,3433	10,0060	4,9426	114881,4655	114881,4655
Média Geral		44,7068	4,4655	5,0402	2996,8390	2521,4137
Média dos Híbridos		45,9555	4,4962	4,9111	3231,5555	2792,4880
Média dos Pais		37,9666	4,3000	5,6666	1948,1666	1392,5000
Média das Testemunhas		48,4444	4,5555	4,8888	2971,6660	2218,3332
CVe (%)		17,9422	70,8390	44,1090	11,3100	11,6613

^{1/} NE = número médio de espigas; ED = número médio de espigas doentes; EP = número médio de espigas com praga; PE = peso médio de espigas com grãos; e RG = rendimento de grãos.

n.s. = Não significativo em nível de 0,05;

** = Significativo em nível de 0,01; e

* = Significativo em nível de 0,05.

Continuação.

FV	GL	Quadrado Médios ^{1/}				
		M100	AP	AE	FLOR	CE
Blocos (B)	2	0,7576	0,3059	0,0958	0,4540	0,2354
Tratamentos (T)	57	8,2832 **	0,1036 **	0,0427 **	20,0642 **	4,8023 **
Genótipos (G)	54	8,6847 **	0,1071 **	0,0446 **	19,2193 **	3,0624 **
F ₁ 's	44	7,7063 **	0,0641 **	0,0286 **	7,2448 **	2,4698 **
Pais	9	11,4194 **	0,2365 **	0,0842 **	1,7815 n.s.	5,9160 **
Pais x F ₁ 's	1	27,1225 **	0,8375 **	0,3916 **	703,0387 **	3,4613 **
Testemunhas (Te)	2	1,3359 *	0,0609 n.s.	0,0047 n.s.	16,4444 **	1,4132 **
G x Te	1	0,4973 n.s.	0,0008 n.s.	0,0153 n.s.	72,9296 **	105,5300 **
Resíduo	114	0,3549	0,0297	0,0063	1,4248	0,5205
Média Geral		13,4955	2,2604	1,2879	56,0057	32,9260
Média dos Híbridos		13,6991	2,2935	1,3130	54,8814	32,6761
Média dos Pais		12,6480	2,1088	1,1860	60,2333	33,0516
Média das Testemunhas		13,2666	2,2694	1,2477	58,7777	36,2600
CVe (%)		4,4144	7,6227	6,1698	2,1313	2,1912

^{1/} M100 = massa média de 100 grãos; AP = altura média de planta; AE = altura média de inserção da primeira espiga; FLOR = número médio de dias para florescimento; e CE = capacidade de expansão dos grãos.

n.s. = Não significativo em nível de 0,05;

** = Significativo em nível de 0,01; e

* = Significativo em nível de 0,05.

Continuação.

FV	GL	Quadrados Médios ^{1/}			
		PAC	PQ	EST	EMP
Blocos (B)	2	0,0172	26,0740	38,2126	0,8506
Tratamentos (T)	57	0,3844 ^{n.s.}	43,3890 ^{n.s.}	69,6290 ^{**}	1,1007 ^{n.s.}
Genótipos (G)	54	0,3933 ^{n.s.}	42,2610 ^{n.s.}	69,2666 ^{**}	1,1156 ^{n.s.}
F ₁ 's	44	0,3933 ^{n.s.}	45,5730 ^{n.s.}	53,4185 ^{**}	1,0538 ^{n.s.}
Pais	9	0,3741 ^{n.s.}	22,6111 ^{n.s.}	121,7370 ^{**}	1,2037 ^{n.s.}
Pais x F ₁ 's	1	0,5660 ^{n.s.}	73,4304 ^{n.s.}	294,3519 ^{**}	3,0387 ^{n.s.}
Testemunhas (Te)	2	0,3333 ^{n.s.}	24,3330 ^{n.s.}	96,7777 [*]	0,4444 ^{n.s.}
G x Te	1	0,0050 ^{n.s.}	142,4000 [*]	34,9007 ^{n.s.}	1,6100 ^{n.s.}
Resíduo	114	0,4851	32,8750	27,3822	1,0786
Média Geral		1,3103	13,5402	38,9712	1,8563
Média dos Híbridos		1,2814	13,4370	39,4960	1,8148
Média dos Pais		1,4333	15,1666	36,0330	2,1666
Média das Testemunhas		1,3333	9,6667	40,8888	1,4444
CVe (%)		53,1520	42,3460	13,4273	55,9481

^{1/} PAC = número médio de plantas acamadas; PQ = número médio de plantas quebradas; EST = estande final; e EMP = número médio de espigas mal empalhadas.

^{n.s.} = Não significativo em nível de 0,05;

^{**} = Significativo em nível de 0,01; e

^{*} = Significativo em nível de 0,05.

ambiente em estudo foi favorável para identificação de materiais superiores, semelhante ao que ocorreu para PAC no ambiente de Campos dos Goytacazes (Tabela 9).

Para as características de maior interesse, observou-se diferença significativa em 1% de probabilidade para tratamento, confirmando a existência de variabilidade genética entre os tratamentos avaliados. Observou-se ainda que as características revelaram resultados semelhantes para tratamento e genótipo, quanto à presença de significância ou não, demonstrando que as testemunhas pouco contribuíram para as variações detectadas.

Com relação ao desdobramento da fonte de variação Genótipo em Pais, $F_{1's}$ e Pais x $F_{1's}$, observou-se que as características PE, RG, M100, AP, AE e EST foram significativas, pelo teste F, em 1% de probabilidade. Considerando apenas os híbridos, as características ED, PAC, PQ e EMP não foram significativas em 5% de probabilidade; com relação aos Pais, a ausência de significância em 5% de probabilidade, para EP, PAC, PQ e EMP constituem situações favoráveis ao melhoramento, seja para constituição de compostos ou híbridos.

Ao enfatizar as características de maior interesse, CE e RG, a significância encontrada para todas as fontes de variação em estudo, em 1% de probabilidade, pelo teste F, indica a presença de diversidade genética e a possibilidade de aproveitamento do potencial dos híbridos. Nesse aspecto, ao considerar o contraste Pais x $F_{1's}$, as características EP, PAC, PQ e EMP não foram significativas em 5% de probabilidade, o que corrobora o potencial dos híbridos obtidos nos cruzamentos dialélicos.

A ausência de significância em 5% de probabilidade para G x Te para dez das 14 características avaliadas atesta a irrelevância das testemunhas para a variabilidade presente nos tratamentos.

Ao serem comparadas as médias dos híbridos, pais e testemunhas constatam-se a superioridade dos $F_{1's}$ em relação aos demais genótipos para as características PE e RG (Tabela 11). Ao contrário dos resultados obtidos em Campos dos Goytacazes (Tabela 9), a capacidade de expansão dos híbridos, em Itaocara, foi inferior às testemunhas e pais. Quanto à característica florescimento, percebe-se que, em contexto geral, os híbridos foram mais precoces do que os pais e até mesmo em relação às testemunhas, que são híbridos comerciais

(Tabelas 9 e 11). Para as demais características, não houve diferenças discrepantes entre as médias dos genótipos nos ambientes avaliados.

Quanto ao coeficiente de variação das características, CE, FLOR, AP, AE e M100 foram menores que 10%, indicando alta precisão experimental. Outras características como NE, PE, RG e EST mantiveram o CVe entre 10 a 20%. Percentuais superiores a 20% ocorreram para ED, EP, PAC, PQ e EMP, embora apenas a característica número de espigas doentes conteve alto valor de CVe (70,83%). Este fato é facilmente explicado, pois esta característica é altamente influenciada pelas variações ambientais.

Segundo Coimbra (2000), os altos valores dos coeficientes de variação para essas características estão em consonância com os resultados constantes na literatura para a cultura do milho comum, destacando-se que, para as características número de plantas acamadas e quebradas, os valores de CVe (%) comumente são muito elevados. De forma semelhante, Daros *et al.* (2004 a), obtiveram valores elevados de CVe para número de espigas doentes (55,10 %), número de plantas quebradas (43,80 %) e espigas mal empalhadas (123,11 %), trabalhando com seleção recorrente de famílias S₁ de UNB-2U.

Ao se comparar os resultados de CVe em Campos dos Goytacazes e Itaocara, observam-se semelhanças para as características em geral, destacando CE, E e EST com os valores menos discrepantes, e a característica ED com o valor mais discrepante entre os ambientes (33,7947 para Campos dos Goytacazes e 70,8390 para Itaocara). Desse modo, conclui-se que, para as características de maior interesse econômico (PE, RG, CE e FLOR) o coeficiente de variação de ambos os ambientes foi satisfatório, com exceção do CVe (%) para PE em Campos dos Goytacazes, por exprimir magnitude superior a 20%.

4.2.2. Agrupamento de Médias

As estimativas das médias de 14 características avaliadas no ambiente de Itaocara, bem como o resultado do agrupamento de médias de Scott Knott em 5% de probabilidade (Steel e Torrie, 1980), podem ser visualizadas na Tabela 12.

Tabela 12 – Estimativas de médias de quatorze características avaliadas em dez genitores, 45 híbridos e três testemunhas, seguidas pelo teste de agrupamento entre médias de Scott Knott, em 5% de probabilidade. Itaocara, RJ.

Genótipos	NE	ED	EP	PE	RG	M100	AP
P1 x P2	46,00 a	6,33 a	5,00 b	3230,00 b	2790,00 c	12,38 e	2,36 a
P1 x P3	50,00 a	4,00 a	4,33 b	3868,33 a	3273,33 b	13,07 d	2,19 a
P1 x P4	43,00 b	3,00 a	4,33 b	3211,67 b	2820,00 c	13,43 d	2,15 b
P1 x P5	47,00 a	6,67 a	3,67 b	2646,67 c	2240,00 d	11,32 f	2,20 a
P1 x P6	52,33 a	6,33 a	4,67 b	2825,00 c	2366,67 d	11,11 f	2,11 b
P1 x P7	32,67 b	7,67 a	4,00 b	2066,67 d	1790,00 e	10,96 f	2,02 b
P1 x P8	36,67 b	3,67 a	6,33 a	2626,67 c	2186,67 d	13,10 d	2,20 a
P1 x P9	52,67 a	5,33 a	5,00 b	3073,33 b	2776,67 c	12,52 e	2,31 a
P1 x P10	44,00 b	7,00 a	5,67 b	2655,00 c	2380,00 d	12,15 e	1,89 b
P2 x P3	46,00 a	4,00 a	4,00 b	3933,33 a	3533,33 a	11,67 e	2,27 a
P2 x P4	45,67 a	3,33 a	4,00 b	4245,00 a	3840,00 a	17,27 a	2,39 a
P2 x P5	41,00 b	3,33 a	5,33 b	2960,00 b	2753,33 c	13,20 d	2,41 a
P2 x P6	41,67 b	7,67 a	3,67 b	3276,67 b	2773,33 c	13,92 d	2,35 a
P2 x P7	43,00 b	3,00 a	4,00 b	3801,67 a	3380,00 b	14,40 c	2,35 a
P2 x P8	48,00 a	2,00 a	4,33 b	3511,67 b	3100,00 c	14,78 c	2,08 b
P2 x P9	54,67 a	2,67 a	4,00 b	4110,00 a	3643,33 a	14,56 c	2,54 a
P2 x P10	48,33 a	3,33 a	3,33 b	3643,33 a	3173,33 b	16,88 a	2,43 a
P3 x P4	48,00 a	4,67 a	4,33 b	3866,67 a	3406,67 b	15,79 b	2,30 a
P3 x P5	52,67 a	6,00 a	5,00 b	3638,33 a	3180,00 b	14,95 c	2,28 a
P3 x P6	51,00 a	3,67 a	6,00 a	3666,67 a	3196,67 b	13,82 d	2,23 a
P3 x P7	53,33 a	4,67 a	4,33 b	4320,00 a	3928,67 a	14,93 c	2,15 b
P3 x P8	55,00 a	3,00 a	3,00 b	4208,33 a	3616,67 a	14,54 c	2,43 a
P3 x P9	50,67 a	4,00 a	2,33 b	3566,67 b	3220,00 b	14,55 c	2,27 a
P3 x P10	42,67 b	1,33 a	2,67 b	3460,00 b	2921,67 c	14,75 c	2,18 a
P4 x P5	48,00 a	3,67 a	2,33 b	3836,67 a	3131,67 c	15,91 b	2,12 b
P4 x P6	54,00 a	5,67 a	3,67 b	3823,33 a	3260,00 b	15,85 b	2,53 a
P4 x P7	52,33 a	3,67 a	5,00 b	3988,33 a	3573,33 a	15,07 c	2,45 a
P4 x P8	48,33 a	3,33 a	3,67 b	3951,67 a	3396,67 b	15,91 b	2,63 a
P4 x P9	45,00 a	2,33 a	5,33 b	3840,00 a	3426,67 b	16,32 b	2,58 a
P4 x P10	49,67 a	1,00 a	4,33 b	4326,67 a	3580,00 a	16,36 b	2,35 a

NE = número médio de espigas com grãos; ED = número médio de plantas doentes; EP = número médio de espigas atacadas por pragas; PE = peso médio de espigas com grãos; RG = rendimento de grãos; M100 = massa média de 100 grãos; e AP = altura média de plantas.

Continuação.

Genótipos	NE	ED	EP	PE	RG	M100	AP
P5 x P6	24,67 c	2,00 a	3,00 b	1636,67 d	1233,33 g	12,50 e	2,04 b
P5 x P7	41,33 b	4,00 a	3,33 b	2880,00 c	2493,33 d	12,61 e	2,26 a
P5 x P8	43,00 b	2,67 a	8,33 a	3066,67 b	2753,33 c	13,29 d	2,32 a
P5 x P9	48,33 a	4,33 a	3,67 b	3073,33 b	2666,67 c	12,77 e	2,29 a
P5 x P10	47,00 a	5,67 a	4,00 b	2628,33 c	2220,00 d	13,84 d	2,36 a
P6 x P7	39,00 b	5,00 a	6,00 a	2650,00 c	2293,33 d	12,84 e	2,26 a
P6 x P8	48,00 a	4,33 a	8,00 a	2471,67 c	2183,33 d	13,07 d	2,41 a
P6 x P9	54,00 a	7,00 a	4,00 b	3071,67 b	2663,33 c	12,18 e	2,39 a
P6 x P10	43,67 b	8,00 a	9,67 a	2890,00 c	2240,00 d	12,70 e	2,31 a
P7 x P8	49,33 a	7,67 a	9,00 a	2998,33 b	2440,00 d	12,95 d	2,30 a
P7 x P9	44,33 a	7,00 a	11,00 a	1718,33 d	1146,67 g	12,25 e	2,26 a
P7 x P10	41,67 b	5,67 a	7,00 a	2510,00 c	2136,67 d	12,96 d	2,30 a
P8 x P9	41,67 b	8,67 a	5,67 b	2280,00 c	2003,33 e	12,57 e	2,34 a
P8 x P10	42,33 b	2,00 a	5,33 b	3426,67 b	2996,67 c	12,22 e	2,41 a
P9 x P10	36,33 b	2,00 a	5,33 b	1940,00 d	1533,33 f	12,27 e	2,25 a
P1	15,33 c	3,67 a	2,00 b	576,67 e	266,67 h	7,97 g	1,40 c
P2	40,67 b	4,00 a	5,33 b	2706,67 c	2126,67 d	14,10 c	2,34 a
P3	38,00 b	4,67 a	7,33 a	2216,67 c	1633,33 f	13,73 d	1,95 b
P4	39,00 b	2,67 a	6,00 a	2576,67 c	1790,00 e	15,46 c	2,25 a
P5	47,67 a	4,00 a	6,33 a	2276,67 c	1810,00 e	12,60 e	2,29 a
P6	38,00 b	4,67 a	5,67 b	1705,00 d	1128,33 g	12,15 e	2,11 b
P7	32,33 b	5,00 a	6,33 a	1426,67 d	971,67 g	12,43 e	2,00 b
P8	36,00 b	3,67 a	7,33 a	1875,00 d	1386,67 f	12,71 e	2,26 a
P9	42,00 b	4,67 a	4,67 b	1738,33 d	1140,00 g	12,02 e	2,22 a
P10	50,67 a	6,00 a	5,67 b	2383,33 c	1671,67 f	13,31 d	2,28 a
IAC 112	39,33 b	3,00 a	4,67 b	2293,33 c	1813,33 e	12,51 e	2,43 a
IAC 125	50,67 a	4,67 a	6,00 a	3251,67 b	2453,33 d	13,54 d	2,22 a
ZÉLIA	55,33 a	6,00 a	4,00 b	3370,00 b	2388,33 d	13,76 d	2,16 b

NE = número médio de espigas com grãos; ED = número médio de plantas doentes; EP = número médio de espigas atacadas por pragas; PE = peso médio de espigas com grãos; RG = rendimento de grãos; M100 = massa média de 100 grãos; e AP = altura média de plantas.

Continuação.

Genótipos	AE	FLOR	CE	PAC	PQ	EST	EMP
P1 x P2	1,28 b	55,00 c	32,93 d	1,33 a	9,67 a	43,33 a	1,33 a
P1 x P3	1,22 c	55,00 c	32,20 e	1,33 a	11,67 a	43,67 a	1,33 a
P1 x P4	1,24 c	55,67 b	32,21 e	1,33 a	6,00 a	42,00 a	1,33 a
P1 x P5	1,21 c	56,00 b	31,87 e	1,67 a	5,67 a	44,00 a	1,33 a
P1 x P6	1,17 c	56,00 b	31,33 e	1,67 a	5,67 a	43,33 a	2,33 a
P1 x P7	1,08 c	55,00 c	32,03 e	1,33 a	9,67 a	36,33 b	2,33 a
P1 x P8	1,20 c	54,00 c	33,63 c	0,33 a	15,67 a	36,00 b	2,00 a
P1 x P9	1,28 b	56,67 b	32,50 d	1,67 a	7,67 a	44,33 a	1,33 a
P1 x P10	1,17 c	56,33 b	33,63 c	1,00 a	19,00 a	38,67 b	1,33 a
P2 x P3	1,28 b	54,00 c	31,93 e	1,33 a	16,67 a	40,67 a	2,00 a
P2 x P4	1,34 b	54,67 c	33,27 d	0,67 a	8,33 a	43,00 a	3,00 a
P2 x P5	1,28 b	55,67 b	32,70 d	0,67 a	16,33 a	36,00 b	3,00 a
P2 x P6	1,33 b	51,67 d	32,77 d	0,67 a	12,00 a	39,33 a	2,00 a
P2 x P7	1,26 b	55,00 c	32,87 d	1,67 a	12,33 a	40,67 a	1,33 a
P2 x P8	1,38 b	50,00 d	34,03 c	1,33 a	18,33 a	44,33 a	1,00 a
P2 x P9	1,45 a	56,00 b	33,93 c	1,33 a	20,33 a	42,00 a	1,67 a
P2 x P10	1,38 b	54,67 c	33,97 c	1,00 a	18,00 a	43,33 a	2,33 a
P3 x P4	1,36 b	54,00 c	31,83 e	2,00 a	11,33 a	42,33 a	2,00 a
P3 x P5	1,32 b	50,67 d	31,20 e	1,67 a	9,67 a	41,67 a	2,00 a
P3 x P6	1,32 b	51,33 d	31,80 e	1,33 a	17,33 a	37,67 b	2,33 a
P3 x P7	1,27 b	54,00 c	31,45 e	1,33 a	19,67 a	42,00 a	2,00 a
P3 x P8	1,40 a	54,00 c	32,87 d	1,33 a	15,33 a	45,33 a	1,67 a
P3 x P9	1,30 b	54,00 c	32,60 d	1,33 a	16,67 a	42,67 a	1,67 a
P3 x P10	1,32 b	54,00 c	32,93 d	1,00 a	18,67 a	37,00 b	1,67 a
P4 x P5	1,50 a	55,00 c	31,07 e	1,00 a	9,67 a	45,00 a	1,33 a
P4 x P6	1,50 a	56,00 b	31,85 e	1,00 a	19,00 a	38,67 b	1,33 a
P4 x P7	1,43 a	55,00 c	31,64 e	1,33 a	12,00 a	46,67 a	1,67 a
P4 x P8	1,50 a	56,00 b	32,83 d	1,00 a	12,33 a	42,67 a	2,33 a
P4 x P9	1,56 a	57,00 b	32,90 d	2,00 a	11,67 a	41,67 a	1,67 a
P4 x P10	1,32 b	55,00 c	33,20 d	1,33 a	9,67 a	44,33 a	1,33 a

AE = altura média de inserção da primeira espiga; FLOR = número médio de dias para o florescimento; CE = capacidade de expansão dos grãos; PAC = número médio de plantas acamadas; PQ = número médio de plantas quebradas; EST = estande final; e EMP = número médio de espigas mal empalhadas.

Continuação.

Genótipos	AE	FLOR	CE	PAC	PQ	EST	EMP
P5 x P6	1,16 c	57,33 b	31,77 e	1,00 a	9,67 a	37,00 b	3,33 a
P5 x P7	1,24 c	56,00 b	31,45 e	1,33 a	11,00 a	34,00 b	1,67 a
P5 x P8	1,26 b	56,00 b	33,00 d	0,67 a	13,67 a	35,67 b	2,00 a
P5 x P9	1,33 b	56,00 b	32,24 e	1,33 a	16,33 a	33,67 b	1,33 a
P5 x P10	1,30 b	57,00 b	32,70 d	1,33 a	16,00 a	33,67 b	1,00 a
P6 x P7	1,31 b	54,33 c	31,70 e	1,67 a	15,67 a	29,33 b	1,67 a
P6 x P8	1,39 a	55,00 c	33,50 c	1,00 a	16,00 a	36,67 b	1,00 a
P6 x P9	1,34 b	55,67 b	32,97 d	1,33 a	14,00 a	36,33 b	1,33 a
P6 x P10	1,34 b	54,33 c	33,05 d	1,00 a	13,67 a	33,67 b	1,67 a
P7 x P8	1,30 b	54,33 c	33,27 d	1,67 a	10,00 a	35,00 b	3,33 a
P7 x P9	1,32 b	56,00 b	32,53 d	1,33 a	13,33 a	36,00 b	1,00 a
P7 x P10	1,23 c	54,33 c	32,93 d	1,00 a	14,33 a	32,00 b	2,00 a
P8 x P9	1,37 b	54,67 c	34,43 c	1,67 a	13,33 a	35,00 b	2,00 a
P8 x P10	1,32 b	56,00 b	35,03 b	1,33 a	15,67 a	37,67 b	2,67 a
P9 x P10	1,23 c	55,33 c	33,87 c	1,67 a	16,00 a	43,00 a	1,67 a
P1	0,75 d	62,00 a	32,45 d	1,67 a	9,33 a	28,00 b	1,67 a
P2	1,28 b	61,00 a	34,33 c	1,33 a	17,67 a	43,33 a	1,33 a
P3	1,17 c	59,67 a	32,00 e	1,33 a	12,33 a	39,67 a	1,67 a
P4	1,30 b	59,67 a	32,35 d	1,00 a	14,00 a	44,67 a	1,67 a
P5	1,30 b	60,00 a	31,52 e	1,33 a	15,33 a	35,33 b	3,00 a
P6	1,22 c	59,67 a	32,00 e	1,33 a	18,00 a	27,00 b	2,33 a
P7	1,09 c	59,67 a	31,80 e	1,00 a	16,33 a	29,00 b	1,67 a
P8	1,28 b	60,00 a	35,50 b	1,67 a	17,33 a	36,00 b	2,67 a
P9	1,24 c	60,67 a	34,07 c	2,00 a	17,00 a	36,00 b	3,00 a
P10	1,27 b	60,00 a	34,50 c	2,00 a	14,33 a	41,33 a	2,67 a
IAC 112	1,29 b	56,33 b	36,73 a	1,33 a	9,33 a	34,33 b	1,67 a
IAC 125	1,23 c	59,00 a	36,58 a	1,00 a	12,67 a	44,33 a	1,67 a
ZÉLIA	1,22 c	61,00 a	35,47 b	1,33 a	7,00 a	44,00 a	1,00 a

AE = altura média de inserção da primeira espiga; FLOR = número médio de dias para o florescimento; CE = capacidade de expansão dos grãos; PAC = número médio de plantas acamadas; PQ = número médio de plantas quebradas; EST = estande final; e EMP = número médio de espigas mal empalhadas.

As características ED, PAC, PQ e EMP formaram apenas um grupo de médias, o que está em consonância com os resultados da ANOVA (Tabela 11), para a qual essas características foram não significativas. Por sua vez, a significância para AP e EST (Tabela 11), promoveu a formação de três e dois grupos de médias, respectivamente, demonstrando variabilidade entre os genótipos. A característica AE, apesar de haver constituído quatro grupos de médias, apenas um genótipo se alocou em um único grupo, o genitor P₁ com 0,75 m.

A característica PE conteve cinco grupos de médias, sendo que apenas o genitor P₁ constituiu um único grupo. A linhagem P₁, de fato, foi discrepante das demais não apenas para AE e PE, mas também para AP, E, RG, M100 e CE. Ainda em relação à PE, dentre os genitores houve baixos valores de médias, tendo o genitor P₄ sido o mais produtivo, com 2.576,67 kg.ha⁻¹. Em relação aos híbridos quanto à PE, as estimativas, em ordem decrescente foram P₄ x P₁₀ com 4.326,67 kg.ha⁻¹; P₃ x P₇ com 4.320 kg.ha⁻¹; P₂ x P₄ com 4.245 kg.ha⁻¹; P₃ x P₈ com 4.208,33 kg.ha⁻¹ e P₂ x P₉ com 4.110 kg.ha⁻¹. Apesar de o teste ter agrupado 17 híbridos no primeiro grupo de médias, essas combinações se destacaram por expressar em magnitudes superiores a 4.000 kg.ha⁻¹.

Em íntima relação com PE, há a característica RG, para a qual se destacaram os mesmos híbridos. Além disso, é importante ressaltar que os híbridos P₂ x P₄ e P₂ x P₉ também foram superiores para o ambiente de Campos dos Goytacazes (Tabela 10), demonstrando a coerência dos resultados e confirmando o potencial genético dessas combinações. Além disso, para a característica RG formou-se um grupo elevado de médias, indicando elevada diversidade entre este e os genitores (Tabela 12).

No que se refere às características mais importantes para o melhoramento do milho pipoca, CE e RG, pode-se indicar híbridos promissores, os quais reúnem CE acima de 30 mL.g⁻¹ e produtividade superior a 3.000 kg.ha⁻¹ (Scapim *et al.*, 2006).

Com relação à CE, as testemunhas IAC 112 e IAC 125 foram superiores e constituíram um grupo a parte com as maiores médias. Brugnera *et al.* (2003) e Miranda *et al.* (2003) também verificaram a superioridade do híbrido IAC 112, sobretudo quanto à CE. Este resultado é contraditório com os valores de médias para CE em Campos dos Goytacazes, mas pode ser explicado pela variação

ambiental entre os locais de plantio, bem como pelas condições de colheita, secagem e armazenamento dos grãos. Além disso, diferentemente dos resultados de Campos dos Goytacazes, os genitores não contiveram os melhores valores de CE. Enquanto em Campos dos Goytacazes houve quatro grupos de médias, o ambiente de Itaocara conteve cinco grupos, apesar da média geral de cada ambiente ter sido próxima.

Confirmando os resultados já propalados, os híbridos que demonstraram melhor performance para CE e RG foram $P_2 \times P_4$, $P_2 \times P_9$, $P_3 \times P_7$, $P_3 \times P_8$ e $P_4 \times P_{10}$. Estes híbridos foram considerados os mais produtivos pelo agrupamento de médias e, apesar de não expressarem os maiores valores para CE, demonstraram-se superiores, pois a CE para essas combinações foram superiores a 30 mL.g^{-1} , sendo o menor valor de $31,45 \text{ mL.g}^{-1}$, para o híbrido $P_3 \times P_7$. Desse modo, pode-se concluir que estes híbridos foram superiores para ambos os ambientes em estudo. É importante enfatizar que, apesar dos híbridos mais promissores quanto a CE e RG não serem os mais precoces, estes apresentam florescimento em tempo favorável, com variação de 54 a 56 dias para o florescimento.

A característica M100 formou seis grupos de médias, destacando-se os híbridos $P_2 \times P_4$ e $P_2 \times P_{10}$, por serem os pares com maior peso médio de 100 sementes. Quanto ao número médio de dias para o florescimento, os genitores e testemunhas foram significativamente mais tardios que os híbridos em geral. Este resultado é favorável, pois indica que os cruzamentos dialélicos permitirão obter materiais com potencial genético para precocidade. Dentre os híbridos mais precoces estão $P_2 \times P_6$, $P_2 \times P_8$, $P_3 \times P_5$ e $P_3 \times P_6$.

4.3. Análise Conjunta

4.3.1. Análise de Variância Conjunta

A Tabela 13 contém as médias dos pais, médias dos F_1 's, médias das testemunhas, os coeficientes de variação e os quadrados médios para os efeitos de

Tabela 13 - Valores e significâncias dos quadrados médios (QM) e coeficientes percentuais da variação experimental, com base na média dos tratamentos para 14 características avaliadas em combinações híbridas, respectivos genitores e testemunhas, em dois ambientes. Campos dos Goytacazes e Itaocara, RJ.

FV	GL	Quadrados Médios ^{1/}				
		NE	ED	EP	PE	RG
Blocos/Ambiente (B/A)	04	230,8735	23,7586	1,9281	20909,6264	72730,3900
Tratamentos (T)	57	392,9750 **	38,6056 **	11,6890 **	3259294,7310 **	2912605,1000 **
Genótipos (G)	54	400,1650 **	37,1816 **	11,6040 **	3404525,5800 **	3045608,8800 **
Testemunhas (Te)	02	184,7220 n.s.	92,6667 **	19,0550 n.s.	960516,6666 **	334550,0000 **
G x Te	01	421,2240 *	7,3807 n.s.	1,5778 n.s.	14385,0157 n.s.	886511,3530 **
Ambiente (A)	01	11725,2000 **	7020,025 **	96,2320 **	15612540,510 **	9509312,2800 **
T x A	57	112,3280 *	34,5346 **	14,9980 **	413278,5289 **	347751,0000 **
G x A	54	114,5790 *	34,8586 **	15,2920 **	415743,2856 **	356565,3430**
Te x A	02	98,7222 n.s.	38,2222 n.s.	14,3880 n.s.	553316,6666 **	211850,0000 n.s.
G x Te x A	01	17,9772 n.s.	9,6662 n.s.	0,3561 n.s.	105,3918 n.s.	143578,4880 n.s.
Resíduo	228	81,0782	15,8346	7,0889	121402,8281	82436,2095
Média Geral		50,5114	8,9568	5,5661	2785,0200	2356,1000
Média dos Híbridos		51,5000	9,0666	9,0666	2973,8333	2566,3000
Média dos Pais		44,6500	8,6500	8,6500	1943,6666	14750833
Média das Testemunhas		55,2222	8,3333	5,2778	2757,5000	2140,0000
CVe (%)		17,8263	44,4260	47,8345	12,5107	12,1860

^{1/} NE = número médio de espigas; ED = número médio de espigas doentes; EP = número médio de espigas com praga; PE = peso médio de espigas com grãos; e RG = rendimento de grãos.

n.s. = Não significativo em nível de 0,05;

** = Significativo em nível de 0,01; e

* = Significativo em nível de 0,05.

Continuação.

FV	GL	Quadrados Médios ^{1/}				
		M100	AP	AE	FLOR	CE
Blocos/Ambiente (B/A)	04	13,523	0,1798	0,0502	1,6954	0,4021
Tratamentos (T)	57	10,9000 **	0,1357 **	0,0738 **	57,1781 **	6,7212 **
Genótipos (G)	54	11,3900 **	0,1397 **	0,0768 **	58,0924 **	5,9008 **
Testemunhas (Te)	02	1,7530 **	0,0953 *	0,0218 n.s.	58,3889 **	1,0682 n.s.
G x Te	01	2,6650 n.s.	0,0021 n.s.	0,0176 n.s.	5,3838 n.s.	62,3285 **
Ambiente (A)	01	971,5000 **	18,9700 **	3,0072 **	497,2873 **	25,5402 **
T x A	57	1,7550 **	0,0278 n.s.	0,0082 n.s.	29,3751 **	8,9528 **
G x A	54	1,8420 **	0,0287 n.s.	0,0082 n.s.	21,1128 **	0,0941 n.s.
Te x A	02	0,0964 **	0,0185 n.s.	0,0117 n.s.	163,5000 **	1,2188 *
G x Te x A	01	0,4035 **	0,0000 n.s.	0,0024 n.s.	207,2884 **	502,7920 **
Resíduo	228	0,4740	0,0258	0,0087	4,3767	0,4420
Média Geral		11,8247	2,0295	1,1976	54,8103	32,6550
Média dos Híbridos		11,9848	2,0565	1,2205	53,6777	32,7542
Média dos Pais		11,2147	1,8919	1,0893	60,0666	30,8433
Média das Testemunhas		11,4500	2,0400	1,1672	54,2777	30,8430
CVe (%)		5,8228	7,9117	7,7755	3,8169	2,0358

^{1/} M100 = massa média de 100 grãos; AP = altura média de planta; AE = altura média de inserção da primeira espiga; FLOR = número médio de dias para florescimento; e CE = capacidade de expansão dos grãos.

n.s. = Não significativo em nível de 0,05;

** = Significativo em nível de 0,01; e

* = Significativo em nível de 0,05.

Continuação.

FV	GL	Quadrados Médios ^{1/}			
		PAC	PQ	EST	EMP
Blocos/Ambiente (B/A)	04	0,2356	25,9770	39,4540	0,5143
Tratamentos (T)	57	0,5324 ^{n.s.}	54,1566 ^{**}	162,8700 ^{**}	1,4750 [*]
Genótipos (G)	54	0,5469 ^{n.s.}	55,3886 ^{**}	166,0440 ^{**}	1,5359 ^{**}
Testemunhas (Te)	02	0,3889 ^{n.s.}	26,8889 ^{n.s.}	93,3888 ^{n.s.}	0,2222 ^{n.s.}
G x Te	01	0,0337 ^{n.s.}	42,1653 ^{n.s.}	130,4620 [*]	0,6966 ^{n.s.}
Ambiente (A)	01	1,9425 [*]	3120,0100 ^{**}	2720,4800 ^{**}	17,4820 ^{**}
T x A	57	0,3577 ^{n.s.}	26,4091 ^{n.s.}	44,3745 ^{n.s.}	1,0558 ^{n.s.}
G x A	54	0,3754 ^{n.s.}	25,5260 ^{n.s.}	45,9927 ^{n.s.}	1,0892 ^{n.s.}
Te x A	02	0,0556 ^{n.s.}	9,5555 ^{n.s.}	18,1666 ^{n.s.}	0,2222 ^{n.s.}
G x Te x A	01	0,0070 ^{n.s.}	107,8040 [*]	9,4083 ^{n.s.}	0,9213 ^{n.s.}
Resíduo	228	0,4696	23,9477	33,5826	0,9910
Média Geral		1,2356	10,5459	41,7672	2,0805
Média dos Híbridos		1,2000	10,4481	42,2148	2,1037
Média dos Pais		1,3830	11,4333	38,9666	2,0333
Média das Testemunhas		1,2777	9,0556	44,3888	1,8889
CVe (%)		55,4560	46,4029	13,8746	47,8489

^{1/} PAC = número médio de plantas acamadas; PQ = número médio de plantas quebradas; EST = estande final; e EMP = número médio de espigas mal empalhadas.

^{n.s.} = Não significativo em nível de 0,05;

^{**} = Significativo em nível de 0,01; e

^{*} = Significativo em nível de 0,05.

blocos, tratamentos (pais + $F_{1's}$ + testemunhas), genótipos (pais + $F_{1's}$), testemunhas, grupos, ambientes, interação tratamentos x ambientes, genótipos x ambientes, testemunhas x ambientes, grupos x ambientes e resíduo, provenientes das análises de variância do delineamento em blocos casualizados com testemunhas adicionais para as 14 características avaliadas.

Apenas PAC não revelou significância para esse nível de probabilidade e as demais características, com significância em 1% pelo teste F.

Nas ANOVAS individuais, PAC também não exibiu significância para os tratamentos, ao passo que EMP tenha sido significativo em Campos dos Goytacazes, não o foi em Itaocara (Tabelas 9 e 11).

Quanto a Genótipos, excetuando-se PAC, as demais características foram altamente significativas pelo teste F, revelando que as testemunhas contribuíram para reduzir a variabilidade para espigas mal empalhadas, haja vista que o nível de significância para EMP foi a única dissonância entre as fontes de variação tratamentos e genótipos (Tabela 13).

Para a fonte de variação testemunha, as características ED, PE, RG, M100, FLOR e CE demonstraram diferença significativa em 1% de probabilidade, ao passo que AP, em 5%, indicando que as testemunhas apresentaram desempenho variado nos ambientes avaliados. Com base nesses resultados, pose-se concluir que as características indesejáveis para o melhoramento como número de espigas com pragas, número de plantas acamadas e quebradas houve variabilidade reduzida em ambos os ambientes, pressupondo que estes materiais são resistentes e vigorosos.

Quanto ao contraste G x Te, as características NE, RG, CE e EST foram significativas em 1 ou 5% de probabilidade. Este resultado indica que houve diferença entre os genótipos e testemunhas para características de maior interesse econômico.

A fonte de variação Ambiente revelou significância para todas as características avaliadas, demonstrando que houve diferença significativa entre os ambientes para as características em estudo.

Em alusão especial a CE, por sua relevante importância, juntamente com a produção de grãos, há que se destacar que a capacidade de expansão pode ser altamente influenciada pelo ambiente, confirmando a suposição de herança

quantitativa (Brunson, 1937). Segundo Alexander e Creech (1977), a capacidade de expansão é uma característica poligênica, todavia sujeita à baixa influência ambiental. Porém, de acordo com Robbins e Ashman (1984) e Linares (1987), é possível que nem todos os genes para dureza do endosperma contribuem para a capacidade de expansão, o que confirma a possibilidade da influência do ambiente nesta característica.

Outro fator importante a ser destacado é que, apesar de não ter sido constatada diferença significativa na interação genótipos por ambiente para CE, houve significância em 5 % de probabilidade para o contraste Te x A (Tabela 13), o que favorece à suposição de que a CE sofre influência ambiental, constatada também por Vendruscolo *et al.* (2001), na avaliação de quinze genótipos (variedades e híbridos) em quinze ambientes na região Centro-Sul do Brasil.

As características NE, ED, EP, PE, RG, M100, FLOR e CE foram significativas quanto à fonte de variação Tratamento x Ambiente, revelando que houve comportamento diferenciado do grupo de genitores, híbridos e testemunhas nos ambientes avaliados. No entanto, para a interação G x A, dentre esse grupo de características, somente CE não expressou qualquer significância, denotando que os genitores e híbridos são mais uniformes nos dois ambientes sem a presença das testemunhas para CE.

No contraste Te x A, as características PE, M100, FLOR e CE apresentaram diferença significativa em 1% de probabilidade, ao passo que para o contraste G x Te x A, a maioria das características não exibiu significância. Apenas a CE, M100 e FLOR foram significativas em 1% de probabilidade e a característica PQ foi significativa em 5% de probabilidade. Tais resultados revelam que a presença das testemunhas no conjunto de híbridos e $F_{1's}$ tende a minorar a diferença de comportamento entre os ambientes.

Com relação às médias dos híbridos, observa-se que para a maioria das características, os $F_{1's}$ demonstraram superioridade em relação às testemunhas, com exceção do número de plantas acamadas, número de dias para o florescimento e estande. Este resultado é favorável, pois indica que os híbridos tiveram menor número de plantas acamadas e foram mais precoces que as testemunhas.

Ao comparar os resultados de Cve com Freitas Júnior *et al.* (2006), observou-se que a maioria das características apresentou valores semelhantes. Apenas as características PAC e M100 demonstraram valores de Cve contrastantes. De modo geral, o presente trabalho revelou estimativas de Cve satisfatórias, variando de 2,0358 a 55,4560%. As características CE, FLOR, AP, AE e M100 revelaram Cve abaixo de 10%; por sua vez, NE, PE, RG e EST mantiveram o coeficiente de variação entre 10 e 20%.

Outra importante conclusão é que as características de maior interesse, CE e RG, mantiveram o Cve em níveis satisfatórios e os híbridos apresentaram variabilidade genética, o que é uma situação favorável para a prática do melhoramento. Em geral, as médias dos F_{1s} foram superiores a das testemunhas (que são híbridos comerciais) para as principais características.

4.3.2. Agrupamento de Médias

As estimativas de médias de 14 características avaliadas em dez genitores, 45 híbridos e três testemunhas, em dois ambientes, seguidas pelo agrupamento entre médias de Scott Knott (Steel e Torrie, 1980), em 5% de probabilidade, estão contidas na Tabela 14.

As características PAC, PQ e EMP constituíram cada, um único grupo de média, não havendo diferença significativa entre os valores médios de espigas mal empalhadas, bem como de número médio de plantas acamadas e quebradas (Tabela 14). PAC e EMP consolidam-se como insuficientemente variantes para provocar significância pelo agrupamento de Scott Knott em 5%, pois também formaram um único grupo em Campos dos Goytacazes (Tabela 10) e, juntamente com ED e EMP novamente constituíram um só agrupamento em Itaocara (Tabela 13). As características AP e AE formaram três e cinco grupos de médias, respectivamente. Para AP, dentre os híbridos, 32 revelaram média conjunta igual ou superior a 2,00 m, com valor máximo de 2,31 m para a combinação $P_2 \times P_9$. Valores de altura superiores a 2,00 m não são desejáveis, pois as regiões Norte e Noroeste

Tabela 14 - Estimativas de médias de quatorze características avaliadas em dez genitores, 45 híbridos e três testemunhas, em dois ambientes, seguidas pelo teste de agrupamento entre médias de Scott e Knott, em 5% de probabilidade. Campos dos Goytacazes e Itaocara, RJ.

Genótipos	NE	ED	EP	PE	RG	M100	AP
P1 x P2	53,00 a	10,67 a	6,33 a	3241,67 b	2788,33 b	11,46 c	2,12 a
P1 x P3	64,83 a	11,67 a	5,33 a	4031,67 a	3316,67 a	12,19 b	2,01 a
P1 x P4	48,83 a	8,17 a	6,00 a	3371,67 b	2896,67 b	12,65 b	1,98 a
P1 x P5	52,83 a	12,67 a	5,00 a	2580,00 c	2373,33 c	10,36 d	1,98 a
P1 x P6	48,67 a	13,67 a	3,50 a	2369,17 c	1970,00 d	9,78 d	1,93 a
P1 x P7	42,67 a	9,67 a	3,67 a	1881,67 d	1556,67 e	9,89 d	1,81 b
P1 x P8	47,50 a	12,00 a	6,67 a	2562,50 c	2161,67 c	10,98 d	2,06 a
P1 x P9	57,67 a	11,33 a	4,83 a	2820,83 c	2546,67 b	11,00 d	2,03 a
P1 x P10	50,33 a	11,17 a	4,83 a	2525,83 c	2198,33 c	10,60 d	1,80 b
P2 x P3	58,33 a	7,17 a	5,00 a	3713,33 a	3268,33 a	11,70 c	2,11 a
P2 x P4	50,00 a	7,17 a	4,00 a	4300,83 a	3666,67 a	14,63 a	2,20 a
P2 x P5	51,50 a	10,67 a	8,00 a	3056,67 b	2687,50 b	11,99 c	2,17 a
P2 x P6	50,50 a	11,33 a	8,33 a	3045,00 b	2615,00 b	12,27 b	2,16 a
P2 x P7	50,83 a	8,83 a	6,17 a	3285,83 b	2854,17 b	12,86 b	2,08 a
P2 x P8	52,50 a	6,83 a	4,17 a	3212,50 b	2821,67 b	12,87 b	1,99 a
P2 x P9	62,17 a	8,33 a	4,00 a	3856,67 a	3405,00 a	13,22 b	2,31 a
P2 x P10	61,67 a	9,17 a	4,67 a	3448,33 b	2950,00 b	13,94 a	2,20 a
P3 x P4	56,17 a	7,83 a	4,67 a	3800,00 a	3288,33 a	13,88 a	2,10 a
P3 x P5	60,67 a	8,00 a	4,50 a	3266,67 b	2813,33 b	12,65 b	2,00 a
P3 x P6	61,00 a	7,00 a	4,67 a	3449,17 b	3018,33 b	11,49 c	2,00 a
P3 x P7	62,83 a	11,00 a	6,00 a	4133,33 a	3662,67 a	13,06 b	1,95 a
P3 x P8	60,83 a	8,67 a	5,83 a	3549,17 b	3041,67 b	12,52 b	2,09 a
P3 x P9	60,50 a	7,00 a	5,00 a	3350,00 b	2985,00 b	12,68 b	2,02 a
P3 x P10	49,67 a	7,33 a	3,00 a	3348,33 b	2918,33 b	13,23 b	1,99 a
P4 x P5	54,67 a	8,67 a	3,67 a	3440,00 b	2950,83 b	13,55 a	2,00 a
P4 x P6	55,50 a	9,33 a	5,17 a	3375,83 b	2960,00 b	13,28 b	2,25 a
P4 x P7	55,83 a	8,33 a	6,33 a	3532,50 b	3103,33 b	12,93 b	2,18 a
P4 x P8	49,67 a	6,00 a	4,83 a	3695,00 a	3186,67 a	13,74 a	2,29 a
P4 x P9	49,67 a	7,50 a	6,00 a	3437,50 b	3079,17 b	13,97 a	2,26 a
P4 x P10	50,50 a	5,67 a	4,67 a	3481,67 b	2975,00 b	14,10 a	2,10 a

NE = número médio de espigas com grãos; ED = número médio de plantas doentes; EP = número médio de espigas atacadas por pragas; PE = peso médio de espigas com grãos; RG = rendimento de grãos; M100 = massa média de 100 grãos; e AP = altura média de plantas.

Continuação.

Genótipos	NE	ED	EP	PE	RG	M100	AP
P5 x P6	31,83 b	5,17 a	5,00 a	1443,33 e	1129,17 f	10,67 d	1,84 b
P5 x P7	43,50 b	9,33 a	3,17 a	2169,17 c	1858,33 d	10,83 d	1,95 a
P5 x P8	48,50 a	7,83 a	6,83 a	2615,00 c	2311,67 c	11,73 c	1,98 a
P5 x P9	55,83 a	14,50 a	4,83 a	2783,33 c	2326,67 c	11,66 c	2,10 a
P5 x P10	52,33 a	12,83 a	5,67 a	2492,50 c	2146,67 c	12,33 b	2,16 a
P6 x P7	37,67 b	8,33 a	4,67 a	2525,00 c	2178,33 c	10,64 d	1,96 a
P6 x P8	44,17 b	8,83 a	5,50 a	2559,17 c	2216,67 c	11,31 c	2,18 a
P6 x P9	60,83 a	7,83 a	3,33 a	2535,00 c	2181,67 c	10,53 d	2,13 a
P6 x P10	48,67 a	8,83 a	7,17 a	2365,83 c	1898,33 d	11,21 c	2,07 a
P7 x P8	57,00 a	10,17 a	6,00 a	2580,83 c	2166,67 c	11,07 c	2,03 a
P7 x P9	41,67 b	4,83 a	7,17 a	1767,50 d	1360,00 e	10,30 d	2,03 a
P7 x P10	38,00 b	6,50 a	5,83 a	2315,00 c	1996,67 d	11,36 c	2,04 a
P8 x P9	46,50 b	14,33 a	6,00 a	2173,33 c	1925,00 d	11,20 c	2,11 a
P8 x P10	42,33 b	8,67 a	5,50 a	2573,33 c	2263,33 c	10,83 d	1,95 a
P9 x P10	37,33 b	7,17 a	7,33 a	1760,83 d	1465,00 e	10,24 d	2,00 a
P1	24,00 b	7,50 a	5,67 a	953,33 e	688,33 f	7,32 e	1,35 c
P2	45,00 b	8,50 a	6,83 a	2345,00 c	1793,33 d	12,71 b	2,04 a
P3	47,17 a	5,83 a	8,67 a	2261,67 c	1815,00 d	12,62 b	1,79 b
P4	44,67 b	4,33 a	7,17 a	2416,67 c	1742,50 d	13,27 b	2,06 a
P5	49,67 a	7,83 a	8,33 a	2221,67 c	1799,17 d	11,50 c	2,06 a
P6	49,67 a	13,50 a	5,83 a	1868,33 d	1460,83 e	10,63 d	1,85 b
P7	36,67 b	8,83 a	7,67 a	1517,50 e	1124,17 f	10,23 d	1,80 b
P8	48,67 a	13,67 a	7,83 a	2056,67 d	1634,17 e	11,49 c	2,05 a
P9	50,17 a	10,50 a	4,33 a	1874,17 d	1262,50 e	10,80 d	2,00 a
P10	50,83 a	6,00 a	5,83 a	1921,67 d	1430,83 e	11,59 c	1,94 a
IAC 112	50,50 a	5,00 a	6,83 a	2374,17 c	1891,67 d	10,84 d	2,18 a
IAC 125	53,83 a	7,33 a	5,67 a	2725,83 c	2166,67 c	11,66 c	1,94 a
ZÉLIA	61,33 a	12,67 a	3,33 a	3172,50 b	2361,67 c	11,85 c	1,99 a

NE = número médio de espigas com grãos; ED = número médio de plantas doentes; EP = número médio de espigas atacadas por pragas; PE = peso médio de espigas com grãos; RG = rendimento de grãos; M100 = massa média de 100 grãos; e AP = altura média de plantas.

Continuação.

Genótipos	AE	FLOR	CE	PAC	PQ	EST	EMP
P1 x P2	1,16 c	54,67 c	32,89 c	1,33 a	7,50 a	47,33 a	2,17 a
P1 x P3	1,18 c	53,50 c	32,17 d	1,50 a	8,17 a	46,67 a	2,17 a
P1 x P4	1,16 c	48,67 c	32,34 c	1,33 a	4,83 a	45,83 a	1,17 a
P1 x P5	1,10 c	57,17 b	31,90 d	2,17 a	4,67 a	43,50 a	1,33 a
P1 x P6	1,11 c	57,83 b	31,35 d	1,67 a	5,50 a	42,33 a	2,67 a
P1 x P7	0,98 d	56,50 b	32,03 d	1,17 a	6,83 a	37,67 b	2,33 a
P1 x P8	1,15 c	53,50 c	33,60 b	0,83 a	13,67 a	43,33 a	2,17 a
P1 x P9	1,17 c	54,83 c	32,55 c	1,33 a	4,67 a	48,17 a	2,00 a
P1 x P10	1,07 c	53,50 c	33,63 b	1,33 a	11,67 a	40,17 a	1,83 a
P2 x P3	1,23 b	52,67 c	31,90 d	1,17 a	16,50 a	47,17 a	2,33 a
P2 x P4	1,27 b	53,33 c	33,22 b	0,83 a	6,67 a	44,00 a	2,50 a
P2 x P5	1,25 b	52,83 c	32,68 c	0,83 a	11,67 a	42,00 a	3,33 a
P2 x P6	1,26 b	50,17 c	32,77 c	1,00 a	9,33 a	45,83 a	3,17 a
P2 x P7	1,18 c	52,33 c	32,87 c	1,50 a	9,50 a	42,83 a	2,17 a
P2 x P8	1,28 b	52,00 c	34,05 b	1,17 a	12,67	47,00 a	2,00 a
P2 x P9	1,40 a	54,17 c	33,73 b	1,50 a	17,50 a	44,67 a	2,00 a
P2 x P10	1,32 a	53,00 c	33,98 b	1,00 a	14,50 a	44,33 a	3,17 a
P3 x P4	1,29 b	52,17 c	31,83 d	1,67 a	8,17 a	46,50 a	2,17 a
P3 x P5	1,21 b	53,00 c	31,12 d	1,17 a	7,33 a	45,83 a	2,50 a
P3 x P6	1,26 b	53,67 c	31,80 d	1,00 a	13,67 a	41,67 a	2,17 a
P3 x P7	1,19 c	52,00 c	31,44 d	1,00 a	10,67 a	46,67 a	2,50 a
P3 x P8	1,24 b	52,00 c	32,83 c	1,00 a	11,00 a	47,17 a	1,67 a
P3 x P9	1,24 b	52,00 c	32,58 c	1,00 a	11,33 a	46,67 a	2,00 a
P3 x P10	1,25 b	52,00 c	32,92 c	0,83 a	14,00 a	41,83 a	2,00 a
P4 x P5	1,37 a	53,83 c	31,55 d	0,83 a	7,17 a	46,50 a	1,67 a
P4 x P6	1,35 a	49,50 c	31,78 d	1,17 a	11,17 a	43,00 a	1,67 a
P4 x P7	1,31 b	52,50 c	31,70 d	1,17 a	7,00 a	48,50 a	1,33 a
P4 x P8	1,37 a	56,00 b	32,78 c	1,00 a	8,00 a	45,33 a	2,00 a
P4 x P9	1,42 a	55,50 c	32,82 c	1,50 a	6,50 a	44,33 a	1,67 a
P4 x P10	1,25 b	52,50 c	33,18 b	1,00 a	8,50 a	46,83 a	1,83 a

AE = altura média de inserção da primeira espiga; FLOR = número médio de dias para o florescimento; CE = capacidade de expansão dos grãos; PAC = número médio de plantas acamadas; PQ = número médio de plantas quebradas; EST = estande final; e EMP = número médio de espigas mal empalhadas.

Continuação.

Genótipos	AE	CE	FLOR	PAC	PQ	EST	EMP
P5 x P6	1,09 c	31,78 d	56,67 b	1,33 a	10,17 a	36,50 b	3,00 a
P5 x P7	1,15 c	31,46 d	55,00 c	0,50 a	12,33 a	35,50 b	2,00 a
P5 x P8	1,18 c	33,00 c	55,33 c	1,00 a	11,83 a	42,33 a	2,33 a
P5 x P9	1,24 b	32,15 d	52,67 c	1,00 a	11,33 a	40,33 a	1,50 a
P5 x P10	1,26 b	32,63 c	55,00 c	1,50 a	14,17 a	39,50 a	1,33 a
P6 x P7	1,21 b	31,73 d	52,50 c	1,33 a	12,33 a	31,67 b	2,33 a
P6 x P8	1,39 a	33,55 b	57,83 b	1,50 a	13,83 a	37,83 b	1,00 a
P6 x P9	1,27 b	32,87 c	55,83 b	0,83 a	13,83 a	41,67 a	1,67 a
P6 x P10	1,23 b	33,04 c	55,17 c	1,50 a	12,00 a	40,00 a	2,17 a
P7 x P8	1,16 c	33,35 b	52,17 c	1,67 a	8,67 a	40,17 a	3,00 a
P7 x P9	1,18 c	32,55 c	56,67 b	0,83 a	10,00 a	33,33 b	1,50 a
P7 x P10	1,14 c	32,92 c	52,17 c	1,17 a	12,83 a	29,67 b	2,17 a
P8 x P9	1,25 b	34,22 a	54,83 c	1,00 a	11,17 a	33,33 b	2,33 a
P8 x P10	1,18 c	34,93 a	53,00 c	1,50 a	11,50 a	35,50 b	2,50 a
P9 x P10	1,14 c	33,58 b	53,33 c	1,33 a	13,83 a	38,67 b	2,17 a
P1	0,75 e	32,44 c	61,50 a	1,33 a	8,17 a	27,17 b	1,83 a
P2	1,12 c	34,32 a	60,00 a	1,17 a	14,33 a	46,50 a	2,17 a
P3	1,12 c	32,08 d	59,83 a	1,17 a	10,17 a	44,50 a	1,50 a
P4	1,22 b	32,36 c	59,50 a	1,50 a	9,00 a	46,83 a	1,83 a
P5	1,21 b	31,86 d	60,00 a	1,33 a	12,00 a	35,83 b	2,33 a
P6	1,10 c	32,05 d	61,17 a	1,17 a	11,17 a	34,33 b	2,50 a
P7	0,98 d	31,85 d	59,67 a	1,50 a	12,17 a	30,00 b	1,33 a
P8	1,19 c	35,58 a	59,67 a	1,67 a	11,83 a	41,33 a	2,17 a
P9	1,15 c	34,50 a	59,50 a	1,67 a	15,33 a	41,33 a	2,33 a
P10	1,08 c	34,67 a	59,83 a	1,33 a	10,17 a	41,83 a	2,33 a
IAC 112	1,21 b	31,32 d	57,83 b	1,00 a	7,83 a	39,83 a	2,00 a
IAC 125	1,10 c	30,71 d	52,00 c	1,33 a	11,50 a	46,67 a	2,00 a
ZÉLIA	1,19 c	30,50 d	53,00 b	1,50 a	7,83 a	46,67 a	1,67 a

AE = altura média de inserção da primeira espiga; FLOR = número médio de dias para o florescimento; CE = capacidade de expansão dos grãos; PAC = número médio de plantas acamadas; PQ = número médio de plantas quebradas; EST = estande final; e EMP = número médio de espigas mal empalhadas.

caracterizam-se por fortes ventos, tornando-se necessário o cultivo de árvores de rápido crescimento como quebra-ventos naturais próximos às áreas de cultivo. Para a característica EST, formaram-se dois grupos de médias, apesar das magnitudes médias haverem oscilado entre um extenso intervalo de 27,17 e 47,17.

Com relação à característica PE, os genitores, F_{1s} , e testemunhas foram agrupados em cinco grupos (Tabela 14), exatamente como ocorreu nos ambientes de Campos dos Goytacazes e Itaocara, individualmente (Tabelas 10 e 12). Em consonância com as avaliações individuais, destacaram-se os híbridos $P_2 \times P_4$, $P_2 \times P_9$ e $P_3 \times P_7$, sobretudo o primeiro e terceiro, devido aos seus elevados peso de espigas.

À semelhança de PAC, PQ e EMP; ED e EP reuniram os genitores, híbridos e testemunhas em um único grupo. As médias tanto de ED quanto de EP foram de baixas magnitudes, demonstrando que os híbridos de cruzamento dialélico detiveram boa sanidade de espiga ao alcançarem resultados semelhantes aos híbridos comerciais IAC 112, IAC 125 e Zélia.

Com relação à característica NE, formaram-se dois grupos de médias, sendo que as quatro combinações com valores mais elevados correspondem, em ordem decrescente: $P_1 \times P_3$, $P_2 \times P_9$, $P_3 \times P_7$ e $P_2 \times P_{10}$.

Seis grupos de médias foram constituídos para RG, sendo que os híbridos $P_2 \times P_4$, $P_3 \times P_7$ e $P_2 \times P_9$ foram os mais produtivos, com médias conjuntas de 3.666,67; 3.662,67 e 3.405,00 kg.ha⁻¹, respectivamente.

A característica CE formou quatro grupos de médias, sendo que os genótipos com valores médios mais elevados foram P_2 , P_8 , P_9 e P_{10} além dos híbridos $P_8 \times P_9$ e $P_9 \times P_{10}$, todos com estimativas superiores a 34,00 mL.g⁻¹. Como o interesse maior dos programas de melhoramento genético do milho pipoca é aliar produção e qualidade de grãos, sendo esta última expressa, sobretudo, pela capacidade de expansão, é necessário observar quais híbridos reuniram valores desejáveis de RG e CE. De qualquer forma, há que se ressaltar a importância das demais características, pois um híbrido comercial deve apresentar características fitossanitárias e fitotécnicas em consonância com as exigências para atender ao mercado consumidor e produtor.

Por uma análise acurada dos híbridos, constata-se que houve elevado desempenho dos híbridos $P_2 \times P_4$, $P_2 \times P_9$, $P_3 \times P_7$ e $P_4 \times P_8$, pois expressaram rendimento de grãos acima de $3.186,67 \text{ kg.ha}^{-1}$ e capacidade de expansão superior a $31,44 \text{ mL.g}^{-1}$. Além disso, excetuando-se $P_3 \times P_7$ em relação à PQ, os demais híbridos revelaram magnitudes inferiores às médias máximas para PAC, EMP, ED e EP. Com relação à FLOR, esses híbridos, sobretudo os três primeiros revelaram-se mais precoces para o florescimento em relação aos genitores. Esse aspecto, todavia, merece maior atenção, uma vez que o encurtamento do ciclo vegetativo pode comprometer a produtividade da cultura.

4.4. Análise Dialélica de Griffing (1956) para Campos dos Goytacazes

4.4.1. Análise de Variância para Capacidade de Combinação

As estimativas dos quadrados médios das capacidades geral e específica de combinação, e as médias dos quadrados dos efeitos da capacidade combinatória, estão expressas na Tabela 15.

Com relação ao quadrado médio da fonte de variação Genótipos, todas as características avaliadas revelaram significância em 1% de probabilidade, com exceção de PAC (número de plantas acamadas). O desdobramento de Genótipos em CGC revelou que as características PE, RG, M100, AP, AE, CE, PQ, EST e EMP foram significativas em 1% de probabilidade, enquanto E expressou significância em 5% de probabilidade, ao passo que ED, EP, FLOR e PAC não exibiram significância em 5% de probabilidade.

Para CEC, apenas as características CE, PAC e EMP não foram significativas em 1% de probabilidade. As características NE, PE, RG, M100, AP, AE, PQ e EST, ao exibirem significância para CGC e CEC revelaram variabilidade resultante dos efeitos aditivos e não-aditivos no controle da expressão gênica.

Com relação à EMP e CE, houve significância apenas para CGC, indicando o predomínio dos efeitos gênicos aditivos no controle da expressão destas características.

Tabela 15 - Estimativas dos quadrados médios de genótipos de milho pipoca (genitores e F_{1's}), das capacidades geral e específica de combinação (CGC e CEC) e do resíduo, e média dos quadrados dos efeitos da capacidade combinatória para 14 características avaliadas em dialelo completo, sem os recíprocos. Campos dos Goytacazes, RJ.

FV	GL	Quadrados Médios ^{1/}				
		NE	ED	EP	PE	RG
Genótipos	54	347,5778 **	62,0582 **	16,8794 **	1649863,8877 **	1271562,0429 **
CGC	9	693,4964 *	102,3070 ^{n.s.}	13,4054 ^{n.s.}	4694824,4826 **	3226133,6388 **
CEC	45	278,3941 **	54,0082 **	17,5742 **	1040871,7687 **	880647,7237 **
Resíduo	108	95,3924	20,8800	8,1364	130452,0033	81424,3771
Médias dos quadrados dos efeitos						
CGC		16,6139	2,2618	0,1463	126788,1244	87353,0350
CEC		61,0005	11,0427	3,1459	303473,2551	266407,7822

^{1/} NE = número médio de espigas; ED = número médio de espigas doentes; EP = número médio de espigas com praga; PE = peso médio de espigas com grãos; e RG = rendimento de grãos.

^{n.s.} = Não significativo em nível de 0,05;

** = Significativo em nível de 0,01; e

* = Significativo em nível de 0,05.

Continuação.

FV	GL	Quadrados Médios ^{1/}				
		M100	AP	AE	FLOR	CE
Genótipos	54	4,5507 **	0,0608 **	0,0403 **	59,9857 **	2,9324 **
CGC	9	19,8544**	0,1544 **	0,1185 **	43,9706 ^{n.s.}	14,9650 **
CEC	45	1,4900 **	0,0421 **	0,0246 **	63,1887 **	0,5258 ^{n.s.}
Resíduo	108	0,6032	0,0225	0,0111	7,6016	0,3358
Médias dos quadrados dos efeitos						
CGC		0,5347	0,0036	0,0029	1,0102	0,4063
CEC		0,2956	0,0065	0,0044	18,5290	0,0633

^{1/} M100 = massa média de 100 grãos; AP = altura média de planta; AE = altura média de inserção da primeira espiga; FLOR = número médio de dias para florescimento; e CE = capacidade de expansão dos grãos.

^{n.s.} = Não significativo em nível de 0,05;

** = Significativo em nível de 0,01; e

* = Significativo em nível de 0,05.

Continuação.

FV	GL	Quadrados Médios ^{1/}			
		PAC	PQ	EST	EMP
Genótipos	54	0,5289 ^{n.s.}	38,6532 **	142,7723 **	1,5095 **
CGC	9	0,7020 ^{n.s.}	84,6921 **	389,9443 **	3,4565 **
CEC	45	0,4943 ^{n.s.}	29,4454 **	93,3379 **	1,1201 ^{n.s.}
Resíduo	108	0,4644	13,6079	41,7729	0,8809
Médias dos quadrados dos efeitos					
CGC		0,0066	1,9745	9,6714	0,0715
CEC		0,0099	5,2791	17,1883	0,0797

^{1/} PAC = número médio de plantas acamadas; PQ = número médio de plantas quebradas; EST = estande final; e EMP = número de espigas mal empalhadas.

^{n.s.} = Não significativo em nível de 0,05;

** = Significativo em nível de 0,01; e

* = Significativo em nível de 0,05.

O contrário ocorreu com ED, EP e FLOR, em que prevaleceram os efeitos de dominância. É importante destacar que a significância das variações atribuídas aos efeitos gênicos não-aditivos, indica que há potencial na manifestação benéfica da complementação alélica dos cruzamentos. Por outro lado, a significância das variações atribuídas a efeitos aditivos, demonstra que há genitores promissores para serem utilizados em programas de melhoramento intrapopulacionais.

Quanto às estimativas dos componentes quadráticos, apenas as características M100 e CE expressaram superioridade dos efeitos genéticos aditivos, em relação aos não-aditivos, com magnitudes de 0,5347 e 0,2956, e de 0,4063 e 0,0633, respectivamente, donde conclui-se que a melhor alternativa para obtenção de ganhos para estas características é a utilização dos genitores em programas de melhoramento intrapopulacionais (Cruz *et al.*, 2004). A superioridade dos efeitos genéticos aditivos para a capacidade de expansão também foi relatada por Pacheco *et al.* (1998), Pereira e Amaral Júnior (2001), Simon *et al.* (2004) e Scapim *et al.* (2006).

Para as demais características, as estimativas dos componentes quadráticos dos efeitos genéticos não-aditivos foram superiores aos efeitos aditivos, indicando que o melhoramento por hibridações, com o intuito de aproveitar o efeito heterótico poderá proporcionar ganhos superiores.

A predominância dos efeitos de dominância para rendimento de grãos e seus componentes consubstancia os resultados obtidos por Larish e Brewbaker (1999), Pacheco *et al.* (1998), Pereira e Amaral Júnior (2001), Andrade *et al.* (2002), Simon *et al.* (2004), Freitas Júnior *et al.* (2006), Scapim *et al.* (2006) e Rangel *et al.* (2008).

4.4.2. Estimativas dos Efeitos da Capacidade Geral de Combinação

Na Tabela 16 há as estimativas dos efeitos da CGC (\hat{g}_i) dos dez genitores, com relação a 14 características avaliadas em esquema de dialelo completo para o ambiente de Campos dos Goytacazes.

Tabela 16 - Estimativas dos efeitos da capacidade geral de combinação (\hat{g}_i) para 14 características avaliadas em dez genitores de milho pipoca em esquema de dialelo completo, sem os recíprocos. Campos dos Goytacazes, RJ.

Genitores ^{1/}	Características Avaliadas ^{2/}						
	NE	ED	EP	PE	RG	M100	AP
P1	-1,8660	2,1610	0,0611	-91,3889	-80,2500	-0,9109	-0,0992
P2	4,1055	0,1612	1,0888	437,7776	322,5278	0,9518	0,0971
P3	9,7444	-1,5612	0,3945	587,0834	513,7779	0,8099	-0,0218
P4	-0,6446	-2,5055	0,2556	497,5001	415,9999	1,1407	0,0990
P5	-0,1998	1,3002	0,6721	-221,9445	-173,0278	-0,0063	-0,0070
P6	-2,0050	0,5777	-0,7722	-269,7222	-205,3890	-0,7818	-0,0161
P7	-5,9220	-1,4776	-0,4111	-304,8611	-277,6112	-0,7532	-0,0707
P8	-0,6445	2,3278	-0,1333	-112,2223	-74,9722	-0,1172	0,0126
P9	1,4388	0,5222	-0,7166	-167,2223	-161,4999	-0,2740	0,0453
P10	-4,0050	-1,5056	-0,4388	-354,9998	-279,5555	-0,0592	-0,0392

^{1/} P₁ = PR 023; P₂ = PR 024; P₃ = PR 036; P₄ = UEM J1; P₅ = PR 045-1; P₆ = PR 045-2; P₇ = PR 045-3; P₈ = PR 087-1; P₉ = PR 087-2; P₁₀ = PR 087-3.

^{2/} NE = número médio de espigas; ED = número médio de espigas doentes; EP = número médio de espigas com pragas; PE = peso médio de espigas com grãos; RG = rendimento de grãos; M100 = massa média de 100 grãos; e AP = altura média de planta.

Continuação.

Genitores ^{1/}	Características Avaliadas ^{2/}						
	AE	FLOR	CE	PAC	PQ	EST	EMP
P1	-0,1172	0,8834	-0,2459	0,3000	-2,0160	-1,4330	-0,0278
P2	0,0342	-0,8667	0,4974	-0,0056	1,5944	4,0666	0,7222
P3	0,0266	-0,5890	-0,6421	-0,1721	-0,1555	4,8167	-0,0278
P4	0,0766	-1,9778	-0,3387	0,0222	-3,2110	3,7611	-0,4444
P5	0,0111	0,9389	-0,6193	-0,0611	0,6779	-1,0160	-0,0832
P6	0,0178	1,6613	-0,4671	0,1333	0,5666	-1,3220	0,2223
P7	-0,0747	-0,2555	-0,5304	-0,0611	-0,3499	-5,5160	-0,1389
P8	0,0232	0,8278	1,0802	0,0222	0,3722	0,0668	-0,1665
P9	0,0295	0,2443	0,4663	-0,1721	1,3167	-0,5999	-0,1665
P10	-0,0271	-0,8666	0,7996	-0,0056	1,2053	-2,8220	0,1110

^{1/} P₁ = PR 023; P₂ = PR 024; P₃ = PR 036; P₄ = UEM J1; P₅ = PR 045-1; P₆ = PR 045-2; P₇ = PR 045-3; P₈ = PR 087-1; P₉ = PR 087-2; P₁₀ = PR 087-3.

^{2/} AE = altura média de inserção da primeira espiga; FLOR = número médio de dias para florescimento; CE = capacidade de expansão dos grãos; PAC = número médio de plantas acamadas; PQ = número médio de plantas quebradas; EST = estande final; e EMP = número médio de espigas mal empalhadas.

A capacidade geral de combinação corresponde ao comportamento médio de uma linhagem em uma série de combinações híbridas, sendo expressa pela estimativa \hat{g}_i .

Segundo Vencovsky e Cruz (1989), baixo valor de \hat{g}_i indica que a média dos híbridos em que a linhagem “i” participa não difere muito da média geral do dialelo.

Por outro lado, alto valor, positivo ou negativo, revela que a linhagem “i” é muito melhor ou pior que as demais linhagens incluídas no dialelo, com relação à média de seus híbridos.

De acordo com Vencovsky e Cruz (1989) e Scapim *et al.* (2002), expressará maior \hat{g}_i a linhagem que possuir maior frequência de alelos favoráveis.

Analisando a característica E, constata-se que apenas as linhagens P₂, P₃ e P₉ apresentaram valores positivos de \hat{g}_i , indicando sê-los desejáveis em programas que visem o aumento no número de espigas.

Em alusão a ED, os genitores que se revelaram promissores foram P₃, P₄, P₈ e P₁₀, por proporcionarem valores negativos das estimativas de \hat{g}_i , sendo de interesse para redução de moléstias nos cruzamentos em que participam.

Para as características PE e RG, sobressaíram-se as linhagens P₂, P₃ e P₄ por revelarem as únicas magnitudes positivas de \hat{g}_i , com supremacia para P₃. Tratam-se de linhagens de interesse em programas que tencionem não apenas aumento de rendimento de grãos, mas também genótipos com maiores pesos de espigas.

Avaliando-se as características AP e AE, em conjunto, nota-se que as linhagens P₁, P₇ e P₁₀ revelaram contribuição para a redução do porte das plantas, tornando-as de interesse para o Norte Fluminense, onde são comuns ventos fortes.

Quando tenciona-se redução no ciclo de populações sob seleção, as linhagens P₂, P₃, P₄, P₇ e P₁₀ são valorosas, uma vez que expressaram estimativas negativas de \hat{g}_i para FLOR.

As estimativas dos efeitos de \hat{g}_i para CE permitiram identificar que as linhagens P₂, P₈, P₉ e P₁₀ foram as que se revelaram mais interessantes por apresentarem magnitudes positivas de \hat{g}_i . Dentre estas linhagens, P₂ conteve o maior valor de \hat{g}_i , denotando que contribuirá para aumentos da capacidade de expansão em programas de melhoramento. Por outro lado, as linhagens P₃ e P₅ são as de

menor interesse para incrementos na capacidade de expansão por haverem expressado as magnitudes negativas mais elevadas de \hat{g}_i para CE.

No que diz respeito ao número de plantas acamadas, as linhagens P₂, P₃, P₅, P₇, P₉ e P₁₀ apresentaram valores negativos para \hat{g}_i , sendo que P₂ e P₁₀, com magnitudes iguais de \hat{g}_i contiveram os valores menos expressivos.

Para a característica PQ, as linhagens P₁, P₃, P₄ e P₇ revelaram estimativas negativas de \hat{g}_i , indicando que tendem a contribuir para redução de plantas quebradas, tendo P₄ expressa a maior magnitude, com valor de -3,2110. Quanto à característica EST, destacaram-se as linhagens P₂, P₃, P₄ e P₈, por portarem os maiores valores positivos de \hat{g}_i .

As linhagens P₂ e P₁₀ foram as únicas a expressarem valores positivos de estimativas de \hat{g}_i , portanto, desinteressantes para reduzir o número de espigas mal empalhadas em programas de melhoramento em que participem.

4.4.3. Estimativas dos Efeitos da Capacidade Específica de Combinação

As estimativas dos efeitos da capacidade específica de combinação (\hat{S}_{ij} e \hat{S}_{ji}) referente aos 45 híbridos simples resultantes dos cruzamentos dialélicos entre dez linhagens, encontram-se na Tabela 17.

Em referência às estimativas de \hat{S}_{ii} , Vencovsky e Cruz (1989) e Cruz *et al.* (2004) concebem que tais estimativas possuem particular importância, uma vez que: a) o sinal indica, ou não, a existência de dominância unidirecional; b) a magnitude é indicativo de heterose varietal, posto que quanto maior \hat{S}_{ii} , maior é a divergência entre o genitor “i” e os demais genitores e, conseqüentemente, maior o efeito de heterose varietal nos seus híbridos; e c) o somatório é função da heterose média.

Considerando-se as principais características para o melhoramento do milho pipoca, percebe-se que para número de espigas apenas duas linhagens (P₈ e P₁₀) detiveram valor positivo de \hat{S}_{ii} , denotando que os desvios de dominância nos cruzamentos oriundos dos demais genitores tendem a ser positivos, com expectativa de ocorrência de maior parte de combinações com expressões favoráveis ao vigor híbrido.

Tabela 17 - Estimativas dos efeitos da capacidade específica de combinação ($\hat{\delta}_{ij}$ e $\hat{\delta}_{ij}$) para 14 características avaliadas em dialelo completo entre dez linhagens de milho pipoca, sem os recíprocos. Campos dos Goytacazes, RJ.

Efeitos ($\hat{\delta}_{ii}$ e $\hat{\delta}_{ij}$) ^{1/}	Características Avaliadas ^{2/}													
	NE	ED	EP	PE	RG	M100	AP	AE	FLOR	CE	PAC	PQ	EST	EMP
P1 x P1	-19,6000	-6,5100	3,0950	-1062,0700	-927,3480	-1,6900	-0,2900	-0,1300	5,4090	0,1678	-0,4240	3,5302	-15,1000	-0,2472
P1 x P2	1,7540	-0,8430	0,4019	332,0958	346,5407	0,3144	0,0950	0,0110	0,4921	-0,1755	-0,1180	-1,7470	4,3170	0,0026
P1 x P3	15,7800	5,2120	-0,2370	1124,4570	728,6236	1,2270	0,1500	0,1120	-2,1180	0,2573	0,3816	-0,6639	1,9010	0,7527
P1 x P4	1,1720	0,1564	1,2350	550,7073	439,7345	1,4570	0,0130	0,0100	-11,0600	0,2873	-0,1460	1,3917	2,9570	-0,8307
P1 x P5	4,7270	1,6840	-0,5150	251,8179	562,0962	0,1345	0,0540	0,0000	2,6865	0,0345	1,2700	-2,4970	1,0680	-0,8590
P1 x P6	-7,1300	4,7400	-3,0700	-300,4040	-338,8760	-0,0350	0,0650	0,0330	3,2981	-0,6843	0,0762	-0,7201	-0,2930	0,5025
P1 x P7	4,4490	-2,5300	-2,4300	-481,9310	-516,6540	0,2894	-0,0300	-0,0200	3,5478	0,0456	-0,3960	-1,1360	1,5680	0,1968
P1 x P8	4,8380	2,3230	0,9571	127,0958	94,0406	-0,2940	0,2080	0,0810	-2,5350	-0,0316	-0,1460	5,8083	7,6510	0,2244
P1 x P9	7,0880	1,1280	-0,7920	252,0957	360,5683	0,4713	0,0000	0,0340	-1,9510	-0,3843	-0,2850	-5,1360	9,6510	0,5584
P1 x P10	6,5320	1,1560	-1,7300	268,2073	178,6239	-0,1670	0,0450	0,0160	-3,1740	0,3156	0,2151	-2,3580	1,5400	-0,0532
P2 x P2	-14,8000	-0,8430	0,0401	-1467,0700	-1382,9000	-0,7720	-0,2500	-0,2100	6,9091	0,5412	-0,1460	0,3080	-2,8400	-0,7474
P2 x P3	0,8109	-1,7800	-1,5900	-106,3760	-30,8212	-0,2210	0,0680	0,0020	-1,0350	-0,7527	0,0201	7,3910	0,4017	-0,3304
P2 x P4	-5,1300	-0,1760	-3,4500	846,5408	556,9567	-0,2930	0,0250	-0,0100	1,0202	0,2439	-0,1740	-0,8863	-7,2000	-0,5807
P2 x P5	2,0880	3,0170	2,7900	362,6514	274,3185	-0,3450	0,0390	0,0590	-3,8960	0,0245	-0,0900	-2,7750	0,5682	0,7249
P2 x P6	1,2270	0,7399	6,5680	70,4291	141,6796	0,2614	0,0800	0,0390	-5,9510	-0,0277	0,0478	-2,9970	5,2060	1,0855
P2 x P7	4,4770	2,4620	1,5400	62,2350	85,5679	0,9448	-0,0100	0,0200	-3,0350	0,1356	0,2422	-2,0800	2,0680	0,1137
P2 x P8	-2,4600	-4,3400	-3,0700	12,9293	97,9288	-0,0500	-0,0100	0,0060	0,2147	-0,2749	-0,1740	-2,4690	1,1510	0,1413
P2 x P9	8,1160	-0,2040	-2,4800	757,9292	807,7906	1,0120	0,1290	0,1680	-0,8688	-0,1943	0,6872	4,2527	-0,5150	-0,5257
P2 x P10	18,8900	2,8230	-0,7650	595,7067	485,8462	-0,0790	0,1050	0,1440	-0,7579	-0,0610	-0,1460	0,6971	-0,2930	0,8637
P3 x P3	-19,1000	-3,3900	3,0950	-1442,3400	-1228,7300	-0,3040	-0,1100	-0,0800	7,3536	0,6867	0,5197	0,8080	-4,6800	-0,9143
P3 x P4	-0,7720	1,5450	-1,7600	73,9010	42,3737	-0,1530	0,0360	0,0110	-0,9245	0,0501	0,3254	0,8636	-2,2900	0,5023
P3 x P5	3,1160	-3,2600	-3,1800	-44,9873	-91,9316	-0,6380	-0,0400	-0,0400	1,1588	-0,4693	-0,2570	-3,0250	1,8180	0,8080
P3 x P6	7,2550	-2,2000	-2,4000	339,4573	333,7626	-1,0400	0,0170	0,0400	1,1034	0,1451	-0,4510	2,0858	-2,2000	-0,4974
P3 x P7	12,5000	6,8500	1,5680	1089,5960	962,6518	0,9557	0,0420	0,0480	-2,9790	-0,1582	-0,2570	-5,3300	7,6510	0,8638
P3 x P8	1,5610	0,0453	2,2900	-159,7090	-169,9870	-0,3710	-0,0500	-0,0800	-4,0630	-0,4021	-0,3400	-1,0520	-0,2650	-0,4416

^{1/} P₁ = PR 023; P₂ = PR 024; P₃ = PR 036; P₄ = UEM J1; P₅ = PR 045-1; P₆ = PR 045-2; P₇ = PR 045-3; P₈ = PR 087-1; P₉ = PR 087-2; P₁₀ = PR 087-3.

^{2/} NE = número médio de espigas; ED = número médio de espigas doentes; EP = número médio de espigas com praga; PE = peso médio de espigas com grãos; RG = rendimento de grãos; M100 = massa de 100 grãos; AP = altura média de planta; AE = altura média de inserção da primeira espiga; FLOR = número de dias para florescimento; CE = capacidade de expansão dos grãos; PAC = número médio de plantas acamadas; PQ = número médio de plantas quebradas; EST = estande final; e EMP = número médio de espigas mal empalhadas.

Continuação.

Efeitos (\hat{S}_{ii} e \hat{S}_{ij}) ^{1/}	Características Avaliadas ^{2/}													
	NE	ED	EP	PE	RG	M100	AP	AE	FLOR	CE	PAC	PQ	EST	EMP
P3 x P9	3,1430	-2,4800	1,8740	138,6233	199,8730	0,0815	-0,0510	0,0159	-3,4790	-0,0210	-0,1460	-2,6600	2,0600	0,2244
P3 x P10	-5,0700	2,8780	-2,7300	429,7349	482,9290	0,7707	0,0628	0,0625	-2,3680	-0,0210	-0,3120	0,7801	0,2900	-0,0532
P4 x P4	-4,3800	-2,5100	1,7060	-1313,1800	-1334,8000	-1,3800	-0,1330	-0,1230	9,4643	0,2833	0,4650	2,9190	-2,9000	0,5859
P4 x P5	6,1710	1,3510	-2,0400	192,9289	329,1790	-0,1340	-0,0250	0,0423	-0,1183	0,2272	-0,4510	-0,3020	0,8730	0,2246
P4 x P6	3,6440	1,4060	1,0680	125,7066	251,5400	0,1694	0,0938	-0,0040	-10,5000	-0,2580	0,0200	-1,5200	0,5120	-0,0808
P4 x P7	9,8930	3,4610	1,7070	309,1795	297,0950	0,2228	0,0853	0,0731	-1,5900	-0,1280	-0,1180	-1,9400	7,7000	-0,7196
P4 x P8	-3,7100	-4,6700	-0,2370	478,2067	437,7900	0,3508	0,0431	0,0401	3,3257	-0,7720	-0,2020	-0,9970	-0,2000	-0,0251
P4 x P9	-2,4600	1,1290	1,0120	129,8737	279,3180	0,5757	0,0074	0,0589	1,9092	-0,1580	-0,0070	-4,2700	-0,5400	-0,0251
P4 x P10	-0,0220	0,8230	-0,9310	-80,6818	35,7070	0,5739	-0,0130	0,0305	-0,9798	-0,0580	-0,1740	1,8350	4,0100	0,3634
P5 x P5	-3,9300	-4,4500	2,8730	35,7075	-63,4590	0,2359	0,0487	-0,0050	4,2980	0,6744	0,2977	-0,1910	-6,0000	-0,4696
P5 x P6	-14,8000	-7,0600	0,9849	-833,1810	-794,4300	-0,5660	-0,1500	-0,1300	-0,4243	0,1222	0,1033	1,9190	-6,0000	0,2249
P5 x P7	-4,2100	1,3230	-3,3700	-589,7090	-523,8700	-0,3780	-0,0780	0,0176	-0,5076	-0,1410	-0,7020	5,8360	-0,8400	0,2521
P5 x P8	-1,1600	-4,1400	-1,3200	-77,3487	-79,8480	0,1028	-0,1660	-0,0500	-0,9239	-0,2240	-0,4510	1,4460	5,5600	0,6137
P5 x P9	6,0880	9,3230	-0,0700	307,6512	123,3460	0,6387	0,0784	0,0034	-5,6740	-0,5440	-0,2570	-3,1600	4,2300	-0,3863
P5 x P10	5,8660	6,6840	0,9846	358,7628	328,0670	0,7138	0,2009	0,1200	-0,8964	-0,3770	0,2422	2,9460	4,7900	-0,6639
P6 x P6	9,3380	7,6560	1,4290	-3,7372	6,2624	0,4999	-0,1680	-0,1560	5,5202	0,2700	-0,0910	-4,3000	-0,0700	-0,0806
P6 x P7	-11,7000	-0,9540	-1,5900	399,7347	348,4840	-0,1990	-0,0440	0,0518	-4,5630	0,0000	0,4373	1,2800	-3,5000	0,6136
P6 x P8	-13,0000	-3,0900	-2,2000	453,7630	332,5120	0,2743	0,1532	0,2339	4,3537	0,2228	0,3540	3,2250	-4,1000	-1,3580
P6 x P9	12,2200	-5,9500	-1,9500	-139,5710	-130,9500	-0,2430	0,0395	0,0326	0,2702	0,0033	-0,4510	4,2800	4,5400	-0,3587
P6 x P10	3,6720	-2,9200	-0,2370	-108,4590	-156,2300	0,3823	0,0820	0,0162	1,3811	-0,0630	0,0478	1,0570	6,0900	0,0306
P7 x P7	-3,1600	2,1010	3,7070	-356,7930	-365,9500	-0,6390	-0,0500	-0,0900	6,3537	0,1967	0,2977	1,1960	-2,3000	-1,0250
P7 x P8	15,2200	-1,7000	-2,5700	5,5679	48,0678	-0,1290	0,0218	-0,0290	-4,3960	0,1194	0,8813	-0,1920	6,4000	0,6695
P7 x P9	-12,5000	-9,8900	-1,6500	-286,0980	-185,4040	-0,8090	0,0321	-0,0120	3,5199	-0,1330	-0,2570	-1,8000	-7,5000	0,0025
P7 x P10	-11,7000	-3,2000	-0,5980	205,0125	215,9851	0,3818	0,0946	0,0417	-2,7020	-0,1330	-0,4230	2,9740	-8,7000	0,0579
P8 x P8	6,6160	5,4900	2,4840	-112,0708	-166,2370	0,3178	0,0215	-0,0470	3,8532	0,7422	0,1310	-1,9100	2,1500	-0,3030
P8 x P9	-5,4600	3,6280	1,0670	-228,7369	-114,7090	0,0446	0,0318	-0,0270	0,1037	-0,3100	-0,3400	-0,1920	-12,0000	0,6970
P8 x P10	-9,0200	0,9897	0,1241	-387,6262	-313,3200	-0,5630	-0,2690	-0,0710	-3,7850	0,1894	0,1589	-1,7400	-8,2000	0,0855
P9 x P9	-0,5500	1,7670	-0,6810	-230,4039	-489,8480	-0,0660	-0,1050	-0,1070	4,0202	1,2360	0,5197	3,5300	3,4800	-0,3030
P9 x P10	-15,1000	-0,2040	4,3730	-470,9594	-360,1260	-1,6300	-0,0520	-0,0580	-1,8680	-0,7290	0,0201	1,6410	-6,6000	0,4195
P10 x P10	3,0050	-4,5000	0,7626	-404,8487	-448,7370	-0,1870	-0,1270	-0,1500	7,5760	0,4700	0,1867	-3,9100	3,5900	-0,5251
DP(S _{II})	4,6561	2,1784	1,3598	172,1864	136,0350	0,3703	0,0715	0,0503	1,3144	0,2762	0,3248	1,7586	3,0812	0,4474
DP(S _{IJ})	5,1941	2,4301	1,5169	192,0820	151,7534	0,4131	0,0798	0,0562	1,4662	0,3081	0,3624	1,9618	3,4372	0,4991
DP(S _{II} - S _{JJ})	6,5112	3,0463	1,9016	240,7876	190,2330	0,5178	0,1001	0,0704	1,8380	0,3863	0,4543	2,4592	4,3088	0,6257
DP(S _{IJ} - S _{IK})	7,6351	3,5721	2,2298	282,3484	223,0680	0,6072	0,1173	0,0826	2,1553	0,4530	0,5327	2,8837	5,0525	0,7337
DP(S _{IJ} - S _{KL})	7,2798	3,4058	2,1260	269,2087	212,6870	0,5789	0,1119	0,0787	2,0550	0,4319	0,5079	2,7495	4,8174	0,6995

^{1/} P₁ = PR 023; P₂ = PR 024; P₃ = PR 036; P₄ = UEM J1; P₅ = PR 045-1; P₆ = PR 045-2; P₇ = PR 045-3; P₈ = PR 087-1; P₉ = PR 087-2; P₁₀ = PR 087-3.

^{2/} NE = número médio de espigas; ED = número médio de espigas doentes; EP = número médio de espigas com praga; PE = peso médio de espigas com grãos; RG = rendimento de grãos; M100 = massa de 100 grãos; AP = altura média de planta; AE = altura média de inserção da primeira espiga; FLOR = número de dias para florescimento; CE = capacidade de expansão dos grãos; PAC = número médio de plantas acamadas; PQ = número médio de plantas quebradas; EST = estande final; e EMP = número médio de espigas mal empalhadas.

Situação análoga pode ser proferida para PE e RG em que para peso de espigas apenas a linhagem P_5 tende a proporcionar desvios de dominância negativos, o mesmo ocorrendo para a linhagem P_6 para rendimento de grãos.

Para CE, todas as linhagens expressam valor positivo para \hat{s}_{ii} , o que não é uma situação de alento para a expectativa de obtenção de complementações alélicas favoráveis nos híbridos avaliados. Ademais, é um resultado que se soma àqueles que preconizam a ocorrência de dominância unidirecional para a capacidade de expansão, em que os genes aditivos, de forma absoluta, são os de maior importância na expressão da característica, conforme Pereira e Amaral Júnior (2001) e Simon *et al.* (2004).

Por sua vez, trabalhos recentes têm mostrado bidirecionalidade de dominância para CE, como Viana e Matta (2003) e Scapim *et al.* (2006).

Todavia, há que se considerar que o presente trabalho, por compreender dialelo entre linhagens, possa estar provendo resultados distintos quanto ao efeito de dominância para CE, em relação aos demais dialelos que utilizaram variedades como genitores.

No que se refere aos efeitos de \hat{s}_{ij} , é consabido que a capacidade específica de combinação corresponde ao comportamento particular de duas linhagens cruzadas entre si e está associada a efeitos genéticos não-aditivos, de interesse em complementações gênicas em programas de melhoramento interpopulacionais (Vencovsky e Cruz, 1989; Hallauer e Miranda Filho, 1988; Cruz *et al.*, 2004).

Na concepção de Cruz *et al.* (2004), as estimativas dos valores de \hat{s}_{ij} e \hat{s}_{ii} *per se* não são suficientes para inferir sobre as melhores combinações. É necessário, para tanto, averiguar as estimativas dos valores de \hat{g}_i dos genitores, que deve ser favorável para pelo menos um dos genitores.

Por conseguinte, com base na tabela 17, vê-se que as combinações $P_1 \times P_3$, $P_2 \times P_{10}$, $P_3 \times P_7$ e $P_7 \times P_8$ foram superiores para número de espigas, pois revelaram valores de \hat{s}_{ij} positivos e elevados. Excetuando-se $P_7 \times P_8$, os demais híbridos possuem pelo menos um genitor com valores de \hat{g}_i satisfatórios. Assim, conclui-se que as três primeiras combinações são promissoras para uso em programas de melhoramento cujo objetivo é aumentar o número de espigas.

Com relação à ED, 20 combinações revelaram valores de $\hat{\sigma}_{ij}$ desejáveis para redução do número de espigas doentes por expressarem estimativas negativas da CEC. Dentre estes híbridos, 13 possuem pelo menos um genitor com valor de $\hat{\sigma}_i$ negativo e um contém ambos os genitores com estimativas favoráveis de $\hat{\sigma}_i$, no caso de $P_7 \times P_{10}$. Seis combinações favoráveis não contiveram sequer um genitor com estimativa de $\hat{\sigma}_i$ favorável ($P_2 \times P_8$, $P_2 \times P_9$, $P_5 \times P_6$, $P_5 \times P_8$, $P_6 \times P_8$ e $P_6 \times P_{10}$), demonstrando sê-los melhor do que o esperado com base na CGC dos genitores.

Para a característica EP, destacaram-se 28 combinações, com valores de $\hat{\sigma}_{ij}$ negativos, demonstrando que se trata de materiais de interesse para redução do número de espigas atacadas por pragas.

Dentre as 45 combinações, 30 revelaram estimativas de $\hat{\sigma}_{ij}$ positivas para PE e 31 para RG. O único par destoante quanto ao sinal de $\hat{\sigma}_{ij}$ foi $P_4 \times P_{10}$, que expressou valor negativo para PE, porém, positivo para RG. Para PE, as melhores combinações foram, hierarquicamente decrescentes: $P_1 \times P_3$, $P_3 \times P_7$, $P_2 \times P_4$ e $P_2 \times P_9$. Com relação à RG, as melhores combinações foram em ordem decrescente: $P_3 \times P_7$, $P_2 \times P_9$, $P_1 \times P_3$ e $P_1 \times P_5$.

Considerando-se que tanto para PE quanto para RG, as únicas linhagens com estimativas positivas de $\hat{\sigma}_i$ foram P_2 , P_3 e P_4 (Tabela 5), apenas $P_1 \times P_5$ não era esperado destacar-se para rendimento de grãos, denotando tratar-se de um híbrido melhor do que o esperado com base na CGC parental.

Para a característica AP e AE, é desejável que as estimativas da capacidade específica de combinação sejam negativas para redução no porte de plantas, em razão dos fortes ventos que ocorrem em Campos dos Goytacazes. Analisando-se em conjunto essas características, constata-se que os pares mais interessantes foram $P_1 \times P_7$, $P_3 \times P_5$, $P_3 \times P_8$, $P_5 \times P_6$, $P_5 \times P_8$, $P_8 \times P_{10}$ e $P_9 \times P_{10}$, por exibirem, concomitantemente, valores negativos de $\hat{\sigma}_{ij}$.

Para a característica FLOR, interessam os valores de $\hat{\sigma}_{ij}$ negativos, pois indicam que os híbridos tenderão a apresentar menor número de dias para o florescimento, portanto, mais precoce. Considerando todas as combinações, a maioria apresentou estimativas prósperas para tal característica. Destacaram-se os híbridos $P_4 \times P_6$ e $P_1 \times P_4$, sendo que o genitor P_4 conteve estimativa negativa de $\hat{\sigma}_i$,

demonstrando que essas complementações gênicas traduziram o esperado com base na CGC parental.

A análise da característica CE revelou 16 híbridos com estimativas de $\hat{\sigma}_{ij}$ positivas. Destes, doze detiveram sinais positivos coincidentes para PE e RG, estando inclusos $P_1 \times P_3$, alocado, respectivamente, com a primeira e terceira maiores magnitudes positivas de $\hat{\sigma}_{ij}$; $P_1 \times P_5$, que deteve o quarto maior valor positivo de $\hat{\sigma}_{ij}$ para RG; $P_2 \times P_4$, que foi, hierarquicamente decrescente, a terceira magnitude de $\hat{\sigma}_{ij}$ para PE. Todavia, o híbrido $P_3 \times P_7$, com a maior estimativa positiva de $\hat{\sigma}_{ij}$ para RG e a segunda maior para PE, conteve valor negativo para CE, com valor estimado de -0,1582.

Para as características PAC e PQ, tencionam combinações com valores de $\hat{\sigma}_{ij}$ negativos, pois indicam que há potencial para redução no número de plantas acamadas e quebradas. Com base nos resultados da CGC, os genitores P_3 e P_7 apresentaram valores negativos de $\hat{\sigma}_{ij}$; com isso, os híbridos $P_1 \times P_7$, $P_3 \times P_5$, $P_3 \times P_7$, $P_3 \times P_8$, $P_3 \times P_9$, $P_4 \times P_7$ e $P_7 \times P_9$ podem ser considerados promissores para tais características, pois revelaram valores negativos para $\hat{\sigma}_{ij}$ e provêm de pelo menos um genitor com potencial para reduzir o número de plantas acamadas e quebradas, apesar de estas características terem alta influência ambiental.

Dentre os híbridos com maiores valores de estande (EST), têm-se: $P_5 \times P_8$, $P_7 \times P_8$, $P_6 \times P_{10}$, $P_1 \times P_8$, $P_1 \times P_9$ e $P_3 \times P_7$. Interessam valores positivos para estande, pois indica que a combinação contribuiu para o adequado desenvolvimento das plantas no campo.

Com base no conjunto de características avaliadas, sobretudo para PE, RG e CE, sobressaíram-se os híbridos $P_1 \times P_3$, $P_1 \times P_5$ e $P_2 \times P_4$. Porém, não se deve alijar a combinação $P_3 \times P_7$, que apesar do sinal negativo para $\hat{\sigma}_{ij}$ a magnitude dessa estimativa não foi pujante em relação aos demais pares, além de expressar valores absolutamente expressivos das estimativas de $\hat{\sigma}_{ij}$ para PE e RG.

4.4.4. Estimativa da Heterose Relativa

Na Tabela 18 há as estimativas da heterose relativa, de 14 características avaliadas, referente aos 45 híbridos obtidos por cruzamentos dialélicos entre dez linhagens de milho pipoca.

Dentre as 45 combinações, destacaram-se, em ordem decrescente, os híbridos $P_1 \times P_3$, $P_2 \times P_{10}$ e $P_3 \times P_7$ por expressarem as maiores magnitudes para número médio de espigas, com os valores de 79,0269; 49,5021; e 48,6299, respectivamente. Cumpre ressaltar que esses híbridos possuem pelo menos um genitor com $\hat{\sigma}_i$ satisfatório para tal característica.

Para ED e EP, é desejável a expressão de heterose negativa, denotando potencial para reduzir o número de espigas doentes e atacadas por pragas.

Para ED, 17 combinações híbridas se destacaram por revelarem magnitudes negativas. Quanto à EP, 39 das 45 combinações híbridas expressaram heterose negativa, demonstrando que se tratam de materiais de interesse para redução do número de espigas atacadas por pragas. Os híbridos $P_6 \times P_7$, $P_6 \times P_8$, $P_6 \times P_9$, $P_7 \times P_8$, $P_7 \times P_9$ e $P_7 \times P_{10}$ foram os que expressaram heterose negativa para ambas as características e com magnitudes mais elevadas.

Com relação a PE e RG, as combinações híbridas com as maiores magnitudes positivas foram $P_1 \times P_3$, $P_2 \times P_4$ e $P_3 \times P_7$, com valores de 130,7050 e 116,3089; 105,5030 e 121,4474; 101,6170 e 107,5356, para PE e RG, respectivamente.

No que se refere a AP e AE, é desejável que os híbridos expressem magnitudes negativas para heterose, em virtude dos fortes ventos comuns às regiões Norte e Noroeste Fluminense. Desse modo, os híbridos $P_3 \times P_8$, $P_5 \times P_6$ e $P_5 \times P_8$ revelaram-se promissores para redução do porte e altura de inserção da espiga.

A característica CE, com base nas estimativas positivas de $\hat{\sigma}_{ii}$, revelou dominância unidirecional, denotando que a heterose relativa, ou seja, os desvios de dominância serão negativos e, por isso, conclui-se que os genes aditivos atuam exclusivamente para aumentos na capacidade de expansão (Pereira e Amaral Júnior, 2001). Desse modo, apenas o híbrido $P_1 \times P_4$ expressou heterose positiva.

Tabela 18 – Estimativa da heterose relativa para 14 características avaliadas nos 45 híbridos obtidos por cruzamento dialélico entre dez linhagens de milho pipoca, sem os recíprocos. Campos dos Goytacazes, RJ.

Efeitos (\hat{s}_{ii} e \hat{s}_{ij}) ^{1/}	Características Avaliadas ^{2/}													
	NE	ED	EP	PE	RG	M100	AP	AE	FLOR	CE	PAC	PQ	EST	EMP
P1 x P2	46,3414	23,2894	-13,2004	96,3782	116,8612	17,2470	24,6770	22,1301	-9,4450	-1,5883	14,2734	-40,7440	35,0868	20,0000
P1 x P3	79,0269	110,9092	-34,4850	130,7050	116,3089	24,5510	24,2670	24,1721	-14,0495	-0,5263	25,0562	-37,7730	31,2795	80,0180
P1 x P4	31,7277	53,8453	-13,2004	96,9330	112,0023	33,8180	14,5480	14,7593	-30,7471	0,1903	-11,1330	-33,3270	31,8598	-50,0000
P1 x P5	39,1301	62,3217	-35,5944	43,7559	72,9730	10,1480	11,4880	6,4082	-3,5818	-1,1964	100,0750	-53,1880	37,2355	-27,2970
P1 x P6	-4,2553	24,7549	-69,5689	13,8323	8,3812	7,1550	20,6220	20,6515	-3,5038	-2,7993	25,0562	-5,8854	21,5676	28,5622
P1 x P7	42,9866	-2,7750	-63,6393	15,4850	10,8938	19,8470	9,5550	10,3750	-3,8677	-0,4248	-24,9810	-46,6660	36,0473	55,5333
P1 x P8	24,1127	16,1886	-20,7517	40,0280	42,8412	4,6791	22,0910	18,6514	-11,9111	-1,4291	0,0000	75,0093	38,8136	27,2429
P1 x P9	37,7296	25,3018	-29,9932	53,7923	85,7048	16,6870	12,9750	17,1875	-11,1729	-3,2258	-24,9810	-83,8680	42,4657	45,4595
P1 x P10	35,4584	76,9226	-47,8249	71,8040	75,3623	9,3789	17,8910	19,2660	-16,0217	-0,0099	25,0562	-33,3380	21,3613	16,6500
P2 x P3	33,7554	3,3300	-34,5442	62,8593	73,7705	2,7794	15,0570	14,9901	-13,7260	-4,1123	-14,2730	71,9263	8,4182	23,1017
P2 x P4	9,0302	15,7895	-51,9980	105,5030	121,4474	7,0162	12,3180	14,8609	-12,1124	-0,5050	-25,0090	-33,3330	-8,7840	-20,0000
P2 x P5	22,7722	45,9440	14,2934	51,9678	61,4161	-0,7090	8,0944	16,5460	-15,9663	-1,7544	-14,2730	-28,8140	11,6279	57,1459
P2 x P6	7,2290	-15,0935	81,3996	40,1411	51,0246	3,8911	17,6640	23,5142	-19,9996	-1,3052	14,2734	-13,0370	14,5969	52,9204
P2 x P7	29,8905	14,2868	-3,8482	54,2459	70,1583	17,0600	8,2232	19,2731	-16,2918	-0,7049	14,2734	-29,8210	11,5697	50,0000
P2 x P8	3,0127	-36,3623	-51,9980	38,0181	52,2194	1,6405	5,8823	13,5766	-8,7321	-2,6203	-14,2730	-19,2290	3,1142	28,5622
P2 x P9	29,4131	-4,5444	-35,1333	80,4674	122,6127	13,7160	17,7300	32,9681	-10,7957	-3,1295	42,9061	18,9200	-1,7314	-0,0214
P2 x P10	49,5021	57,8947	-16,2771	88,9641	105,7861	3,7802	17,9980	35,6023	-13,4839	-1,6393	-14,2730	29,4117	-1,4500	60,0000
P3 x P4	20,6251	69,2308	-45,4500	63,6230	71,7381	6,1262	9,1273	10,3260	-15,6427	-1,3481	-11,1330	-16,6660	3,0519	39,9939
P3 x P5	27,1611	7,1409	-60,6500	29,4336	29,2823	-5,5155	-1,0100	0,0456	-7,7783	-3,5733	-49,9620	-40,0010	16,7324	100,0000
P3 x P6	20,6805	-29,5469	-58,3300	48,9819	49,8681	-11,0647	9,7832	15,5080	-8,6959	-1,0373	-49,9620	62,1665	0,3670	0,0000
P3 x P7	48,6299	76,2648	-19,2900	101,6170	107,5356	14,6163	7,6258	13,8280	-16,4347	-1,8730	-49,9620	-79,1620	27,8005	157,1790
P3 x P8	13,3156	-6,5249	-5,4490	27,1727	27,2024	-3,4739	-0,3163	-2,1580	-16,2008	-3,2924	-49,9620	-6,9699	2,0833	11,1333

^{1/} P₁ = PR 023; P₂ = PR 024; P₃ = PR 036; P₄ = UEM J1; P₅ = PR 045-1; P₆ = PR 045-2; P₇ = PR 045-3; P₈ = PR 087-1; P₉ = PR 087-2; P₁₀ = PR 087-3.

^{2/} NE = número médio de espigas; ED = número médio de espigas doentes; EP = número médio de espigas com praga; PE = peso médio de espigas com grãos; RG = rendimento de grãos; M100 = massa de 100 grãos; AP = altura média de planta; AE = altura média de inserção da primeira espiga; FLOR = número de dias para florescimento; CE = capacidade de expansão dos grãos; PAC = número médio de plantas acamadas; PQ = número médio de plantas quebradas; EST = estande final; e EMP = número médio de espigas mal empalhadas.

Continuação.

Efeitos ($\hat{\delta}_i$ e $\hat{\delta}_{ij}$) ^{1/}	Características Avaliadas ^{2/}													
	NE	ED	EP	PE	RG	M100	AP	AE	FLOR	CE	PAC	PQ	EST	EMP
P3 x P9	22,6745	-14,2844	9,5285	45,1737	62,6417	2,5351	3,3674	10,3280	-15,4927	-2,9309	-49,9620	-44,6160	5,5563	55,5333
P3 x P10	5,5910	105,1230	-58,3300	71,8584	82,9498	9,5120	11,3520	18,0940	-16,4347	-1,7910	-49,9620	33,3285	1,8197	39,9939
P4 x P5	20,2607	54,7178	-46,4200	37,6035	59,0431	4,1009	0,9224	9,4540	-11,7310	-0,7795	-55,5330	-26,3120	12,5004	9,0810
P4 x P6	2,0902	-8,2342	-6,9690	36,5720	52,5084	6,0606	14,1690	12,8130	-29,5081	-1,6597	-11,1330	-20,0040	4,4106	-14,2910
P4 x P7	29,9267	39,2832	-11,5300	59,2065	77,2293	12,9225	10,2310	18,0360	-15,9663	-1,1462	-33,3330	-66,6660	25,8325	-33,3330
P4 x P8	-8,6561	-41,5714	-27,9900	52,9847	66,4492	8,2884	5,3542	11,2300	-5,6174	-3,7774	-33,3330	-29,0230	0,3481	-9,0809
P4 x P9	0,0000	13,4375	8,1164	42,2656	77,3810	12,6084	6,9856	15,9040	-8,2148	-2,7289	-33,3330	-84,9090	-1,7425	-9,0809
P4 x P10	1,3155	72,2167	-30,2300	41,8834	64,2981	12,9808	6,8214	16,4940	-15,9663	-1,2946	-33,3330	46,6600	8,0289	16,6500
P5 x P6	-30,9730	-50,9823	-14,2800	-40,4520	-42,7640	-9,5733	-5,2900	-4,6620	-8,6959	-1,0886	0,0000	64,1077	-7,6923	23,0733
P5 x P7	-1,4384	20,5474	-68,9600	-22,7370	-20,1740	-1,9142	-4,5480	6,6061	-9,7495	-1,7992	-75,0187	64,0007	9,9015	74,9530
P5 x P8	-4,4247	-26,4164	-42,8500	-1,7782	1,9074	-1,6836	-11,0100	-2,1600	-8,3790	-2,7504	-49,9624	33,3333	18,0723	59,9880
P5 x P9	15,1509	76,1929	-16,2700	19,3934	25,2101	5,5478	5,9345	5,4712	-16,6200	-4,4687	-49,9624	-43,2882	13,2530	0,0000
P5 x P10	12,3379	126,4108	-10,2000	29,9632	39,2277	6,7995	14,0840	19,6230	-11,4200	-2,8344	0,0000	68,1735	15,2544	-9,0800
P6 x P7	-28,9900	-33,3314	-55,5600	31,8680	34,4190	-1,5157	4,0375	19,0240	-17,1660	-0,7292	25,0563	45,9499	-6,4224	63,6210
P6 x P8	-34,2390	-42,0304	-58,1300	23,9650	22,4489	-1,3878	13,1950	32,2450	-0,5459	-0,8362	25,0563	118,7699	-11,6987	-53,8500
P6 x P9	13,0931	-55,1699	-46,6600	-1,1130	6,9743	-4,9291	10,4710	16,1510	-7,4380	-2,2376	-49,9624	51,8556	6,4143	-7,7060
P6 x P10	-4,4501	-31,7615	-22,2100	5,4892	4,3576	2,3797	14,4650	18,0850	-8,4473	-1,2948	0,0000	100,0000	10,3167	14,2910
P7 x P8	26,3854	-30,2746	-65,3800	12,4783	19,8944	0,3442	2,0918	4,0203	-15,9660	-1,0360	50,0375	2,3233	16,7368	100,0000
P7 x P9	-21,4760	-81,6068	-48,7200	0,4146	18,2216	-5,1866	6,5088	8,9676	-2,8254	-2,5436	-49,9624	-38,4594	-21,0295	49,9810
P7 x P10	-25,3630	-21,4335	-37,7700	38,1857	50,5405	8,8767	11,5080	18,4550	-16,2010	-1,3986	-49,9624	61,9000	-25,4551	55,5330
P8 x P9	-14,2060	0,0000	2,7000	-2,7060	13,0612	-0,8169	4,0906	4,5897	-6,5150	-3,6827	-49,9624	-10,0000	-32,1426	59,9880
P8 x P10	-24,6290	3,3674	-20,9200	-6,9850	-0,3798	-6,2410	-12,6300	2,8000	-15,9660	-1,1820	0,0000	18,9167	-25,0943	27,2420
P9 x P10	-29,8780	10,4464	86,6600	-8,8376	8,4790	-15,5480	3,8335	7,2196	-12,9940	-4,5389	-24,9812	18,6454	-22,8471	45,4590

^{1/} P₁ = PR 023; P₂ = PR 024; P₃ = PR 036; P₄ = UEM J1; P₅ = PR 045-1; P₆ = PR 045-2; P₇ = PR 045-3; P₈ = PR 087-1; P₉ = PR 087-2; P₁₀ = PR 087-3.

^{2/} NE = número médio de espigas; ED = número médio de espigas doentes; EP = número médio de espigas com praga; PE = peso médio de espigas com grãos; RG = rendimento de grãos; M100 = massa média de 100 grãos; AP = altura média de planta; AE = altura média de inserção da primeira espiga; FLOR = número médio de dias para florescimento; CE = capacidade de expansão dos grãos; PAC = número médio de plantas acamadas; PQ = número médio de plantas quebradas; EST = estande final; e EMP = número médio de espigas mal empalhadas.

Para PAC e PQ, em análise conjunta, destacaram-se os híbridos com magnitudes negativas elevadas para ambas as características, a saber: $P_1 \times P_7$, $P_1 \times P_9$, $P_3 \times P_5$, $P_4 \times P_5$, $P_3 \times P_7$, $P_3 \times P_8$, $P_3 \times P_9$, $P_4 \times P_7$ e $P_7 \times P_9$. Com relação à EST, dentre as 45 combinações, destacaram-se os híbridos com magnitudes positivas de heterose relativa, denotando adequado desenvolvimento e formação de estande no campo. São estes: $P_1 \times P_5$, $P_1 \times P_7$, $P_1 \times P_8$ e $P_1 \times P_9$.

Dentre os melhores híbridos para as características PE e RG, considerando-se uma análise conjunta com CE, destacaram-se as combinações $P_1 \times P_4$ e $P_2 \times P_4$ por expressarem menores magnitudes negativas para CE, com valores de -0,5263 e -0,5050, respectivamente.

4.5. Análise Dialélica de Griffing (1956) para o Ambiente de Itaocara

4.5.1. Análise de Variância para Capacidade de Combinação

Os quadrados médios para genótipos desdobrados em capacidade geral e específica de combinação, respectivamente, CGC e CEC, bem como as médias dos quadrados dos efeitos para as quatorze características avaliadas no ambiente de Itaocara encontram-se na Tabela 19.

Verificou-se que para a maioria das características avaliadas, a fonte de variação CGC não revelou significância em 5% de probabilidade. Houve diferença significativa para as características PE, RG, M100, CE e EST em 1% de probabilidade, bem como para PQ em 5% de probabilidade. Essas são as características de maior importância para o melhoramento da cultura do milho pipoca, e as significâncias expressam a existência de variabilidade no grupo de genitores e híbridos resultante da ação dos efeitos gênicos aditivos no controle dessas características.

Tabela 19 - Estimativas dos quadrados médios de genótipos de milho pipoca (genitores e F_{1's}), das capacidades geral e específica de combinação (CGC e CEC) e do resíduo, e média dos quadrados dos efeitos da capacidade combinatória para 14 características avaliadas em dialelo completo, sem os recíprocos. Itaocara, RJ.

FV	GL	Quadrados Médios ^{1/}				
		NE	ED	EP	PE	RG
Genótipos	54	274,0259 **	11,0675 n.s.	11,3137 **	2659954,6593 **	2480351,4420 **
CGC	9	248,1654 n.s.	10,9893 n.s.	13,9887 n.s.	6478691,2676 **	5396256,6668 **
CEC	45	279,1980 **	11,0831 n.s.	10,7787 **	1896207,3377 **	1897170,3971 **
Resíduo	108	67,4373	10,0059	5,0495	117144,3715	85913,3018
Médias dos quadrados dos efeitos						
CGC		5,0202	0,0273	0,2483	176709,6360	147509,5379
CEC		70,5860	0,3590	1,9097	593020,9887	603752,3651

^{1/} NE = número médio de espigas; ED = número médio de espigas doentes; EP = número médio de espigas com praga; PE = peso médio de espigas com grãos; e RG = rendimento de grãos.

n.s. = Não significativo em nível de 0,05;

** = Significativo em nível de 0,01; e

* = Significativo em nível de 0,05.

Continuação.

FV	GL	Quadrados Médios ^{1/}				
		M100	AP	AE	FLOR	CE
Genótipos	54	18,6263 **	0,3855 **	0,1351 **	189,3696 **	3,0625 **
CGC	9	51,1342 **	0,4550 ^{n.s.}	0,1971 ^{n.s.}	135,8835 ^{n.s.}	16,9042 **
CEC	45	12,1247 **	0,3716 **	0,1227 **	200,0668 **	0,2941 ^{n.s.}
Resíduo	108	0,3541	0,0311	0,0063	1,4277	0,3669
Médias dos quadrados dos efeitos						
CGC		1,4105	0,0118	0,0053	3,7349	0,4594
CEC		3,9235	0,1135	0,0388	66,2131	-0,0242

^{1/} M100 = massa média de 100 grãos; AP = altura média de planta; AE = altura média de inserção da primeira espiga; FLOR = número médio de dias para florescimento; e CE = capacidade de expansão dos grãos.

^{n.s.} = Não significativo em nível de 0,05;

** = Significativo em nível de 0,01; e

* = Significativo em nível de 0,05.

Continuação.

FV	GL	Quadrados Médios ^{1/}			
		PAC	PQ	EST	EMP
Genótipos	54	0,4867 ^{n.s.}	52,1267 ^{n.s.}	150,5424 ^{**}	1,2934 ^{n.s.}
CGC	9	0,2913 ^{n.s.}	93,5321 [*]	344,2137 ^{**}	0,7520 ^{n.s.}
CEC	45	0,5258 ^{n.s.}	43,8456 ^{n.s.}	111,8082 ^{**}	1,4016 ^{n.s.}
Resíduo	108	0,4997	33,3531	28,3377	1,1294
Médias dos quadrados dos efeitos					
CGC		-0,0057	1,6716	8,7743	-0,0100
CEC		0,0087	3,4974	27,8230	0,0907

^{1/} PAC = número médio de plantas acamadas; PQ = número médio de plantas quebradas; EST = estande final; e EMP = número médio de espigas mal empalhadas.

^{n.s.} = Não significativo em nível de 0,05;

^{**} = Significativo em nível de 0,01; e

^{*} = Significativo em nível de 0,05.

Com relação à média dos quadrados dos efeitos, verifica-se que os valores da capacidade geral de combinação foram inferiores aos correspondentes da capacidade específica de combinação para as características, excetuando-se CE.

Corrobora-se, assim, a supremacia da aditividade na expressão da capacidade de expansão, já detectada por alguns autores (Larish e Brewbaker, 1999; Pereira e Amaral Júnior, 2001; Viana e Matta, 2003; Simon *et al.*, 2004; Freitas Júnior *et al.*, 2006; Rangel *et al.*, 2007; Scapim *et al.*, 2006).

Com base na premissa de Miranda *et al.* (2008) de que é difícil obter híbridos comerciais diretamente de variedades locais do Brasil, por apresentarem baixa performance para capacidade de expansão e à luz das constatações da superioridade do efeito aditivo para capacidade de expansão, não há razão para realização de dialelos tendo como genitores variedades, em milho pipoca, quando o intento é explorar a complementação alélica. Por conseguinte, os híbridos intervarietais tornam-se inócuos para reunir elevados rendimentos de grãos com superioridade para capacidade de expansão.

Em decorrência, sucesso no melhoramento para obtenção de híbridos de milho pipoca é possível por meio de cruzamentos dialélicos entre linhagens ou realização de *testcrosses* entre linhagens.

Sawazaki *et al.* (2000) avaliaram o potencial de 82 linhagens da variedade Guarani e 27 da variedade IAC-64 para síntese de híbridos, utilizando-se como testador um híbrido simples de linhagens da variedade “South American Mushroom” (SAM). Concluíram que as linhagens das variedades Guarani e IAC-64 apresentaram alto potencial para a síntese de híbridos com o testador IAC HS SAM e que os híbridos triplos com alta produtividade e qualidade de grãos foram possíveis por meio dos *testcrosses* realizados.

O uso de *topcrosses* para síntese de compostos também tem sido utilizado em milho pipoca, para uso como população-base no melhoramento. Como exemplo tem-se a pesquisa realizada por Seifert *et al.* (2006), em que 14 populações de milho pipoca foram avaliadas com um testador constituído pela mistura eqüitativa de sementes de todas as 14 populações.

Os autores concluíram que as populações UEL S1, UEL ZP, UEL PP, CMS 43 e RS 20 foram promissoras para a síntese de compostos com frequência de alelos favoráveis para RG e CE a serem explorados em programas de seleção recorrente.

4.5.2. Estimativas dos Efeitos da Capacidade Geral de Combinação

As estimativas dos efeitos da CGC (\hat{g}_i) dos dez genitores de milho pipoca, para 14 características avaliadas em esquema de dialelo completo, sem os recíprocos, para o ambiente de Itaocara, estão apresentadas na Tabela 20.

Na concepção de Ramalho *et al.* (1993), o conhecimento da capacidade geral de combinação dos genitores possui relevância para os melhoristas, pois os híbridos provenientes de parentais com maiores valores de \hat{g}_i para a característica desejada são, potencialmente superiores.

Para Cruz *et al.* (2004), altas estimativas de \hat{g}_i positivas ou negativas, evidenciam genitores muito superiores ou inferiores aos demais genitores inclusos no dialelo em relação à média dos cruzamentos, enquanto baixas estimativas de \hat{g}_i indicam genitores em que as combinações não diferem muito da média geral dos cruzamentos dialélicos.

Pela Tabela 21 constata-se que NE revelou seis das dez linhagens com valores de \hat{g}_i positivos; portanto, propensos a contribuir para o incremento no número de espigas. A linhagem que revelou maior foi P_3 , seguida por P_2 , com médias de 3,7889 e 2,6778, respectivamente.

A análise conjunta das características ED e EP revelou que as linhagens P_2 , P_3 e P_4 expressaram valores negativos para \hat{g}_i , indicando potencial para contribuição na redução do ataque de pragas e incidência de doenças. Com relação a PE, apenas as linhagens P_2 , P_3 e P_4 expressaram valores positivos de \hat{g}_i , denotando que se trata de linhagens com elevado potencial produtivo e ainda, adequadas quanto à sanidade de espiga, com base nos resultados de ED e EP. A linhagem P_4 revelou maior CGC para PE e menor estimativa de \hat{g}_i para ED.

Tabela 20 - Estimativas dos efeitos da capacidade geral de combinação (\hat{g}_i) para 14 características avaliadas em dez genitores de milho pipoca em esquema de dialelo completo, sem os recíprocos. Itaocara, RJ.

Genitores ^{1/}	Características Avaliadas ^{2/}						
	NE	ED	EP	PE	PG	M100	AP
P1	-3,7389	0,7611	-0,6500	-417,4166	-352,2832	-1,6717	-0,1807
P2	1,3168	-0,3779	-0,5390	479,9445	487,9944	0,9352	0,1190
P3	3,7889	-0,2944	-0,3445	549,6666	513,3000	0,7900	-0,0177
P4	2,6778	-1,0167	-0,4834	656,4723	552,5779	2,2342	0,1322
P5	1,1778	0,0667	-0,2612	-120,6110	-91,3112	-0,0863	0,0459
P6	-4,1278	0,3167	0,1002	-476,3055	-465,0612	-1,3281	-0,1627
P7	-1,5168	0,8445	0,9611	-214,9167	-188,2277	-0,1848	-0,0035
P8	0,3722	-0,2944	1,1277	-6,1666	5,4945	0,1507	0,1017
P9	-1,3778	0,0111	-0,2333	-440,7501	-390,8944	-1,2315	-0,0863
P10	1,4278	-0,0167	0,3223	-9,9168	-71,5888	0,3924	0,0523

^{1/} P₁ = PR 023; P₂ = PR 024; P₃ = PR 036; P₄ = UEM J1; P₅ = PR 045-1; P₆ = PR 045-2; P₇ = PR 045-3; P₈ = PR 087-1; P₉ = PR 087-2; P₁₀ = PR 087-3.

^{2/} NE = número médio de espigas; ED = número médio de espigas doentes; EP = número médio de espigas com pragas; PE = peso médio de espigas com grãos; RG = rendimento de grãos; M100 = massa média de 100 grãos; e AP = altura média de planta.

Continuação.

Genitores ^{1/}	Características Avaliadas ^{2/}						
	AE	FLOR	CE	PAC	PQ	EST	EMP
P1	-0,1319	1,7056	-0,2460	0,0166	-3,2220	0,5722	-0,2002
P2	0,0508	0,4556	0,5732	-0,1222	1,6110	3,2109	-0,0057
P3	0,0170	-0,2389	-0,6143	0,0444	1,1389	2,6279	-0,0332
P4	0,1190	1,2056	-0,3910	-0,0111	-1,6660	4,5723	-0,0889
P5	0,0242	1,3445	-0,7629	-0,0388	-0,9721	-0,5666	0,2166
P6	-0,0817	-3,9890	-0,4543	-0,1777	-0,2499	-5,9270	-0,0057
P7	-0,0273	0,8444	-0,5596	0,0445	0,2222	-2,5660	-0,0055
P8	0,0625	0,5666	1,1176	0,0721	1,4165	-0,0388	0,2445
P9	-0,0507	-3,0444	0,4932	0,1000	-0,0833	-2,3160	-0,1722
P10	0,0182	1,1499	0,8443	0,0724	1,8055	0,4333	0,0501

^{1/} P₁ = PR 023; P₂ = PR 024; P₃ = PR 036; P₄ = UEM J1; P₅ = PR 045-1; P₆ = PR 045-2; P₇ = PR 045-3; P₈ = PR 087-1; P₉ = PR 087-2; P₁₀ = PR 087-3.

^{2/} AE = altura média de inserção da primeira espiga; FLOR = número médio de dias para florescimento; CE = capacidade de expansão dos grãos; PAC = número médio de plantas acamadas; PQ = número médio de plantas quebradas; EST = estande final; e EMP = número médio de espigas mal empalhadas.

Como o rendimento de grãos está intimamente relacionado com peso de espigas, constatou-se que a linhagem P₄, seguida por P₃ e P₂, também expressaram, nessa ordem, as maiores estimativas de \hat{g}_i para RG. Não necessariamente nessa ordem, essas linhagens também revelaram os maiores valores de \hat{g}_i para M100, caracterizando que estes genótipos favorecem a formação de grãos maiores e com pesos mais elevados. Dentre as linhagens menos interessantes, com relação às características mencionadas, tem-se P₆ com valores insatisfatórios de \hat{g}_i para as características NE (-4,1278), ED (0,3167), EP (0,1002), PE (-476,3055) e RG (-465,0612), representando os piores valores para algumas destas características. Outras linhagens como P₁ e P₉ também não revelaram valores desejáveis para E, EP, PE e RG.

Como o ambiente de Itaocara é situado em uma ilha plana, com fortes ventos, para as características AP e AE visa-se a redução do porte das plantas, prevenindo o acamamento e quebra do colmo das plantas. Desse modo, destacaram-se as linhagens P₁, P₃, P₆, P₇ e P₉, com valores negativos de \hat{g}_i para AP; e as linhagens P₁, P₆, P₇ e P₉ para AE. Logo, são genótipos que tendem a contribuir para reduzir o porte das plantas.

Com relação à característica florescimento, os valores negativos de \hat{g}_i são os mais interessantes, pois favorecem a precocidade, reduzindo o tempo de permanência da cultura no campo, com menor custo de produção. As linhagens P₃, P₆ e P₉ expressaram favorável abreviação no número de dias para o florescimento, por seus valores negativos de \hat{g}_i . O genitor P₆ foi a linhagem que expressou mais elevada magnitude negativa de \hat{g}_i .

No que se refere à característica mais relacionada com a qualidade dos grãos, CE, verifica-se pelos resultados obtidos que as linhagens P₂, P₈, P₉ e P₁₀ apresentaram valores positivos para \hat{g}_i , com magnitudes respectivas de: 0,5732; 1,1176; 0,4932 e 0,8443. Dentre estas, apenas as linhagens P₂ e P₈ expressaram estimativas positivas de \hat{g}_i para rendimento de grãos. Há, pois, a perspectiva de formação de híbridos superiores para ambas as características.

Quanto a PAC e PQ, as linhagens P₄, P₅ e P₆ revelaram satisfatória contribuição para redução do número de plantas acamadas e quebradas, em razão de suas estimativas negativas de \hat{g}_i . Com base na premissa de Cruz e Vencovsky

(1989), os baixos valores de \hat{g}_i , sejam positivos ou negativos para PAC, indicam que a média dos híbridos para essa característica não diferiu significativamente da média geral do dialelo.

Dentre as linhagens que expressaram maiores valores positivos de \hat{g}_i para a característica estande, estão P_2 , P_3 e P_4 , confirmando o potencial destes genitores para obtenção de combinações híbridas superiores.

As estimativas de \hat{g}_i para EMP, além de baixas, foram próximas, não merecendo destaque de um genitor que tenha se diferido significativamente da média geral do dialelo.

Com base no rol de características avaliadas, sobretudo para RG e CE elegem-se as linhagens P_2 e P_8 , além de P_{10} , esta última pela superioridade para CE e por não revelar valor de \hat{g}_i com elevada magnitude negativa para PE e RG.

4.5.3. Estimativas dos Efeitos da Capacidade Específica de Combinação

As estimativas dos efeitos da CEC (\hat{s}_{ij} e \hat{s}_{ji}) referentes aos 45 híbridos obtidos em esquema dialélico para 14 características avaliadas no ambiente de Itaocara constam na Tabela 21.

A CEC refere-se ao comportamento individual de duas linhagens cruzadas entre si, expressa pela manifestação heterótica do híbrido (Vencovsky, 1970), expressando os efeitos de dominância dos genes e evidenciando se um híbrido é melhor ou pior que o previsto pela CGC de seus genitores (Cruz *et al.*, 2004).

Pelas estimativas dos efeitos de CEC para a característica número de espigas, os híbridos $P_1 \times P_6$, $P_1 \times P_9$, $P_2 \times P_9$ e $P_4 \times P_6$ manifestaram valores desejáveis para \hat{s}_{ij} , com estimativas que denotam alta contribuição para o aumento do número de espigas. No entanto, a CGC dos genitores deve ser considerada quando da recomendação híbrida (Cruz *et al.*, 2004). Logo, apenas os híbridos $P_2 \times P_9$ e $P_4 \times P_6$ podem ser destacados como combinações promissoras, já que os melhores genitores para a característica número de espigas foram P_2 , P_3 , P_4 , P_5 , P_8 e P_{10} , com estimativas positivas de \hat{g}_i (Tabela 20).

Tabela 21 - Estimativas dos efeitos da capacidade específica de combinação (\hat{s}_{ii} e \hat{s}_{ij}) para 14 características avaliadas em dialelo completo entre dez linhagens de milho pipoca. Itaocara, RJ.

Efeitos (\hat{s}_{ii} e \hat{s}_{ij}) ^{1/}	Características Avaliadas ^{2/}													
	NE	ED	EP	PE	RG	M100	AP	AE	FLOR	CE	PAC	PQ	EST	EMP
P1 X P1	-20,8100	-2,2370	-1,6818	-1530,8000	-1518,2000	-1,9600	-0,4500	-0,2520	3,7525	0,1942	0,0150	2,3220	-11,3000	0,2127
P1 x P2	4,7978	1,5679	1,2071	225,1380	164,8280	-0,1590	0,1980	0,0973	-1,9970	-0,1383	0,1539	-2,1700	1,2950	-0,3158
P1 x P3	6,3257	-0,8485	0,3458	793,7490	622,8550	0,6729	0,1720	0,0710	-1,3030	0,3159	-0,0127	0,2956	2,2120	-0,2882
P1 x P4	0,4369	-1,1260	0,4846	30,2779	130,2440	-0,4050	-0,0100	-0,0100	-2,0800	0,1026	0,0428	-2,5600	-1,3900	-0,2325
P1 x P5	5,9368	1,4573	-0,4036	242,3610	194,1330	-0,1940	0,1190	0,0498	-1,8860	0,1312	0,4044	-3,5900	5,7390	-0,5380
P1 x P6	16,5750	0,8733	0,2350	776,3880	694,5500	0,8310	0,2350	0,1147	3,4470	-0,7108	0,5434	-4,3100	10,4300	0,6842
P1 x P7	-5,7010	1,6795	-1,2928	-243,3300	-158,9400	-0,4590	-0,0100	-0,0290	-2,3860	0,0945	-0,0129	-0,7870	0,0730	0,6841
P1 x P8	-3,5900	-1,1810	0,8735	107,9160	43,9951	1,3480	0,0630	0,0065	-3,1080	0,0173	-1,0405	4,0170	-2,7800	0,1011
P1 x P9	14,1590	0,1789	0,9015	989,1660	1030,3800	2,1470	0,3530	0,1918	3,1694	-0,4916	0,2656	-2,4800	7,8230	-0,1493
P1 x P10	2,6868	1,8737	1,0129	140,0000	314,4110	0,1505	-0,1900	0,0128	-1,3580	0,2906	-0,3738	6,9610	-0,5930	-0,3715
P2 x P2	-5,5900	0,3739	1,4292	-1195,5000	-1338,7000	-1,0400	-0,1200	-0,0900	5,2523	0,4426	0,2927	0,9903	-1,3400	-0,5103
P2 x P3	-2,7290	0,2904	-0,0983	-38,6110	42,5780	-3,3300	-0,0400	-0,0510	-1,0530	-0,7699	0,1261	0,4624	-3,4200	-0,1844
P2 x P4	-1,9510	0,3457	0,0406	166,2490	309,9670	0,8278	-0,0800	-0,0920	-1,8300	0,3401	-0,4844	-5,0600	-3,0300	1,2400
P2 x P5	-5,1180	-0,7376	1,1514	-341,6600	-132,8100	-0,9210	0,0230	-0,0650	-0,9695	0,1454	-0,4567	2,2390	-4,8900	0,9345
P2 x P6	0,8538	3,3464	-0,8760	330,6940	260,9390	1,0400	0,1750	0,0900	0,3639	-0,0966	-0,3178	-2,8100	3,7950	0,1568
P2 x P7	-0,4241	-1,8480	-1,4038	594,3050	590,7720	0,3707	0,0130	-0,0270	-1,1360	0,1087	0,4600	-2,9500	1,7680	-0,5104
P2 x P8	2,6868	-1,7090	-1,2375	95,5558	117,0500	0,4152	-0,3600	0,0007	-5,8580	-0,4019	0,0984	1,8500	2,9060	-1,0930
P2 x P9	11,1030	-1,3480	-0,2095	1128,4700	1056,7700	1,5770	0,2870	0,1860	3,7523	0,1226	0,0704	5,3500	2,8510	-0,0098
P2 x P10	1,9642	-0,6542	-1,4321	230,9710	267,4660	2,2760	0,0400	0,0451	-1,7740	-0,1952	-0,2349	1,1280	1,4340	0,4340
P3 x P3	-13,2000	0,8739	3,0403	-1824,9000	-1882,7000	-1,1200	-0,2300	-0,1350	5,3083	0,4842	-0,3735	-3,3900	-3,8400	-0,1211
P3 x P4	-2,0900	1,5962	0,1792	-281,8000	-148,6700	-0,5130	-0,0300	-0,0400	-1,8030	0,0942	0,6820	-1,5900	-3,1200	0,2676
P3 x P5	4,0760	1,8458	0,6240	266,9440	268,5500	0,9704	0,0280	0,0108	-5,2750	-0,1671	0,3767	-3,9500	1,3510	-0,0378
P3 x P6	7,7145	-0,7371	1,2626	650,9720	658,9670	1,0790	0,1890	0,1217	0,7244	0,1242	0,1816	2,9890	2,7120	0,5173
P3 x P7	7,4367	-0,2650	-1,2653	1042,9100	1114,1300	1,0480	-0,0400	0,0124	-1,4410	-0,1205	-0,0406	4,8510	3,6840	0,1842
P3 x P8	7,2146	-0,7930	-2,7649	722,4990	608,4110	0,3204	0,1290	0,0545	-1,1640	-0,3810	-0,0682	-0,6770	4,4890	-0,3989

^{1/} P₁ = PR 023; P₂ = PR 024; P₃ = PR 036; P₄ = UEM J1; P₅ = PR 045-1; P₆ = PR 045-2; P₇ = PR 045-3; P₈ = PR 087-1; P₉ = PR 087-2; P₁₀ = PR 087-3.

^{2/} NE = número médio de espigas; ED = número médio de espigas doentes; EP = número médio de espigas com praga; PE = peso médio de espigas com grãos; RG = rendimento de grãos; M100 = massa média de 100 grãos; AP = altura média de planta; AE = altura média de inserção da primeira espiga; FLOR = número de dias para florescimento; CE = capacidade de expansão dos grãos; PAC = número médio de plantas acamadas; PQ = número médio de plantas quebradas; EST = estande final; e EMP = número médio de espigas mal empalhadas.

Continuação.

Efeitos (\hat{S}_{ii} e \hat{S}_{ij}) ^{1/}	Características Avaliadas ^{2/}													
	NE	ED	EP	PE	RG	M100	AP	AE	FLOR	CE	PAC	PQ	EST	EMP
P3 x P9	4,6316	-0,0985	-2,0700	515,4171	608,1330	1,7156	0,1539	0,0708	2,4468	-0,0232	-0,0960	2,1569	4,1012	0,0178
P3 x P10	-6,1740	-2,7370	-2,2920	-22,0832	-9,5048	0,2917	-0,0720	0,0208	-1,7470	-0,0410	-0,4010	2,2679	-4,3150	-0,2044
P4 x P4	-9,9790	0,3184	1,9849	-1678,6100	-1804,6000	-2,2810	-0,2290	-0,2040	2,4193	0,3876	0,0705	3,8788	-2,7320	-0,0098
P4 x P5	0,5201	0,2351	-1,9040	358,4723	180,9390	0,4862	-0,2730	0,0938	-2,3860	-0,5238	-0,2340	-1,1480	2,7398	-0,6493
P4 x P6	11,8250	1,9851	-0,9316	700,8328	683,0220	1,6711	0,3404	0,1948	3,9469	-0,0490	-0,0950	7,4620	1,7679	-0,4270
P4 x P7	7,5478	-0,5427	-0,4594	604,4440	719,5220	-0,2523	0,1051	0,0674	-1,8860	-0,1571	0,0149	-0,0100	6,4068	-0,0932
P4 x P8	1,6589	0,2622	-1,9590	359,0279	349,1340	0,2522	0,1729	0,0505	-0,6086	-0,6377	-0,3450	-0,8715	-0,1210	0,3228
P4 x P9	0,0757	-1,0430	1,0679	681,9444	775,5230	2,0385	0,3109	0,2277	4,0023	0,0534	0,6263	-0,0376	1,1568	0,0735
P4 x P10	1,9372	-2,3480	-0,4877	737,7781	609,5500	0,4576	-0,0570	-0,0830	-2,1910	0,0023	-0,3460	-3,9260	1,0728	-0,4828
P5 x P5	1,6871	-0,5152	1,8737	-424,4440	-496,8300	-0,5064	-0,0220	-0,0140	2,4746	0,3015	0,1259	3,8228	-1,7880	0,7123
P5 x P6	-16,0000	-2,7650	-1,8200	-708,7490	-699,7500	0,6415	-0,0590	-0,0450	5,1411	0,2395	0,2648	-2,5650	5,2398	1,2675
P5 x P7	-1,9520	-1,2930	-2,3480	273,1943	283,4110	-0,3979	0,0013	-0,0190	-1,0250	0,0315	-0,6230	-1,7040	-1,1210	-0,3987
P5 x P8	-2,1740	-1,4870	2,4847	251,1112	349,6890	-0,0504	-0,0480	-0,0890	-0,7475	-0,0990	0,0150	-0,2320	-1,9820	-0,3156
P5 x P9	10,5750	2,5403	-0,4872	690,6948	656,0780	0,2249	0,2092	0,1036	2,5305	-0,2346	-0,3460	1,6009	0,9618	-0,5660
P5 x P10	0,7701	1,2352	-1,0420	-183,4720	-106,5600	0,2550	0,0435	-0,0080	-0,3307	-0,1257	0,3487	1,7120	-4,4540	-1,1210
P6 x P6	2,6312	-0,3482	0,4848	-284,7220	-431,0000	1,5273	0,2143	0,1125	12,8080	0,1642	0,0706	5,0453	0,6010	0,4897
P6 x P7	1,0203	-0,5430	-0,0430	398,8888	457,1610	1,0740	0,2080	0,1502	2,6412	-0,0304	-0,1510	2,2402	-0,4271	-0,1764
P6 x P8	8,1313	-0,0711	1,7903	11,8057	153,4390	0,9685	0,2499	0,1453	3,5859	0,0923	0,1539	1,3788	4,3791	-1,0930
P6 x P9	-38,1100	-4,7090	-4,8480	-2025,2700	-1633,5000	-10,7100	-1,9600	-1,1300	-47,8000	0,1834	-1,2000	-13,1200	-30,0100	-1,6760
P6 x P10	2,7427	3,3181	4,2628	433,8889	287,1890	0,3568	0,2022	0,1376	2,3357	-0,0810	0,4876	-1,3430	0,9069	-0,2320
P7 x P7	-8,2570	-1,0700	-0,5708	-1085,8300	-1141,3000	-0,4764	-0,2090	-0,1260	3,1418	0,1748	0,2932	2,4341	-4,1210	-0,1766
P7 x P8	6,8534	2,7350	1,9294	277,0829	133,2720	-0,2949	-0,0130	-0,0040	-1,9140	-0,0357	-0,0680	-5,0930	-0,6490	1,2394
P7 x P9	3,6033	1,7624	5,2904	-568,3330	-763,6700	0,3874	0,1316	0,1272	3,3635	-0,1446	-0,4290	-0,2604	2,6288	-0,6768
P7 x P10	-1,8680	0,4573	0,7349	-207,4990	-92,9770	-0,5235	0,0279	-0,0230	-2,4970	-0,0957	0,2654	-1,1490	-4,1210	0,1009
P8 x P8	-8,3680	-0,1261	0,0958	-1055,0000	-1113,7000	-0,8674	-0,1640	-0,1160	4,0303	0,5204	0,5710	1,0453	-2,1760	0,3234
P8 x P9	-0,9517	4,5684	-0,2092	-215,4160	-100,7200	0,3749	0,1014	0,0923	2,3083	0,0781	-0,1230	-1,4540	-0,8990	0,0731
P8 x P10	-3,0910	-2,0700	-1,0980	500,4170	573,3000	-1,5990	0,0358	-0,0230	-0,5529	0,3270	0,2378	-1,0090	-0,9820	0,5178
P9 x P9	1,1312	0,2629	0,1518	-322,5000	-567,6700	1,2101	0,1764	0,0705	11,9190	0,3359	0,5151	3,7121	2,3788	1,4897
P9 x P10	-7,3410	-2,3760	0,2622	-551,6660	-493,6443	-0,1698	0,0688	-0,0060	2,3911	-0,2152	0,2099	0,8232	6,6288	-0,0655
P10 x P10	4,1871	1,6515	0,0407	-539,1660	-674,6160	-0,7477	-0,0440	-0,0350	2,8638	0,0670	-0,0960	-2,7320	2,2118	0,7122
DP(S_{ii})	3,9149	1,5080	1,0712	163,1677	139,7340	0,2836	0,0841	0,0377	0,5696	0,2887	0,3369	2,7532	2,5377	0,5066
DP(S_{ij})	4,3672	1,6822	1,1950	182,0212	155,8800	0,3164	0,0938	0,0421	0,6355	0,3221	0,3759	3,0713	2,8310	0,5651
DP(S_{ii} - S_{ij})	5,4746	2,1088	1,4980	228,1757	195,4060	0,3967	0,1176	0,0527	0,7966	0,4038	0,4712	3,8501	3,5488	0,7084
DP(S_{ij} - S_{ik})	6,4196	2,4728	1,7566	267,5597	229,1340	0,4651	0,1379	0,0618	0,9341	0,4735	0,5525	4,5146	4,1614	0,8307
DP(S_{ij} - S_{kl})	6,1208	2,3577	1,6748	255,1082	218,4710	0,4435	0,1315	0,0590	0,8906	0,4514	0,5268	4,3045	3,9677	0,7921

^{1/} P₁ = PR 023; P₂ = PR 024; P₃ = PR 036; P₄ = UEM J1; P₅ = PR 045-1; P₆ = PR 045-2; P₇ = PR 045-3; P₈ = PR 087-1; P₉ = PR 087-2; P₁₀ = PR 087-3.

^{2/} NE = número médio de espigas; ED = número médio de espigas doentes; EP = número médio de espigas com praga; PE = peso médio de espigas com grãos; RG = rendimento de grãos; M100 = massa de 100 grãos; AP = altura média de planta; AE = altura média de inserção da primeira espiga; FLOR = número de dias para florescimento; CE = capacidade de expansão dos grãos; PAC = número médio de plantas acamadas; PQ = número médio de plantas quebradas; EST = estande final; e EMP = número médio de espigas mal empalhadas.

Com relação à característica ED, espera-se que os melhores híbridos sejam aqueles cujos valores de \hat{s}_{ij} tenham sido negativos, uma vez que refletem a contribuição para reduzir o número de espigas doentes. Neste aspecto, destacaram-se os híbridos $P_4 \times P_{10}$, $P_5 \times P_6$, $P_6 \times P_9$, $P_8 \times P_{10}$ e $P_9 \times P_{10}$, pelas maiores magnitudes negativas de \hat{s}_{ij} , entretanto, apenas os híbridos $P_4 \times P_{10}$, $P_8 \times P_{10}$ e $P_9 \times P_{10}$ possuem pelo menos um dos genitores com valores desejáveis de \hat{g}_i .

Relacionando as características ED e EP, é possível destacar alguns híbridos que expressaram efeito de CEC favorável e que advieram de pelo menos um genitor com valores de \hat{g}_i desejáveis para ambas as características, a saber: $P_3 \times P_{10}$, $P_2 \times P_7$, $P_2 \times P_8$, $P_2 \times P_{10}$, $P_3 \times P_7$, $P_3 \times P_8$, $P_3 \times P_9$, $P_4 \times P_7$ e $P_4 \times P_{10}$.

No entanto, deve-se salientar que a característica ED não expressou significância para a fonte de variação CEC na ANOVA (Tabela 19), não sendo possível afirmar que existem combinações superiores para tal característica, já que é necessário haver diferença significativa para os desvios de dominância para se eleger as melhores combinações. Quanto à característica PE, é esperado que os melhores híbridos sejam aqueles cujos valores de \hat{s}_{ij} sejam expressivamente positivos e elevados em relação aos demais, além de advir de pelo menos um genitor promissor, ou seja, com elevada estimativa positiva de \hat{g}_i . Dentre as 45 combinações destacaram-se os híbridos $P_2 \times P_9$, $P_3 \times P_7$, $P_1 \times P_9$, $P_1 \times P_3$ e $P_1 \times P_6$, com os mais elevados valores de \hat{s}_{ij} ; no entanto, apenas os híbridos $P_1 \times P_3$, $P_3 \times P_7$ e $P_2 \times P_9$ possuem pelo menos um genitor com estimativa de \hat{g}_i desejável. Associando-se as características PE e RG, uma vez que ambas possuem os mesmos genitores promissores, pode-se concluir que os híbridos $P_1 \times P_3$, $P_3 \times P_7$ e $P_2 \times P_9$ são as combinações que fidedignamente se destacam para peso de espigas e rendimento de grãos.

É interessante destacar que os valores de \hat{s}_{ii} apresentaram estimativas negativas para ambas as características, conseqüenciando em desvios de dominância positivos. Assim, os genes dominantes contribuem para aumentar as expressões das características e as tenderão a se manifestar positivamente.

Houve diferenças nas estimativas de \hat{s}_{ij} para as características AP e AE, denotando a possibilidade de indicação de combinações superiores, com estimativas negativas de \hat{s}_{ij} , no intento de redução no porte das plantas. No entanto, há que se

destacar que no ambiente de Itaocara não foram constatadas variações expressivas para altura de plantas.

Pode-se apenas destacar o híbrido $P_6 \times P_9$, por acusar os valores mais discrepantes de $\hat{\sigma}_{ij}$ para AP e AE, com magnitudes respectivas de -1,9600 e -1,1300.

Com relação ao florescimento, sobressaíram-se os híbridos $P_6 \times P_9$ e $P_2 \times P_8$ e $P_3 \times P_5$, nesta ordem, com estimativas de $\hat{\sigma}_{ij}$ de -47,8000; -5,8580; e -5,2750, respectivamente. A combinação $P_6 \times P_9$ era esperada ocorrer, já que os genitores contiveram as magnitudes mais negativas de $\hat{\sigma}_i$; por sua vez, o par $P_2 \times P_8$ foi melhor do que o esperado com base na CGC parental, por não conter em sua formação sequer um genitor com estimativa negativa de $\hat{\sigma}_i$.

A exemplo do que ocorreu no ambiente de Campos dos Goytacazes, também em Itaocara a característica CE revelou dominância unidirecional, com estimativas positivas de $\hat{\sigma}_{ij}$, denotando que os desvios de dominância serão negativos e, por conseguinte, que os genes aditivos atuam exclusivamente para aumentos da expressão da capacidade de expansão, conforme já constatado por Pereira e Amaral Júnior (2001).

Vinte e seis híbridos revelaram estimativas positivas de $\hat{\sigma}_{ij}$ para CE, sobressaindo-se, em ordem decrescente de magnitude: $P_2 \times P_4$, $P_8 \times P_{10}$ e $P_1 \times P_3$.

Para a característica EST, pode-se inferir que as melhores combinações foram aquelas cujos valores de $\hat{\sigma}_{ij}$ revelaram-se positivos, refletindo em desvios de dominância negativos, quais sejam: $P_1 \times P_6$, $P_9 \times P_{10}$, $P_4 \times P_8$ e $P_1 \times P_9$, sendo que pelo menos um de seus genitores expressou valores positivos para a estimativa $\hat{\sigma}_i$.

Conclui-se, com base nas principais características avaliadas, que os híbridos superiores foram $P_1 \times P_3$, $P_2 \times P_9$ e $P_3 \times P_7$. Os três primeiros destacaram-se por suas elevadas estimativas de $\hat{\sigma}_{ij}$ para PE e RG, sendo que $P_1 \times P_3$ revelou a terceira maior magnitude positiva de $\hat{\sigma}_{ij}$ para CE. O híbrido $P_3 \times P_7$, apesar de expressar valor negativo de $\hat{\sigma}_{ij}$, essa magnitude não foi elevada; ademais, foi o híbrido que conteve o primeiro e segundo valores mais expressivos de $\hat{\sigma}_{ij}$ para RG e PE, respectivamente.

4.5.4. Estimativa da Heterose Relativa

Na Tabela 22 há as estimativas da heterose relativa de 14 características avaliadas, referente aos 45 híbridos obtidos por cruzamentos dialélicos entre dez linhagens.

Com relação à característica número médio de espigas (NE), idealizam-se híbridos com magnitudes positivas elevadas, denotando potencial para elevar a produção de espigas. Destacaram-se como promissoras, as combinações $P_1 \times P_3$, $P_1 \times P_6$ e $P_1 \times P_9$, com valores respectivos de: 87,5011; 96,2499; e 83,7231.

Para ED, híbridos com magnitudes negativas para heterose indicam contribuição para redução do número de espigas doentes. Assim, as combinações com melhor desempenho foram: $P_2 \times P_8$, $P_3 \times P_{10}$, $P_4 \times P_{10}$, $P_5 \times P_6$, $P_8 \times P_{10}$ e $P_9 \times P_{10}$. Com relação à EP, as combinações que expressaram os valores de heterose negativos mais elevados foram: $P_3 \times P_8$, $P_3 \times P_9$, $P_3 \times P_{10}$ e $P_4 \times P_5$.

No que se refere a característica peso médio de espigas (PE), pode-se inferir que as melhores combinações foram aquelas cujos valores de heterose revelaram-se positivos, quais sejam: $P_2 \times P_9$, $P_3 \times P_7$, $P_1 \times P_9$, $P_1 \times P_6$ e $P_1 \times P_3$. Relacionando-se PE e RG, destacaram-se os híbridos $P_3 \times P_7$, $P_1 \times P_9$, $P_1 \times P_6$ e $P_1 \times P_3$ como os mais promissores.

Para AP e AE, sobressaíram-se as combinações $P_5 \times P_6$ e $P_9 \times P_{10}$, com magnitudes negativas elevadas, denotando contribuição na redução do porte e altura de inserção de espiga nas plantas. Avaliando-se a característica número de dias para o florescimento (FLOR), é possível destacar alguns híbridos que expressaram efeito heterótico favorável, a saber: $P_2 \times P_8$, $P_2 \times P_6$, $P_1 \times P_8$ e $P_3 \times P_6$.

Com relação à CE, dentre as 45 combinações destacaram-se os híbridos $P_1 \times P_{10}$, $P_8 \times P_{10}$ e $P_5 \times P_6$ como os únicos a expressarem valores positivos para heterose. Este resultado denota que os genes aditivos atuam exclusivamente para aumentos da expressão da capacidade de expansão, refletindo em desvios de dominância negativos (Pereira e Amaral Júnior, 2001).

Quanto à PAC e PQ, pode-se inferir que as combinações mais interessantes foram aquelas com valor negativo elevado da heterose relativa.

Tabela 22 - Estimativa da heterose relativa para 14 características avaliadas nos 45 híbridos obtidos por cruzamento dialélico entre dez linhagens de milho pipoca, sem os recíprocos. Itaocara, RJ.

Efeitos ($\hat{\xi}_{ii}$ e $\hat{\xi}_{ij}$) ^{1/}	Características Avaliadas ^{2/}													
	NE	ED	EP	PE	RG	M100	AP	AE	FLOR	CE	PAC	PQ	EST	EMP
P1 x P2	64,2857	65,2015	36,3698	96,7512	133,1475	12,2037	26,1719	26,4920	-10,5691	-1,3676	0,0000	-28,3925	21,4949	-11,1333
P1 x P3	87,5011	-4,0076	-7,1466	176,9688	244,5613	20,4498	31,0221	27,6240	-9,5892	-0,0724	14,2734	7,6986	29,0643	-20,0359
P1 x P4	58,2831	-5,2731	8,3250	103,6997	174,2301	14,6649	17,9402	21,2680	-8,4928	-0,5813	0,0000	-48,5706	15,5958	-20,0359
P1 x P5	49,2063	73,9141	-11,9884	85,5139	115,7303	10,1244	19,5333	17,8530	-8,1967	-0,3647	25,0562	-54,0501	38,9481	-42,8755
P1 x P6	96,2499	51,9798	21,7425	147,6259	239,3070	10,4404	20,3994	18,7780	-7,9454	-2,7619	42,9061	-58,5336	57,5745	16,6500
P1 x P7	37,0662	76,9239	-3,9961	106,3227	189,0980	7,4667	19,0000	17,3840	-9,5892	-0,2801	-11,1333	-24,6707	27,4842	39,9520
P1 x P8	42,8593	0,0000	35,7119	114,2760	164,5160	26,7398	20,5471	18,8140	-11,4754	-1,0007	-80,0180	17,5054	12,5000	-7,7065
P1 x P9	83,7231	27,9817	49,9925	165,5147	294,7866	25,2626	27,3480	28,4630	-7,6084	-2,2752	0,0300	-41,7688	38,5406	-42,8755
P1 x P10	33,3333	44,8225	47,8283	79,3918	145,5717	14,1635	2,9379	15,5180	-7,6508	0,4779	-24,9812	60,5679	11,5399	-38,4863
P2 x P3	16,9486	-7,6958	-36,8387	59,7833	87,9432	-16,1552	6,0004	4,9959	-10,4974	-3,7185	14,2734	11,1133	-2,0072	33,3333
P2 x P4	14,6447	-0,0149	-29,4096	60,6939	96,0850	16,8555	3,9668	4,2297	-9,3919	-0,2249	-49,9624	-47,3710	-2,2727	100,0000
P2 x P5	-7,1705	-16,6750	-8,5719	18,7959	39,8814	-1,0900	4,1315	-1,0470	-7,9884	-0,6883	-49,9624	-1,0121	-8,4738	38,4721
P2 x P6	5,93260	76,9239	-33,3272	48,5455	70,4044	6,0921	5,8081	6,3402	-14,3643	-1,2060	-42,8204	-32,7109	11,8479	9,1107
P2 x P7	17,8082	-33,333	-31,4246	83,9515	118,1817	8,5337	8,2314	6,8585	-8,8400	-0,6048	11,1333	-27,4529	12,4438	-11,1333
P2 x P8	25,2168	-47,8280	-31,5806	53,2921	76,4705	10,2349	-9,5383	8,1504	-17,3553	-2,5298	-20,0120	4,7600	11,7643	-50,0000
P2 x P9	32,2583	-38,4560	-20,0000	84,9268	123,0611	11,4496	11,3890	15,6050	-7,9454	-0,7797	-20,0120	17,3046	5,8827	-23,0556
P2 x P10	5,83791	-33,3400	-39,4000	43,1565	67,0907	23,1532	5,3544	8,4905	-9,6413	-1,3075	-24,9812	12,5000	2,3622	16,6500
P3 x P4	24,6753	27,2702	-35,0033	61,3351	99,0263	8,1560	9,2597	10,5070	-9,4977	-1,0619	71,4530	-13,9254	0,3936	19,9760
P3 x P5	0,0000	38,4562	-26,8256	61,9435	84,7047	13,5716	7,4126	6,9371	0,0000	-1,7632	42,9061	-30,1163	11,1120	-14,2918
P3 x P6	34,2105	-21,4270	-7,69230	86,9953	131,5027	6,7898	9,8397	11,1760	-13,9675	-0,6250	33,3000	14,2847	13,0004	16,6500
P3 x P7	51,6585	-3,4447	-36,5871	137,1454	201,6251	14,1437	9,0126	12,7110	-9,4977	-1,4106	-0,0374	37,2148	22,3295	19,9760
P3 x P8	48,6486	-28,0050	-59,0890	105,7026	139,5143	9,9621	15,6718	14,7540	-9,7495	-2,6172	-11,1333	3,3708	19,8223	-23,0733

^{1/} P₁ = PR 023; P₂ = PR 024; P₃ = PR 036; P₄ = UEM J1; P₅ = PR 045-1; P₆ = PR 045-2; P₇ = PR 045-3; P₈ = PR 087-1; P₉ = PR 087-2; P₁₀ = PR 087-3.

^{2/} NE = número médio de espigas; ED = número médio de espigas doentes; EP = número médio de espigas com praga; PE = peso médio de espigas com grãos; RG = rendimento de grãos; M100 = massa média de 100 grãos; AP = altura média de planta; AE = altura média de inserção da primeira espiga; FLOR = número médio de dias para florescimento; CE = capacidade de expansão dos grãos; PAC = número médio de plantas acamadas; PQ = número médio de plantas quebradas; EST = estande final; e EMP = número médio de espigas mal empalhadas.

Continuação.

Efeito (\hat{S}_i e \hat{S}_j)	Características Avaliadas ^{2/}													
	NE	ED	EP	PE	RG	M100	AP	AE	FLOR	CE	PAC	PQ	EST	EMP
P3 x P9	26,6675	-14,2910	-61,1166	80,3624	132,2115	12,9965	8,7769	8,5833	-10,2498	-1,3118	-11,1333	13,6399	12,7757	-28,5622
P3 x P10	-3,7590	-75,0070	-58,9692	50,4347	76,8028	9,0855	3,1708	8,7171	-9,7495	-0,9523	-14,2734	40,0060	-8,6419	-23,0733
P4 x P5	10,7688	10,0045	-62,1665	58,1043	73,9815	13,3998	-6,4963	15,6150	-8,0782	-2,7190	-24,9812	-34,0878	12,5000	-42,8755
P4 x P6	40,2597	54,5404	-37,1389	78,5908	123,4152	14,8352	15,9633	19,1250	-6,1457	-1,0101	-14,2734	18,7500	7,9074	-33,3500
P4 x P7	46,7287	-4,3432	-18,9167	99,2505	158,7808	8,0772	15,2526	19,4960	-7,8217	-1,3665	-11,1333	-20,8782	26,6971	0,0000
P4 x P8	28,8880	5,2415	-44,9936	77,5365	113,8509	12,9663	16,4079	16,3490	-6,4069	-3,2178	-39,9939	-21,2778	5,7855	7,6603
P4 x P9	11,1111	-36,3785	-0,0093	77,9837	133,9021	18,7295	15,0837	23,2340	-5,2636	-0,9284	20,0120	-24,7290	3,3061	-28,5622
P4 x P10	10,7810	-76,9239	-25,7221	74,4623	106,8367	13,7058	3,5091	2,8437	-8,0782	-0,6731	-24,9812	-31,7615	3,1000	-38,4863
P5 x P6	-42,4110	-53,8479	-50,0000	-17,7898	-16,0521	1,0588	-7,0760	-7,5140	-4,1790	0,0209	14,2734	-41,9974	18,7172	24,9953
P5 x P7	3,3325	-11,1111	-47,3700	55,5355	79,2689	0,7471	5,4545	4,2348	-6,4069	-0,6527	-55,5333	-30,5248	5,7000	-28,5622
P5 x P8	2,7884	-30,4291	21,9520	47,7318	72,2627	5,0302	1,9581	-1,9020	-6,6666	-1,5219	-20,0120	-16,3227	0,0014	-29,4159
P5 x P9	20,4456	61,5322	-27,2700	53,0095	80,5649	-1,0316	5,8536	5,9566	-7,7345	-1,6873	-39,9939	-13,4011	1,8687	-55,5666
P5 x P10	-4,4074	13,3400	-33,3300	12,8039	27,5251	6,8081	3,3727	1,2855	-5,0000	-0,9391	25,0560	7,8675	-12,1720	-64,7079
P6 x P7	10,9010	3,4447	0,0000	69,2389	118,4126	4,4635	10,0020	13,6520	-8,9396	-0,6269	-25,0000	-8,7350	4,7607	-16,6500
P6 x P8	29,7297	3,9836	23,0760	38,0819	73,6248	5,1373	10,3110	11,8070	-8,0782	-0,740	-11,1300	-9,4331	16,4031	-60,0000
P6 x P9	23,6570	12,7890	23,9043	-13,8832	34,1126	7,9044	5,8856	8,9033	-6,4398	-0,8932	-12,8345	-9,3492	4,6752	-2,7985
P6 x P10	-1,5033	49,9953	70,5840	41,3779	60,0000	-0,2592	5,3591	7,9774	-9,1930	-0,5914	42,9060	-15,4609	-1,4619	-33,3200
P7 x P8	44,3899	76,9239	31,7130	81,6254	106,9257	2,9992	8,1474	9,9152	-9,1930	-1,1391	-27,2900	-40,5920	7,6923	53,8071
P7 x P9	19,2821	44,8225	100,0000	8,5834	8,6030	0,1676	7,0075	13,3620	-6,9257	-1,2145	-45,4500	-20,0010	10,7692	-57,1459
P7 x P10	0,4024	3,0363	16,6660	31,7585	61,6645	0,6875	7,2429	4,8469	-9,1930	-0,6535	11,1330	-6,5218	-9,0043	-7,7065
P8 x P9	6,8384	107,9913	-5,5500	26,1992	58,5751	1,6455	4,2643	9,1633	-9,3919	-1,0062	-33,3500	-22,3310	-2,7777	-29,4159
P8 x P10	-2,3088	-58,6221	-17,9500	60,9393	95,9672	-6,0830	6,1962	4,0912	-6,6666	0,0952	0,0300	-1,0484	-2,5849	0,0000
P9 x P10	-21,5830	-62,5011	3,2126	-5,8633	9,0693	-3,1654	0,1333	-1,9180	-8,2880	-1,2153	0,0300	2,1287	11,2073	-41,1681

^{1/} P₁ = PR 023; P₂ = PR 024; P₃ = PR 036; P₄ = UEM J1; P₅ = PR 045-1; P₆ = PR 045-2; P₇ = PR 045-3; P₈ = PR 087-1; P₉ = PR 087-2; P₁₀ = PR 087-3.

^{2/} NE = número médio de espigas; ED = número médio de espigas doentes; EP = número médio de espigas com praga; PE = peso médio de espigas com grãos; RG = rendimento de grãos; M100 = massa média de 100 grãos; AP = altura média de planta; AE = altura média de inserção da primeira espiga; FLOR = número médio de dias para florescimento; CE = capacidade de expansão dos grãos; PAC = número médio de plantas acamadas; PQ = número médio de plantas quebradas; EST = estande final; e EMP = número médio de espigas mal empalhadas.

Sobressaíram-se os híbridos: $P_2 \times P_4$, $P_1 \times P_7$, $P_2 \times P_6$, $P_4 \times P_5$ e $P_5 \times P_7$. Para a característica estande (EST), os híbridos que expressaram os mais elevados valores para heterose relativa foram $P_1 \times P_6$ e $P_1 \times P_5$.

Dentre as combinações expressivas para a característica rendimento de grãos e peso de espigas (RG e PE), o híbrido $P_1 \times P_3$ revelou a magnitude de heterose relativa menos negativa para CE (-0,0724).

4.6. Análise Dialélica Conjunta de Griffing (1956)

4.6.1. Análise de Variância para Capacidade de Combinação

A Tabela 23 contém as estimativas dos quadrados médios para Genótipos, desdobradas em capacidade geral de combinação (CGC) e capacidade específica de combinação (CEC), bem como suas respectivas interações com os ambientes, para 14 características avaliadas no esquema de cruzamentos dialélicos completo, sem os recíprocos entre dez linhagens de milho pipoca.

Com base nos quadrados médios da fonte de variação Genótipo, observou-se significância em 1% de probabilidade para as características NE, PE, RG, M100, AE, CE e EST, e em 5% para PAC e PQ. Pode-se concluir que as características de maior interesse para programas de melhoramento apresentaram variabilidade genética entre os componentes do dialelo, o que torna possível a seleção de híbridos promissores.

A respeito das fontes de variação CGC e CEC, não se constataram significâncias para as características ED, EP, FLOR e EMP, revelando que não houve variabilidade resultante dos efeitos genéticos aditivos e não-aditivos. Entretanto, para a fonte de variação CGC, houve significância para as características PE, M100, RG, AE, CE, PQ e EST em 1% de probabilidade, pelo teste F, sendo que as características NE e AP foram significativas em 5% de probabilidade. Constatou-

Tabela 23 - Estimativas dos quadrados médios de genótipos de milho pipoca (genitores e F_{1's}), desdobradas em capacidades geral e específica de combinação (CGC e CEC), suas interações com os ambientes, além do resíduo, para 14 características avaliadas em dialelo completo sem os recíprocos entre dez linhagens. Campos dos Goytacazes e Itaocara, RJ.

FV	GL	Quadrados Médios ^{1/}				
		NE	ED	EP	PE	RG
Genótipos	54	420,9180 **	41,2635 n.s.	13,0164 n.s.	3747689,2513 **	3294180,7117 **
CGC	9	697,4843 *	68,4809 n.s.	7,0640 n.s.	10371661,2877 **	8013432,6797 **
CEC	45	365,6047 **	35,8200 n.s.	14,2069 n.s.	2422894,8440 **	2350330,3180 **
Ambientes (A)	1	12648,0160**	6891,0902**	105,9672 **	11141222,7024 **	7015604,6163 **
G x A	54	200,6818 **	31,8623 **	15,1767 **	562129,4746 **	457732,6748 **
CGC X A	9	244,1763 **	44,8155 **	20,3310 **	801854,2701 **	608957,1177 **
CEC X A	45	191,9829 **	29,2716 **	14,1458 **	514184,5155 **	427487,7862 **
Resíduo	216	81,4100	15,4400	6,5850	110298,1867	83668,8350

^{1/} NE = número médio de espigas; ED = número médio de espigas doentes; EP = número médio de espigas com praga; PE = peso médio de espigas com grãos; e RG = rendimento de grãos.

^{n.s.} = Não significativo em nível de 0,05;

** = Significativo em nível de 0,01; e

* = Significativo em nível de 0,05.

Continuação.

FV	GL	Quadrados Médios ^{1/}				
		M100	AP	AE	FLOR	CE
Genótipos	54	17,2339 **	0,2700 ^{n.s.}	0,1159 **	136,5216 ^{n.s.}	5,9008 **
CGC	9	63,8007 **	0,4680 *	0,2665 **	57,9932 ^{n.s.}	31,7997 **
CEC	45	7,9205 ^{n.s.}	0,2304 ^{n.s.}	0,0858 ^{n.s.}	152,2273 ^{n.s.}	0,7211 **
Ambientes (A)	1	789,8722 **	14,8972 **	2,1866 **	84,5128 **	0,0318 **
G x A	54	5,9441 **	0,1764 **	0,0596 **	112,8331 **	0,0941 ^{n.s.}
CGC X A	9	7,1924 **	0,1415 **	0,0494 **	121,8589 **	0,0700 ^{n.s.}
CEC X A	45	5,6944 **	0,1833 **	0,0616 **	111,0280 **	0,0989 ^{n.s.}
Resíduo	216	0,4750	0,0250	0,0080	4,5100	0,3514

^{1/} M100 = massa média de 100 grãos; AP = altura média de planta; AE = altura média de inserção da espiga; Flor = número médio de dias para florescimento; e CE = capacidade de expansão.

^{n.s.} = Não significativo em nível de 0,05;

** = Significativo em nível de 0,01; e

* = Significativo em nível de 0,05.

Continuação.

FV	GL	Quadrados Médios ^{1/}			
		PAC	PQ	EST	EMP
Genótipos	54	0,6300 *	55,6792 *	201,7857 **	1,6472 ^{n.s.}
CGC	9	0,3278 ^{n.s.}	152,9445 **	626,3930 **	2,1722 ^{n.s.}
CEC	45	0,6904 **	36,2262 ^{n.s.}	116,8642 ^{n.s.}	1,5423 ^{n.s.}
Ambientes (A)	1	1,3362 ^{n.s.}	2922,1933 ^{n.s.}	3097,3320 **	16,5943 ^{n.s.}
G x A	54	0,3858 ^{n.s.}	35,1014 *	91,5278 **	1,1557 ^{n.s.}
CGC X A	9	0,6660 ^{n.s.}	25,2846 ^{n.s.}	107,7527 **	2,0364 *
CEC X A	45	0,3297 ^{n.s.}	37,0648 ^{n.s.}	88,2828 **	0,9796 ^{n.s.}
Resíduo	216	0,4750	23,4750	35,0500	1,0000

^{1/} PAC = número médio de plantas acamadas; PQ = número médio de plantas quebradas; EST = estande final; e EMP = número médio de espigas mal empalhadas.

^{n.s.} = Não significativo em nível de 0,05;

** = Significativo em nível de 0,01; e

* = Significativo em nível de 0,05.

se ainda significâncias dos quadrados médios para as características NE, PE, RG, CE e PAC em relação à CEC, em 1% de probabilidade. Para a fonte de variação ambiente, apenas as características PAC, PQ e EMP não se observou significância em 5 e 1% de probabilidade.

Em decorrência, torna-se possível antever a possibilidade de obtenção de híbridos simples, oriundos da combinação advinda de genitores promissores e da formação de compostos a partir de linhagens superiores para o Norte e Noroeste Fluminense.

Com relação à interação Genótipo x Ambiente, detectou-se significância para a maioria das características avaliadas, demonstrando que se tratam de genótipos que sofreram influência ambiental. Apenas as características PAC, EMP e CE não foram significativas em 5% de probabilidade, enquanto PQ foi a única característica que exibiu significância nesse nível de probabilidade pelo teste F.

Pela análise conjunta das interações CGC x A e CEC x A, constata-se que as mesmas características exibiram significância em 1% de probabilidade pelo teste F, quais sejam: NE, ED, EP, PE, RG, M100, AP, AE, FLOR e EST. Outra concordância é que CE e PAC não expressaram significância em 5% de probabilidade para CGC x A e CEC x A. As únicas concordâncias ocorreram com PQ e EMP, sendo a primeira com significância apenas para CEC x A e EMP, para CGC x A.

O expressivo *quantum* de características com significância para G x A não pode ser atribuído apenas às diferenças de comportamento dos híbridos ou das linhagens, já que houve elevada parença nas significâncias em dez das quatorze características avaliadas.

A detecção de significância na interação G x A para a maioria das características não constitui entrave para recomendação de híbridos para ambas as regiões, uma vez que $P_1 \times P_3$ e $P_3 \times P_7$ foram superiores para os dois ambientes avaliados. Ademais, a linhagem P_2 teve bom comportamento para os dois ambientes, o que possibilita inferir que alguma combinação que ela participou poderá também ter potencial para futuro lançamento. De fato, $P_2 \times P_4$ sobressaiu-se ao expressar 3.666,67 kg. ha⁻¹ e 33,22 mL.g⁻¹.

4.6.2. Estimativas dos Efeitos Médios da Capacidade Geral de Combinação

Os resultados referentes às estimativas dos efeitos médios da capacidade geral de combinação de dez genitores de milho pipoca, para dois ambientes, com relação a 14 características avaliadas em esquema de dialelo completo, sem os recíprocos, estão presentes na Tabela 24.

As linhagens P_2 , P_3 , P_4 e P_9 expressaram valores positivos de \hat{g}_i , indicando que estes genótipos contribuem para o incremento no número de espigas, culminando no aumento da produção. O genitor P_3 foi o que se destacou, com efeito médio de \hat{g}_i mais elevado (6,7670). Os piores genitores foram P_6 e P_7 , com valores negativos elevados. Para a característica ED, em que o desejável é o efeito médio de \hat{g}_i negativo, as linhagens P_2 , P_3 , P_4 e P_{10} expressaram bons resultados, em especial P_4 , com estimativa de -1,7610. Quanto à característica EP, destacaram-se os genitores P_1 , P_4 , P_6 , P_8 e P_{10} , com valores negativos de \hat{g}_i .

A avaliação conjunta de ED e EP revelou as linhagens P_4 e P_{10} com superioridade para sanidade da espiga, portanto, de interesse para redução de espigas com doenças e pragas em programas de melhoramento.

Os resultados dos efeitos médios de \hat{g}_i destacaram a potencialidade das linhagens P_2 , P_3 e P_4 tanto para aumento no peso das espigas quanto para rendimento de grãos, respectivamente PE e RG. As estimativas positivas de \hat{g}_i médio para P_2 , P_3 e P_4 não causam estranheza, uma vez que foram as de melhor comportamento em ambos os ambientes avaliados.

Pelo exposto, as linhagens P_2 , P_3 e P_4 são de elevado interesse para incrementos em parte das características economicamente mais importantes para o milho pipoca, indicando que tendem a proporcionar boa complementação gênica nos cruzamentos em que participem.

Quanto a M100, os genitores P_2 , P_3 , P_4 e P_{10} revelaram valores positivos para o efeito médio de \hat{g}_i . Destacou-se o genitor P_4 por conter a maior magnitude (1,6880). Para a característica AP, é favorável que os genitores revelem valores negativos para o efeito médio de \hat{g}_i , indicando que estes contribuirão positivamente

Tabela 24 - Estimativas dos efeitos médios da capacidade geral de combinação (\hat{g}_i) para 14 características avaliadas em dez genitores de milho pipoca em esquema de dialelo completo em dois ambientes, sem os recíprocos. Campos dos Goytacazes e Itaocara, RJ.

Genitores ^{1/}	Características Avaliadas ^{2/}						
	NE	ED	EP	PE	RG	M100	AP
P1	-2,8030	1,4610	-0,2940	-254,4000	-216,2670	-1,2910	-0,1400
P2	2,7110	-0,1080	0,2750	458,8610	405,2610	0,9430	0,1080
P3	6,7670	-0,9280	0,0250	568,3750	513,5390	0,8000	-0,0200
P4	1,0170	-1,7610	-0,1140	576,9860	484,2890	1,6880	0,1160
P5	0,4890	0,6830	0,2060	-171,2700	-132,1690	-0,0460	0,0190
P6	-3,0670	0,4470	-0,3360	-373,0100	-335,2250	-1,0550	-0,0890
P7	-3,7190	-0,3170	0,2750	-259,8800	-232,9190	-0,4690	-0,0370
P8	-0,1360	1,0170	0,4970	-59,1940	-34,7390	0,0170	0,0570
P9	0,0310	0,2670	-0,4750	-303,9800	-276,1970	-0,7530	-0,0210
P10	-1,2890	-0,7610	-0,0580	-182,4500	-175,5720	0,1670	0,0070

^{1/} P₁ = PR 023; P₂ = PR 024; P₃ = PR 036; P₄ = UEM J1; P₅ = PR 045-1; P₆ = PR 045-2; P₇ = PR 045-3; P₈ = PR 087-1; P₉ = PR 087-2; P₁₀ = PR 087-3.

^{2/} NE = número médio de espigas; ED = número médio de espigas doentes; EP = número médio de espigas com pragas; PE = peso médio de espigas com grãos; RG = rendimento de grãos; M100 = massa média de 100 grãos; e AP = altura média de planta.

Continuação.

Genitores ^{1/}	Características Avaliadas ^{2/}						
	AE	FLOR	CE	PAC	PQ	EST	EMP
P1	-0,1250	1,2940	-0,2460	0,1580	-2,6190	-0,4310	-0,1140
P2	0,0420	-0,2060	0,5350	-0,0640	1,6030	3,6390	0,3580
P3	0,0220	-0,4140	-0,6280	-0,0640	0,4920	3,7220	-0,0310
P4	0,0980	-0,3860	-0,3650	0,0060	-2,4390	4,1670	-0,2670
P5	0,0180	1,1420	-0,6910	-0,0500	-0,1470	-0,7920	0,0670
P6	-0,0320	-1,1640	-0,4610	-0,0220	0,1580	-3,6250	0,1080
P7	-0,0510	0,2940	-0,5450	-0,0080	-0,0640	-4,0420	-0,0720
P8	0,0430	0,6970	1,0990	0,0470	0,8940	0,0140	0,0390
P9	-0,0110	-1,4000	0,4800	-0,0360	0,6170	-1,4580	-0,1690
P10	-0,0040	0,1420	0,8220	0,0330	1,5060	-1,1940	0,0810

^{1/} P₁ = PR 023; P₂ = PR 024; P₃ = PR 036; P₄ = UEM J1; P₅ = PR 045-1; P₆ = PR 045-2; P₇ = PR 045-3; P₈ = PR 087-1; P₉ = PR 087-2; P₁₀ = PR 087-3.

^{2/} AE = altura média de inserção da primeira espiga; FLOR = número médio de dias para florescimento; CE = capacidade de expansão dos grãos; PAC = número médio de plantas acamadas; PQ = número médio de plantas quebradas; EST = estande final e EMP = número médio de espigas mal empalhadas.

para a redução do porte das plantas, o que é de interesse em decorrência dos fortes ventos que são comuns ocorrer na época de cultivo do milho em Campos dos Goytacazes e em Itaocara. Por conseguinte, destacaram-se os genitores P₁, P₃, P₆, P₇ e P₉.

Os efeitos médios de \hat{g}_i para AE revelaram que os genitores P₁, P₆, P₇ e P₉ tendem a proporcionar boa acumulação gênica para redução da altura de espiga. Na concepção de Ji *et al.* (2006), a altura de inserção de espiga é uma das características de maior importância em programas de seleção com *Zea mays*, uma vez que está diretamente vinculada ao acamamento, sobretudo do milho pipoca em relação ao milho comum, por ser mais frágil que o milho comum.

Em relação à CE, as estimativas dos efeitos médios de \hat{g}_i revelaram P₂, P₈, P₉ e P₁₀ como pretensas linhagens com capacidade para síntese de híbridos superiores, sobretudo P₈, por deter a magnitude média positiva mais elevada de \hat{g}_i . Esses resultados são consonantes *ipsis litteris* com as performances individuais dessas linhagens nos ambientes particulares, sendo convergentes até mesmo com a ordem hierárquica decrescente para os valores de \hat{g}_i , a saber: P₈, P₁₀, P₂ e P₉. A constância comportamental dessas linhagens, inobstante a oligogenia atribuída a CE, pressupõe-se sê-las de interesse para a síntese de híbridos com comportamentos regulares para capacidade de expansão nos ambientes avaliados. Todavia, essa hipótese tornar-se-á assertiva se corroborada pela análise dos híbridos e por novas avaliações dos híbridos e linhagens em épocas distintas.

No que se refere à PAC, destacaram-se as linhagens P₁, P₄, P₅ e P₇, por revelarem contribuição para redução do *quantum* de plantas acamadas, ao exibirem magnitudes negativas do efeito médio de \hat{g}_i . Dentre as melhores linhagens destacaram-se P₁ e P₄, com magnitudes respectivas de \hat{g}_i médio de -2,6190 e -2,4390.

No que tange a PAC, apesar da ocorrência de valores negativos, esses não foram suficientemente discrepantes para \hat{g}_i médio, a ponto de permitir a eleição de linhagens, denotando que a média dos híbridos não tenderão a diferir muito da média geral do dialelo.

A análise unificada das características PQ, EST e EMP revela que os melhores desempenhos para plantas quebradas foram expressos por P₁ e P₄; enquanto para

estande, sobressaíram-se P_2 , P_3 e P_4 ; por sua vez, P_1 , P_4 e P_9 foram os mais interessantes para EMP. Em comum, P_4 expressa boa acumulação gênica para redução de plantas quebradas, espigas mal empalhadas e de aumento do estande, com expectativa de boa complementação gênica nos cruzamentos em que participe para proporcionar ganhos desejados nas referidas características.

Por todo o exposto, conclui-se que a linhagem P_2 é de interesse para síntese de híbridos promissores para o Norte e Noroeste Fluminense.

4.6.3. Estimativas dos Efeitos Médios da Capacidade Específica de Combinação

A Tabela 25 contém as estimativas dos efeitos médios da capacidade específica de combinação ($\hat{\sigma}_{ij}$ e $\hat{\sigma}_{ji}$) para 14 características avaliadas em dialelo completo, sem os recíprocos, em milho pipoca.

A capacidade específica de combinação (CEC) refere-se ao desvio de um cruzamento específico em relação aos cruzamentos em geral de seus genitores.

O efeito da CEC está associado aos híbridos obtidos, bem como a efeitos genéticos não-aditivos, sendo a melhor combinação híbrida aquela que exhibe melhor complementação alélica, ou seja, maiores magnitudes, sejam positivas ou negativas de $\hat{\sigma}_{ij}$. Desse modo, a CEC pode ser estimada pela comparação do desempenho de uma combinação híbrida específica com a média de seus genitores.

Em outras palavras, o efeito da CEC ($\hat{\sigma}_{ij}$) é interpretado como o desvio de um híbrido em relação ao que seria esperado com base na capacidade geral de combinação de seus genitores. Assim, altos valores para $\hat{\sigma}_{ij}$, sejam positivos ou negativos, denotam que o comportamento de um híbrido particular é relativamente melhor ou pior do que o esperado com base na CGC dos genitores, ao passo que baixos valores absolutos de $\hat{\sigma}_{ij}$ demonstram que os híbridos F_{1s} comportaram-se como o esperado com base na CGC dos genitores (Cruz *et al.*, 2004).

O método 2, de Griffing (1956), apesar de menos parametrizado, é praticamente tão eficiente quanto o modelo de Gardner e Ebehart (1966). Isso se deve não apenas à estimativa de \hat{g}_i ser função linear do efeito de variedade (\hat{V}_i), já que $\hat{g}_i =$

Tabela 25 - Estimativas dos efeitos da capacidade específica de combinação ($\hat{\sigma}_{ii}$ e $\hat{\sigma}_{ij}$) para 14 características avaliadas em dialelo completo com dez linhagens genitoras sem os recíprocos em milho pipoca. Campos dos Goytacazes e Itaocara, RJ.

Efeitos ($\hat{\sigma}_{ii}$ e $\hat{\sigma}_{ij}$) ^{1/}	Características Avaliadas ^{2/}													
	NE	ED	EP	PE	RG	M100	AP	AE	FLOR	CE	PAC	PQ	EST	EMP
P1 x P1	-20,6000	-4,4100	0,6740	-1324,0000	-1247,0000	-1,9400	-0,3990	-0,2040	4,0720	0,1810	-0,2170	2,7780	-13,5000	-0,0300
P1 x P2	2,8370	0,3230	0,7710	250,6700	231,4400	-0,0380	0,1260	0,0420	-1,2600	-0,1570	0,0060	-2,1110	2,5010	-0,1690
P1 x P3	10,6100	2,1420	0,0210	931,1600	651,4900	0,8340	0,1410	0,0800	-2,2200	0,2870	0,1720	-0,3330	1,7510	0,2200
P1 x P4	0,3650	-0,5240	0,8270	262,5500	260,7400	0,4100	-0,0220	-0,0120	-7,0800	0,1950	-0,0640	-0,7360	0,4730	-0,5440
P1 x P5	4,8930	1,5310	-0,4930	219,1500	353,8700	-0,1460	0,0660	0,0090	-0,1090	0,0830	0,8250	-3,1940	3,0980	-0,7100
P1 x P6	4,2820	2,7670	-1,4500	210,0500	153,5900	0,2820	0,1290	0,0620	2,8630	-0,6980	0,2970	-2,6660	4,7650	0,5810
P1 x P7	-1,0600	-0,4690	-1,8900	-390,5000	-362,0000	-0,2010	-0,0440	-0,0410	0,0720	0,0700	-0,2170	-1,1110	0,5150	0,4290
P1 x P8	0,1840	0,5310	0,8820	89,5670	44,7750	0,4110	0,1150	0,0320	-3,3300	-0,0070	-0,6060	4,7640	2,1260	0,1510
P1 x P9	10,1800	0,6150	0,0210	592,6900	671,2300	1,1930	0,1550	0,1010	0,1000	-0,4380	-0,0220	-3,9580	8,4310	0,1920
P1 x P10	4,1700	1,4760	-0,3960	176,1600	222,2700	-0,1250	-0,0970	0,0020	-2,7700	0,3030	-0,0920	2,1530	0,1670	-0,2240
P2 x P2	-10,6000	-0,2740	0,7010	-1359,0000	-1385,0000	-1,0200	-0,2100	-0,1670	5,5720	0,4920	0,0610	0,5010	-2,4000	-0,6410
P2 x P3	-1,3900	-0,7880	-0,8820	-100,4000	-18,3600	-1,8900	-0,0120	-0,0370	-1,5500	-0,7610	0,0610	3,7780	-1,8100	-0,0850
P2 x P4	-3,9800	0,0450	-1,7400	478,4500	409,2200	0,1510	-0,0500	-0,0660	-0,9140	0,2920	-0,3420	-3,1250	-5,4300	0,3170
P2 x P5	-1,9500	1,1010	1,9380	-17,4400	46,5110	-0,7500	0,0110	-0,0150	-2,9400	0,0850	-0,2860	-0,4160	-2,4700	0,8170
P2 x P6	0,6010	2,0040	2,8130	172,6200	177,0600	0,5350	0,1070	0,0530	-3,3000	-0,0620	-0,1470	-3,0550	4,1950	0,6090
P2 x P7	1,5870	0,2670	0,0350	300,3300	313,9200	0,5420	-0,0230	-0,0160	-2,5900	0,1220	0,3390	-2,6660	1,6120	-0,2100
P2 x P8	-0,3300	-3,0600	-2,1800	26,3030	83,2470	0,0660	-0,2080	-0,0090	-3,3300	-0,3380	-0,0500	-0,4580	1,7230	-0,4880
P2 x P9	9,1700	-0,8160	-1,3800	915,2600	908,0300	1,1790	0,1880	0,1650	0,9330	-0,0360	0,3670	4,6530	0,8620	-0,2800
P2 x P10	9,9900	1,0450	-1,1300	385,4000	352,4100	0,9830	0,0520	0,0830	-1,7700	-0,1280	-0,2030	0,7640	0,2650	0,6370
P3 x P3	-16,6000	-1,3000	3,0350	-1661,0000	-1579,0000	-0,8310	-0,1950	-0,1200	5,8220	0,5850	0,0610	-1,4440	-4,5600	-0,5300
P3 x P4	-1,8700	1,5310	-0,8260	-131,8000	-77,3900	-0,4490	-0,0220	-0,0260	-1,8700	0,0720	0,4920	-0,5130	-3,0100	0,3730
P3 x P5	3,1570	-0,7460	-1,3100	83,0390	64,0670	0,0500	-0,0310	-0,0280	-2,5600	-0,3180	0,0470	-3,6380	1,2790	0,3730
P3 x P6	7,0450	-1,5100	-0,6040	467,2700	472,1200	-0,0980	0,0830	0,0690	0,4050	0,1350	-0,1470	2,3890	-0,0550	-0,0020
P3 x P7	9,5320	3,2540	0,1180	1038,3000	1014,1000	0,8860	-0,0210	0,0180	-2,7200	-0,1390	-0,1610	-0,3880	5,3620	0,5120
P3 x P8	3,9480	-0,4130	-0,2710	253,4500	194,9700	-0,1420	0,0190	-0,0290	-3,1200	-0,3920	-0,2170	-1,0130	1,8060	-0,4330

^{1/} P₁ = PR 023; P₂ = PR 024; P₃ = PR 036; P₄ = UEM J1; P₅ = PR 045-1; P₆ = PR 045-2; P₇ = PR 045-3; P₈ = PR 087-1; P₉ = PR 087-2; P₁₀ = PR 087-3.

^{2/} NE = número médio de espigas; ED = número médio de espigas doentes; EP = número médio de espigas com praga; PE = peso médio de espigas com grãos; RG = rendimento de grãos; M100 = massa de 100 grãos; AP = altura média de planta; AE = altura média de inserção da primeira espiga; FLOR = número de dias para florescimento; CE = capacidade de expansão dos grãos; PAC = número médio de plantas acamadas; PQ = número médio de plantas quebradas; EST = estande final; e EMP = número médio de espigas mal empalhadas.

Continuação.

Efeitos (\hat{S}_{ii} e \hat{S}_{ij}) ^{1/}	Características Avaliadas ^{2/}													
	NE	ED	EP	PE	RG	M100	AP	AE	FLOR	CE	PAC	PQ	EST	EMP
P3 x P9	3,4480	-1,3300	-0,1320	299,0810	379,7610	0,7830	0,0300	0,0310	-1,0200	-0,0220	-0,1330	-0,4020	2,7790	0,1090
P3 x P10	-6,0660	0,0310	-2,5480	175,8860	212,4700	0,4150	-0,0260	0,0290	-2,5600	-0,0310	-0,3690	1,3760	-2,3100	-0,1410
P4 x P4	-7,6210	-1,1350	1,8130	-1523,8000	-1593,9000	-1,9400	-0,2020	-0,1760	5,4330	0,3350	0,2560	3,2510	-3,1200	0,2760
P4 x P5	2,9070	0,7540	-2,0070	247,7610	230,8170	0,0600	-0,1700	0,0560	-1,7600	-0,1480	-0,3560	-0,8740	1,5010	-0,2240
P4 x P6	7,2950	1,6560	0,0350	385,3310	443,0390	0,8040	0,1960	0,0830	-3,7800	-0,1540	-0,0500	2,8200	0,8340	-0,2660
P4 x P7	8,2820	1,4200	0,5900	428,8720	484,0670	-0,1310	0,0740	0,0580	-2,2400	-0,1430	-0,0640	-1,1240	6,7510	-0,4190
P4 x P8	-1,4680	-2,2460	-1,1320	390,6780	369,2200	0,1860	0,0870	0,0330	0,8490	-0,7050	-0,2860	-1,0830	-0,4710	0,1370
P4 x P9	-1,6350	0,0040	1,0070	377,9700	503,1780	1,1910	0,1380	0,1310	2,4470	-0,0520	0,2970	-2,3050	0,0010	0,0120
P4 x P10	0,5180	-0,8020	-0,7430	300,6080	298,3860	0,3990	-0,0560	-0,0390	-2,0900	-0,0280	-0,2720	-1,1940	2,2370	-0,0710
P5 x P5	-1,5660	-2,5240	2,3400	-222,3000	-304,3900	-0,2520	-0,0070	-0,0220	2,8770	0,4880	0,2000	1,6670	-4,2000	0,1090
P5 x P6	-15,8400	-4,9550	-0,4510	-798,9000	-771,3300	-0,0780	-0,1260	-0,1000	1,8490	0,1810	0,1720	-0,4720	-0,7080	0,7340
P5 x P7	-3,5240	-0,0240	-2,8960	-186,1900	-144,4700	-0,5040	-0,0600	-0,0130	-1,2700	-0,0550	-0,6750	1,9170	-1,2900	-0,0850
P5 x P8	-2,1070	-2,8580	0,5490	58,9420	110,6780	-0,0900	-0,1290	-0,0820	-1,3400	-0,1620	-0,2310	0,4590	1,4870	0,1370
P5 x P9	7,8930	5,8920	-0,3120	471,2330	365,4700	0,3160	0,1230	0,0410	-2,0800	-0,3900	-0,3140	-0,9300	2,2920	-0,4880
P5 x P10	2,8790	3,9200	-0,0620	59,7060	86,5110	0,3680	0,1010	0,0430	-1,1200	-0,2520	0,2830	2,1810	-0,1380	-0,9050
P6 x P6	5,5450	3,6150	0,9240	-172,1600	-236,6100	0,8980	0,0020	-0,0340	8,6550	0,2170	-0,0220	0,2230	-0,0410	0,1920
P6 x P7	-5,8020	-0,7880	-0,8540	371,3720	378,5810	0,3210	0,0610	0,0890	-1,4700	-0,0150	0,1310	1,6120	-2,2900	0,2060
P6 x P8	-2,8850	-1,6220	-0,2430	204,8450	218,7330	0,5050	0,1810	0,1770	3,4610	0,1580	0,2420	2,1530	-0,1800	-1,2300
P6 x P9	-13,3800	-5,3710	-3,4370	-1110,3000	-906,4700	-5,5900	-0,9860	-0,5620	-24,2000	0,0930	-0,8420	-4,5690	-13,0000	-1,0300
P6 x P10	2,7680	0,1560	1,9790	134,7750	41,2330	0,2540	0,1210	0,0650	1,3490	-0,0720	0,2560	-0,2910	3,1950	-0,1130
P7 x P7	-6,1490	0,4760	1,5350	-749,2500	-777,8900	-0,6740	-0,1510	-0,1210	4,2380	0,1860	0,2830	1,6670	-3,5400	-0,6130
P7 x P8	10,6010	0,4760	-0,3540	113,3860	66,4280	-0,3280	-0,0170	-0,0290	-3,6600	0,0420	0,3940	-2,7910	2,5700	0,9420
P7 x P9	-4,8990	-4,1080	1,7850	-455,1500	-498,7800	-0,3270	0,0610	0,0450	2,9330	-0,1390	-0,3560	-1,1800	-2,7900	-0,3490
P7 x P10	-7,2460	-1,4130	0,0350	-29,1830	37,2610	-0,1870	0,0410	-0,0030	-3,1000	-0,1150	-0,0920	0,7640	-6,7200	0,0670
P8 x P8	-1,3160	2,6420	1,2570	-611,4700	-664,2500	-0,3910	-0,0930	-0,0940	3,4330	0,6310	0,3390	-0,5830	-0,3190	-0,0020
P8 x P9	-3,6490	4,0590	0,3960	-250,0100	-131,9600	0,0940	0,0460	0,0200	0,6970	-0,1160	-0,2440	-0,9720	-6,8400	0,3730
P8 x P10	-6,4960	-0,5800	-0,5210	28,4560	105,7470	-1,1900	-0,1380	-0,0590	-2,6700	0,2580	0,1860	-1,5270	-4,9400	0,2900
P9 x P9	-0,1490	0,9760	-0,2980	-304,3900	-553,0000	0,4560	0,0140	-0,0300	7,4610	0,7860	0,5060	3,4730	2,6260	0,5810
P9 x P10	-11,6600	-1,3300	2,2850	-539,2500	-451,1200	-1,0200	-0,0130	-0,0450	-0,2480	-0,4730	0,1030	1,0840	-0,3050	0,1650
P10 x P10	3,1570	-1,4690	0,3680	-499,9400	-585,9190	-0,5830	-0,1070	-0,1050	4,7110	0,2690	0,0330	-3,4720	2,5980	0,0810

^{1/} P₁ = PR 023; P₂ = PR 024; P₃ = PR 036; P₄ = UEM J1; P₅ = PR 045-1; P₆ = PR 045-2; P₇ = PR 045-3; P₈ = PR 087-1; P₉ = PR 087-2; P₁₀ = PR 087-3.

^{2/} NE = número médio de espigas; ED = número médio de espigas doentes; EP = número médio de espigas com praga; PE = peso médio de espigas com grãos; RG = rendimento de grãos; M100 = massa de 100 grãos; AP = altura média de planta; AE = altura média de inserção da primeira espiga; FLOR = número de dias para florescimento; CE = capacidade de expansão dos grãos; PAC = número médio de plantas acamadas; PQ = número médio de plantas quebradas; EST = estande final; e EMP = número médio de espigas mal empalhadas.

$\frac{1}{2} \hat{V}_i + \hat{h}_i$, mas sobretudo, às informações contidas nos efeitos de \hat{s}_{ij} . Nesse contexto, a magnitude de \hat{s}_{ij} é indicativo da existência de heterose varietal, uma vez que quanto maior o valor de \hat{s}_{ij} mais distante estará o genitor “i” da frequência média dos demais genitores inclusos no dialelo; com isto, tem-se maior divergência entre este genitor e os demais parentais e, conseqüentemente, maior será o efeito da heterose varietal nos híbridos oriundo do genitor “i” (Cruz *et al.*, 2004).

Outrossim, o sinal de \hat{s}_{ij} indica a existência, ou não, de dominância unidirecional, do que decorre: a) se \hat{s}_{ij} for negativo, os desvios de dominância serão positivos e, nesse caso, os genes dominantes contribuem para aumentos na expressão da característica; e b) se os sinais forem negativos e positivos, haverá expressão de dominância bidirecional (Cruz e Vencovsky, 1989; Cruz *et al.*, 2004).

De forma sumarizada, no que se referem às estimativas dos efeitos de \hat{s}_{ij} , conclui-se que: a) excetuando-se o genitor 6 para RG, os sinais negativos indicam que houve dominância unidirecional no sentido dos genes dominantes contribuir para aumentos na produção de espigas e rendimento de grãos; b) dominância unidirecional também ocorreu para CE, porém com os genes dominantes contribuindo para redução da expressão; c) heteroses positivas tenderão a ser supremacia nas combinações dialélicas para PE e RG, ao contrário de CE; e d) os elevados valores para PE e RG, ao contrário de CE, denotam que os genitores são mais divergentes quanto às características produção de espigas e rendimento de grãos do que em relação à capacidade de expansão.

A característica número de espiga (NE) revelou as combinações $P_1 \times P_3$, $P_1 \times P_9$, $P_2 \times P_{10}$ e $P_7 \times P_8$ com os melhores resultados, por apresentarem os valores positivos mais elevados de \hat{s}_{ij} . Dentre essas combinações, $P_7 \times P_8$ não era esperado despontar-se, uma vez que sequer um de seus genitores conteve valor positivo de \hat{g}_i médio, mostrando que o híbrido $P_7 \times P_8$ é melhor do que esperado com base na CGC parental.

Para a característica ED, as melhores combinações foram $P_2 \times P_8$, $P_5 \times P_6$, $P_6 \times P_9$ e $P_7 \times P_9$, por expressarem valores positivos elevados para a estimativa \hat{s}_{ij} . No entanto, apenas as combinações $P_7 \times P_9$ e $P_2 \times P_8$ possuem pelo

menos um dos genitores com valores desejáveis para a estimativa do efeito médio de \hat{g}_i .

Referindo-se a EP, destacaram-se as combinações $P_2 \times P_8$, $P_4 \times P_5$, $P_5 \times P_7$ e $P_6 \times P_9$, com as estimativas mais elevadas para \hat{s}_{ij} . Entretanto, de acordo com as estimativas do efeito médio de \hat{g}_i , apenas os genitores P_1 , P_4 , P_6 , P_9 e P_{10} foram superiores, pois apresentaram valores negativos elevados. Desse modo, apenas as combinações $P_4 \times P_5$ e $P_6 \times P_9$ são promissoras, visto que possuem pelo menos um genitor superior para o efeito médio de \hat{g}_i em relação à característica avaliada.

Com relação a PE e RG, buscaram-se combinações cujos valores de \hat{s}_{ij} sejam positivos e elevados, pois revelam híbridos que tendem a contribuir para o aumento da produção de espigas e rendimento de grãos. Observou-se que os genitores $P_1 \times P_1$, $P_2 \times P_2$, $P_3 \times P_3$ e $P_4 \times P_4$ apresentaram elevados valores negativos para \hat{s}_{ii} , indicando elevada divergência genética destes genitores em relação aos demais genitores do dialelo.

Dentre os híbridos, destacaram-se aqueles com valores positivos elevados para a estimativa \hat{s}_{ij} , além de possuir pelo menos um genitor superior. Foram estes: $P_1 \times P_3$, $P_2 \times P_9$, $P_3 \times P_7$ e $P_1 \times P_9$.

Com relação à característica M100, se o objetivo do programa de melhoramento for elevar o peso de grãos, os pares $P_2 \times P_9$, $P_4 \times P_9$ e $P_1 \times P_9$ revelaram-se promissores devido aos altos valores positivos de \hat{s}_{ij} . No entanto, se o intento for o contrário, as combinações que manifestaram valores negativos elevados de \hat{s}_{ij} foram: $P_2 \times P_3$, $P_6 \times P_9$, $P_9 \times P_{10}$ e $P_8 \times P_{10}$.

Quanto às características AP e AE, objetiva-se identificar combinações que contribuam para redução do porte das plantas, em decorrência da elevada incidência dos ventos fortes que ocorrem nas regiões Norte e Noroeste Fluminense. Assim, as combinações mais promissoras foram aquelas que expressaram os valores mais negativos para ambas as características, quais sejam: $P_6 \times P_9$ e $P_5 \times P_8$, com valores respectivos de -0,9860 e -0,5620; e -0,1260 e 0,1000, para AP e AE.

Para a característica FLOR, é desejável que as combinações apresentem valores negativos elevados para \hat{s}_{ij} , revelando os híbridos mais favoráveis para redução do número de dias para o florescimento e, conseqüentemente, do ciclo,

proporcionalmente maior precocidade. Dentre os híbridos, esse efeito pode ser possível nas combinações $P_2 \times P_6$, $P_1 \times P_8$, $P_2 \times P_8$, $P_4 \times P_6$ e $P_7 \times P_8$.

Para a característica de maior interesse para o melhoramento com relação à qualidade dos grãos - capacidade de expansão - as combinações com estimativas positivas elevadas para $\hat{\sigma}_{ij}$ foram: $P_1 \times P_3$, $P_1 \times P_{10}$, $P_2 \times P_4$ e $P_8 \times P_{10}$.

No entanto, observou-se que os valores de $\hat{\sigma}_{ij}$ revelaram-se muito reduzidos e pouco discrepantes em relação à média geral. Todos os genitores expressaram valores positivos de $\hat{\sigma}_{ii}$. Logo, confirma-se a predominância dos efeitos genéticos aditivos para tal característica, embora alguns autores advoguem a bidirecionalidade de dominância para CE, como preconizado por Andrade *et al.* (2002), Viana e Matta (2003), Simon *et al.* (2004), Freitas Júnior *et al.* (2006), Scapim *et al.* (2006), Miranda *et al.* (2008). Porém, se por um lado há investigações indicando bidirecionalidade de dominância para CE, esses mesmos resultados também confirmam a baixa influência da heterose para CE em populações nacionais, em decorrência das baixas magnitudes de expressões da CEC para CE encontradas nesses trabalhos.

No que se refere às características PAC e PQ, objetivam-se combinações cujos valores de $\hat{\sigma}_{ij}$ sejam negativos, indicando que houve contribuição para redução do número de plantas quebradas e acamadas. Dentre as combinações que revelaram estimativas negativas de $\hat{\sigma}_{ij}$ para ambas as características podem-se citar: $P_7 \times P_9$, $P_6 \times P_9$, $P_1 \times P_7$, $P_2 \times P_4$ e $P_2 \times P_6$.

Para a característica EST, é desejável que a estimativa $\hat{\sigma}_{ij}$ seja mais elevada, tendo sobressaído os híbridos $P_1 \times P_9$, $P_4 \times P_7$, $P_3 \times P_7$, $P_1 \times P_6$ e $P_2 \times P_6$, nesta ordem, com valores de $\hat{\sigma}_{ij}$ respectivos de 8,4310; 6,7510; 5,3620; 4,7650; e 4,1950.

No que tange a característica EMP, interessam as combinações que apresentem valores negativos de $\hat{\sigma}_{ij}$, denotando contribuição para redução do número de espigas mal empalhadas, com superioridade para as combinações $P_6 \times P_8$ e $P_6 \times P_9$.

Na indicação dos melhores híbridos com base em CE, poder-se-ia, por uma lógica restritiva, recomendar somente a combinação $P_1 \times P_3$, por expressar estimativas elevadas de RG, PE e CE. Todavia, por uma análise mais ampla, pode-se conceber que $P_2 \times P_4$ conteve a maior estimativa de $\hat{\sigma}_{ij}$ para CE e não revelou valores de estimativas médias indesejáveis para PE e RG. Há que se

destacar que a estimativa \hat{s}_{ij} do par $P_2 \times P_4$ para PE foi ranqueada em quinta maior grandeza e, para RG, com a oitava maior magnitude. Nessa Lógica, $P_3 \times P_7$ apesar de deter \hat{s}_{ij} positivo e elevado para PE e RG, conteve estimativa negativa para CE, o que redundou em heterose negativa de $-1,4106$ (Tabela 22). A respeito, Scapim *et al.* (2006) preconizaram que em situações de baixa heterose para CE, recomenda-se indicar híbridos com base na média. Assim, conclui-se que os melhores híbridos para PE, RG e CE foram: $P_1 \times P_3$, $P_2 \times P_4$ e $P_3 \times P_7$. Esses híbridos detiveram os seguintes valores de RG e CE, respectivamente: $3.316,67 \text{ kg}\cdot\text{ha}^{-1}$ e $32,17 \text{ mL}\cdot\text{g}^{-1}$; $3.666 \text{ kg}\cdot\text{ha}^{-1}$ e $33,22 \text{ mL}\cdot\text{g}^{-1}$; e $3.662,67 \text{ kg}\cdot\text{ha}^{-1}$ e $31,44 \text{ mL}\cdot\text{g}^{-1}$. Caso haja interesse, esses híbridos também poderão ser utilizados em programas de seleção recorrente recíproca no intento de obter ganhos ainda maiores para rendimento de grãos e capacidade de expansão.

Por uma reflexão mais abrangente dos resultados aferidos pela metodologia de Griffing (1956), pode-se preconizar que é possível associar rendimento de grãos com capacidade de expansão adequada entre as linhagens que detenham boa complementação alélica para ambas as características, apesar da dominância unidirecional positiva para capacidade de expansão, constatada nessa pesquisa.

Tem-se, pois, que apesar da paradoxalidade para capacidade de expansão, é possível verificar que híbridos de linhagens responderam vantajosamente para qualidade de grãos e não apenas para rendimento. Possivelmente isso possa ser explicado pelo fato de que híbridos responsivos ao aumento da capacidade de expansão advenham do cruzamento de linhagens oriundas de populações pouco divergentes, que, por conseguinte, expressaram baixas estimativas de depressão por endogamia para capacidade de expansão e, mesmo, para rendimento de grãos, porém em nível menos acentuado (Simon *et al.*, 2004; Scapim *et al.*, 2006). Os autores concluem que populações que apresentam maior frequência de alelos favoráveis para as características desejadas devem ser preferidas para extrair linhagens que poderão originar híbridos de bom desempenho agrônômico. A alta correlação é observada entre divergência genética e rendimento de grãos para híbridos interpopulacionais, ao passo que a associação entre híbridos intrapopulacionais e rendimento de grãos foi baixa, o que reforça a perspectiva de sucesso, ao menos para rendimento de grãos, na combinação entre linhagens de diferentes grupos heteróticos.

Larish e Brewbaker (1999) analisaram dois dialelos, um de seis populações de milho pipoca e outro de cinco linhagens americanas para as características capacidade de expansão e rendimento de grãos. Os resultados apontaram expressiva heterose positiva para rendimento de grãos e heterose negativa para capacidade de expansão, para ambos os dialelos. Houve alta razão entre a capacidade geral de combinação e capacidade específica de combinação para todas as características, denotando potencial para ganhos por seleção. Com base nos resultados de ambos os dialelos, pode-se afirmar que os melhoristas dos trópicos deveriam trabalhar com o grupo heterótico formado pelas populações “Supergold” e “Japanese Hulless”.

4.7. Análise Dialélica de Gardner e Ebehart (1966) para o Ambiente de Campos dos Goytacazes

4.7.1. Análise de Variância para Linhagens e Heteroses

Na Tabela 26 está disposta a análise de variância para linhagens e heterose, incluindo a decomposição desta em heterose média, varietal e específica, em relação a 14 características avaliadas em cruzamento dialélico completo entre dez genitores de milho pipoca, sem os recíprocos.

Para a fonte de variação Genótipo, pode-se afirmar que todas as características avaliadas foram significativas em 1% de probabilidade pelo teste F, com exceção de PAC. Com relação à fonte de variação Linhagem, apenas as características EP e PAC não apresentaram diferença significativa em 5% de probabilidade. Para a Heterose, as características revelaram diferença significativa em 1% de probabilidade, com exceção da CE, na qual apresentou significância em 5% de probabilidade, além de PAC e EMP, que não revelaram significância.

As significâncias detectadas para Genótipo em treze características, tornaram possível a partição dessa fonte de variação em Linhagens e Heteroses. Portanto, para PAC, única ausência de significância para Genótipo, os resultados decorrentes da ANOVA não serão considerados, fundamentados por PAC não haver revelado significância em 5% para quaisquer fontes de variação.

Tabela 26 - Análise de variância de 14 características, de acordo com a metodologia de Gardner e Ebehart (1966), em um cruzamento dialélico entre dez linhagens de milho pipoca, sem os recíprocos. Campos dos Goytacazes, RJ.

FV	GL	Quadrados Médios ^{1/}				
		NE	ED	EP	PE	RG
Genótipo	54	347,5779 **	62,0582 **	16,8794 **	1649863,8878 **	1271562,0430 **
Linhagem	9	693,4964 **	102,3080 **	16,4054 n.s.	4694824,4827 **	3226133,6388 **
Heterose	45	278,3942 **	54,0083 **	17,5742 **	1040871,7688 **	880647,7238 **
Heterose média	1	800,6313 **	9,9605 n.s.	125,6780 **	14816680,7456 **	15027201,6389 **
Heterose varietal	9	469,9021 **	97,3547 **	9,5350 n.s.	1701165,3326 **	1286315,5412 **
Heterose específica	35	214,2282 **	44,1205 **	16,5528 **	477487,4530 **	372145,8874 **
Resíduo	108	95,3925	20,8800	8,1365	130452,0034	81424,3771

^{1/} NE = número médio de espigas; ED = número médio de espigas doentes; EP = número médio de espigas com pragas; PE = peso médio de espigas com grãos; e RG = rendimento de grãos.

n.s. = Não significativo em nível de 0,05;

** = Significativo em nível de 0,01; e

* = Significativo em nível de 0,05.

Continuação.

FV	GL	Quadrados Médios ^{1/}				
		M100	AP	AE	FLOR	CE
Genótipo	54	4,5508 **	0,0608 **	0,0403 **	59,9857 **	2,9324 **
Linhagem	9	19,8545 **	0,1544 **	0,1185 **	43,9706 **	14,9655 **
Heterose	45	1,4901 **	0,0421 **	0,0247 **	63,1888 **	0,5258 *
Heterose média	1	5,8656 **	0,5135 **	0,4543 **	1353,5465 **	10,1811 **
Heterose varietal	9	2,3742 **	0,0534 *	0,0161 ^{n.s.}	14,6086 *	0,4821 ^{n.s.}
Heterose específica	35	1,1377 **	0,0257 ^{n.s.}	0,0146 ^{n.s.}	38,8135 **	0,2612 ^{n.s.}
Resíduo	108	0,6032	0,0225	0,0112	7,6017	0,3358

^{1/} M100 = massa média de 100 grãos; AP = altura média de planta; AE = altura média de inserção da primeira espiga; FLOR = número médio de dias para florescimento; e CE = capacidade de expansão dos grãos.

^{n.s.} = Não significativo em nível de 0,05;

** = Significativo em nível de 0,01; e

* = Significativo em nível de 0,05.

Continuação.

FV	GL	Quadrados Médios ^{1/}			
		PAC	PQ	EST	EMP
Genótipo	54	0,5290 ^{n.s.}	38,6532 **	142,7723 **	1,5095 **
Linhagem	9	0,7021 ^{n.s.}	84,6922 **	389,9444 **	3,4565 **
Heterose	45	0,4943 ^{n.s.}	29,4454 **	93,3379 **	1,1201 ^{n.s.}
Heterose média	1	1,1296 ^{n.s.}	1,4222 **	225,8421 **	5,9537 *
Heterose varietal	9	0,4437 ^{n.s.}	36,3891 ^{n.s.}	139,3922 *	0,9563 ^{n.s.}
Heterose específica	35	0,4892 ^{n.s.}	28,4606 **	77,7096 **	1,0242 ^{n.s.}
Resíduo	108	0,4644	13,6080	41,7730	0,8809

^{1/} PAC = número médio de plantas acamadas; PQ = número médio de plantas quebradas; EST = estande final; e EMP = número médio de espigas mal empalhadas.

^{n.s.} = Não significativo em nível de 0,05;

** = Significativo em nível de 0,01; e

* = Significativo em nível de 0,05.

Em decorrência do conjunto de linhagens não constituírem um grupo homogêneo, haja vista a significância em $P < 0,01$, para doze das quatorze das características avaliadas, possibilitou a expressão de efeitos significativos de Heterose em $P < 0,01$ para onze características e em $P < 0,05$ para CE.

Isso ratifica que há suficiente variabilidade genética entre as linhagens utilizadas, o que é uma situação favorável para o melhoramento.

O desdobramento da Heterose em Heterose média, varietal e específica revelou que: a) para Heterose média, onze características foram significativas em $P < 0,01$ e apenas capacidade de expansão em $P < 0,05$; b) quanto à Heterose varietal, as características com significância foram NE, EP, PE, RG e M100, em $P < 0,01$, e AP, FLOR e EST, em $P < 0,05$; e c) em relação à Heterose específica, significância foi revelada apenas em 1% de probabilidade para o conjunto de características NE, ED, EP, PE, RG, M100, FLOR, PQ e EST.

Vencovsky, em 1970, afirmou que quando o quadrado médio da Heterose média for significativo, a variância das frequências gênicas entre os genitores é suficientemente elevada em pelo menos parte dos locos com dominância.

De fato, a elevada significância para características relacionadas à produção, em contrapartida da significância em 5% para capacidade de expansão, retrata que as linhagens genitoras são mais contrastantes para aproveitamento da heterose das características relacionadas ao rendimento de grãos do que para capacidade de expansão.

Esses resultados não são surpreendedores, em decorrência das constatações da maior importância dos efeitos aditivos na expressão da CE (Pereira e Amaral Júnior, 2001; Viana e Matta, 2003; Simon *et al.*, 2004; Freitas Júnior *et al.*, 2006; Scapim *et al.*, 2006; Seifert *et al.*, 2006; Rangel *et al.*, 2008).

Todavia, não se descarta a ocorrência de dominância bidirecional na expressão da CE, com base em resultados de pesquisas, alguns não muito recentes, como as constatações de Andrade *et al.* (2002), em análise de dialelo com seis variedades de milho pipoca; e de Scapim *et al.* (2002), que utilizaram a metodologia de Gardner e Ebehart (1966) na avaliação dos efeitos heteróticos em 36 híbridos e nove populações genitoras de milho pipoca.

As significâncias da Heterose varietal e específica para características relacionadas ao rendimento de grãos em detrimento da capacidade de expansão, denotam que as linhagens genitoras não diferem nas suas respectivas

freqüências gênicas médias e têm a mesma dispersão das freqüências gênicas (Vencovsky, 1970) para CE, ao contrário de RG e seus componentes relacionados.

Por todo o exposto, há que se compreender que não era, de fato, esperada expressão heterótica específica para CE na composição dos híbridos.

Isto porque os genitores são linhagens, para os quais a expressão da aditividade para CE, foi explorada nos ciclos de autofecundação. Por conseguinte, quando cruzadas, esperava-se que expressassem vigor híbrido para rendimento de grãos, mas não para capacidade de expansão. Quanto à CE nos híbridos, esses tendem a expressar valor mediano dos genitores; portanto, a redução no valor da CE não será drástica em relação ao genitor superior, se os melhores híbridos para rendimento de grãos e seus componentes advierem de linhagens com valores de CE elevados e não muito contrastantes. Assim, é perfeitamente possível aliar elevados potenciais para rendimento de grãos e capacidade de expansão nos híbridos.

No intento de maior esclarecimento sobre essa questão, ao se proceder ao cálculo das participações das fontes de variação Linhagens e Híbridos para com Genótipos, tem-se que, enquanto a soma de quadrados de linhagens contribui com 85,0577% da soma de quadrados de Genótipos; a soma de quadrados dos Híbridos contribui com 14,9422%, ratificando a pífia participação da heterose nos híbridos para expressão da CE.

4.7.2. Estimativas do Efeito de Variedade

Na Tabela 27 estão as estimativas dos efeitos de variedade (\hat{V}_i) e de suas médias, bem como seus desvios padrão entre dois genitores quaisquer, para 14 características avaliadas em dialelo entre dez genitores de milho pipoca sem os recíprocos.

Os genitores que apresentaram valores positivos para a estimativa \hat{V}_i revelaram potencial de contribuição para aumento da magnitude da característica em seus híbridos. Desse modo, linhagens que exibiram estimativas negativas

Tabela 27 - Estimativas dos parâmetros média e efeito de variedades (\hat{V}_i) e seus desvios padrão (DP), segundo a metodologia de Gardner e Ebehart (1966), para 13 características avaliadas em dez genitores de milho pipoca, sem os recíprocos. Campos dos Goytacazes, RJ.

Efeitos Linhagem (V_i) ^{1/}	Características Avaliadas ^{2/}												
	NE	ED	EP	PE	RG	M100	AP	AE	FLOR	CE	PQ	EST	EMP
P1	-18,6600	-1,6670	1,3665	-609,1667	-447,6667	-3,1200	-0,3780	-0,2548	1,1000	-0,8510	-0,7000	-15,5600	0,0999
P2	-2,0000	0,0000	0,3665	44,1663	-97,6667	1,5314	0,0550	-0,0388	-0,9000	1,0090	3,3000	7,7670	1,0999
P3	4,9998	-6,0000	2,0335	367,5003	439,0003	1,7154	-0,0380	0,0832	0,1000	-1,1243	0,3000	7,4330	-0,5671
P4	-1,0000	-7,0000	0,3665	317,5003	137,3333	1,2964	0,1830	0,1412	-0,5670	-0,9210	-3,7000	7,1000	0,0999
P5	0,3338	-1,3330	2,3665	227,5003	230,6663	0,6234	0,1530	0,1282	0,1000	-1,0910	0,9670	-5,5670	-0,2331
P6	9,9998	9,3330	-1,9665	92,5003	235,6663	-0,6636	-0,0820	-0,0098	2,7670	-1,1910	-3,3670	-0,2330	0,7669
P7	-10,3300	-0,3330	1,0335	-330,8337	-280,9997	-1,7450	-0,0730	-0,1288	-0,2330	-1,3910	0,3000	-10,9000	-0,9001
P8	9,9998	10,6670	0,3665	299,1663	324,0003	0,4834	0,1650	0,1102	-0,5670	2,3757	-1,3670	4,7670	-0,2331
P9	6,9998	3,3330	-3,9665	70,8333	-172,6667	-0,2146	0,1030	0,0632	-1,5600	1,6423	5,9670	4,7670	-0,2331
P10	-0,3332	-7,0000	-1,9665	-479,1667	-367,6667	0,0944	-0,0880	-0,0938	-0,2330	1,5423	-1,7000	0,4330	0,0999
Média das linhagens	51,3332	13,0000	7,9665	1939,1667	1557,6667	9,7816	1,6750	0,9918	59,9000	33,2910	-0,7000	41,9000	1,9991
DP (Média das linhg.)	3,1797	0,6960	0,2712	4348,4001	2714,1459	0,0201	0,0008	0,0004	0,2533	0,0112	0,4535	1,3924	0,0293
DP (\hat{V}_i)	28,6177	6,2640	2,4409	39135,6010	24427,3131	0,1809	0,0068	0,0033	2,2800	0,1007	4,0823	12,5318	0,2642
DP ($\hat{V}_i - \hat{V}_j$)	63,5949	13,9200	5,4243	86968,0022	54282,9181	0,4021	0,0150	0,0074	5,0670	0,2238	9,0719	27,8486	0,5872

^{1/} P₁ = PR 023; P₂ = PR 024; P₃ = PR 036; P₄ = UEM J1; P₅ = PR 045-1; P₆ = PR 045-2; P₇ = PR 045-3; P₈ = PR 087-1; P₉ = PR 087-2; P₁₀ = PR 087-3.

^{2/} NE = número médio de espigas; ED = número médio de espigas doentes; EP = número médio de espigas com praga; PE = peso médio de espigas com grãos; RG = rendimento de grãos; M100 = massa média de 100 grãos; AP = altura média de planta; AE = altura média de inserção da primeira espiga; FLOR = número médio de dias para florescimento; CE = capacidade de expansão dos grãos; PQ = número médio de plantas quebradas; EST = estande final; e EMP = número médio de espigas mal empalhadas.

para \hat{V}_i , indicam que estas contribuem para reduzir os valores da característica nos seus híbridos (Cruz *et al.*, 2004).

Por essas informações, para a característica E, as linhagens que mais contribuem favoravelmente para incrementar o número de espigas nos seus híbridos foram P₆ e P₉, cujos valores de \hat{V}_i foram de 9,9998 para ambas as linhagens. Com relação à ED, os melhores genitores são aqueles cujos valores de \hat{V}_i sejam negativos, indicando que seus híbridos tendem a reduzir o número de espigas doentes. Por conseguinte, sobressaíram-se as linhagens P₃, P₄ e P₁₀, com respectivas estimativas de -7,0000 para as duas primeiras e -6,0000 para a terceira.

No que se refere às características AP e AE, idealizam-se genitores cujas magnitudes de \hat{V}_i sejam negativas, contribuindo para redução das características nos seus híbridos, o que é favorável para a região Norte Fluminense em razão dos fortes ventos. Em decorrência, destacou-se a linhagem P₁, com as menores magnitudes de \hat{V}_i para ambas as características. Todavia, não se devem alijar as linhagens P₆, P₇ e P₁₀, uma vez que embora em magnitudes inferiores, expressaram estimativas negativas de \hat{V}_i . Com relação à característica FLOR, objetivam-se genitores com valores negativos para a estimativa \hat{V}_i , em programas de melhoramento que tencionem precocidade de seus híbridos. Por essa lógica, as linhagens P₂ e P₉, ao revelarem magnitudes negativas de \hat{V}_i , tendem a contribuir para reduzir o valor da característica nos híbridos em que participem.

Para a característica CE, diretamente vinculada à qualidade dos grãos, as linhagens P₈, P₉ e P₁₀, ao revelarem estimativas positivas de \hat{V}_i , indicam sê-las de interesse no aumento da capacidade de expansão.

Quanto à característica PQ, sobressaíram-se com valores negativos de \hat{V}_i as linhagens P₄, P₆, P₁₀, P₈ e P₁, nesta ordem, denotando que têm potencial per se para redução no número de plantas quebradas.

Os maiores incrementos na característica EST poderão ser alcançados no uso das linhagens P₂, P₃ e P₄, cujas estimativas de \hat{V}_i mostraram superioridade em relação aos demais genitores. Para a característica EMP,

destacaram-se as linhagens P_3 e P_7 , com os maiores valores negativos para a estimativa do efeito de variedade.

No que se refere à amplitude da variação dos efeitos de genitores e entre dois genitores, identifica-se a existência de diferença entre eles quando a amplitude da variação é superior a duas vezes o desvio padrão (Singh e Chaudhary, 1985).

Com base na premissa de Singh e Chaudhary (1985), apenas cinco características (M100, AP, AE, CE e EMP) favoreceram a ocorrência de variação entre linhagens, cujas amplitudes de variação dos efeitos dos genitores e entre dois genitores foram de 12,0253; 37,4000; 53,5135; 15,9369; e 3,4059. Para as demais características esses valores foram: NE (0,4506), ED (1,2691), EP (1,1675), PE (0,0112), RG (0,0163), FLOR (0,8539) PQ (1,0655) e EST (0,8373).

Considerando-se as principais características – PE, RG e CE – é oportuno destacar que a linhagem P_2 revelou valores positivos de \hat{V}_i para PE e CE, enquanto para P_8 , o sinal positivo ocorreu para as três características, ratificando a possibilidade de reunião de linhagens com superioridade para rendimento de grãos e capacidade de expansão.

4.7.3. Estimativa dos Efeitos de Heterose Média e Varietal

As estimativas da Heterose média e varietal, bem como os respectivos desvios padrão (DP), encontram-se na Tabela 28.

As estimativas de Heterose média positivas para NE, PE, RG, M100, AP, AE, e EST, e negativa para FLOR, expressam o esperado: há variabilidade entre as linhagens para essas características, com expectativa de identificação de híbridos superiores.

Por sua vez, quanto à CE e EMP, os sinais negativo e positivo, respectivamente, para as estimativas das Heteroses médias denotam que as linhagens utilizadas no dialelo não são desejáveis para favorecer o efeito de heterose nos híbridos para capacidade de expansão e número médio de espigas mal empalhadas.

Porém, há que se lembrar que, em se tratando de linhagens, os elevados valores de CE esperados com as sucessivas autofecundações não

Tabela 28 - Estimativas dos efeitos de heterose média (\bar{h}), varietal (\hat{h}_i), e seus desvios padrão (DP), segundo a metodologia de Gardner e Ebehart (1966), para 13 características avaliadas em dez genitores de milho pipoca, sem os recíprocos. Campos dos Goytacazes, RJ.

Efeitos	Características Avaliadas ^{2/}												
	NE	ED	EP	PE	RG	M100	AP	AE	FLOR	CE	PQ	EST	EMP
Heterose média (\bar{h})	5,7110	-	-2,2600	776,9443	782,4445	0,4880	0,1446	0,1360	-7,4200	-0,6440	-0,2400	3,0333	0,4925
DP (\bar{h})	3,8860	-	0,3314	5314,7110	3317,2894	0,0240	0,0009	0,0004	0,3096	0,0136	0,5543	1,7018	0,0358
Heterose varietal (\hat{h}_i) ^{1/}													
P1	11,1990	4,4917	-	319,7916	215,3751	0,9741	0,1346	-	0,5000	-	-	9,5252	-
P2	7,6584	0,2417	-	623,5416	557,0417	0,2791	0,1044	-	-0,6250	-	-	0,2748	-
P3	10,8660	2,1581	-	604,9999	441,4166	-0,0710	-0,0040	-	-0,9584	-	-	1,6504	-
P4	-0,2167	1,4917	-	508,1249	520,9999	0,7388	0,0112	-	-2,5410	-	-	0,3167	-
P5	-0,5501	2,9499	-	-503,5419	-432,5414	-0,4760	-0,1250	-	1,3333	-	-	2,6501	-
P6	-10,5000	-6,1330	-	-473,9584	-484,8332	-0,6740	0,0374	-	0,4167	-	-	-1,8080	-
P7	-1,1330	-1,9660	-	-209,1663	-205,6670	0,1794	-0,0510	-	-0,2084	-	-	-0,1001	-
P8	-8,4660	-4,5080	-	-392,7082	-355,4584	-0,5380	-0,1040	-	1,6669	-	-	-3,4750	-
P9	-3,0910	-1,7160	-	-303,9583	-112,7498	-0,2500	-0,0090	-	1,5416	-	-	-4,4750	-
P10	-5,7580	2,9914	-	-173,1247	-143,5832	-0,1590	0,0071	-	-1,1250	-	-	-4,5580	-
DP (\hat{V}_i)	10,7310	2,3490	-	14675,8503	9160,2424	0,0678	0,0025	-	0,8550	-	-	4,6995	-
DP ($\hat{V}_i - \hat{V}_j$)	23,8480	5,2200	-	32613,0008	20356,0942	0,1508	0,0056	-	1,9000	-	-	10,4432	-

^{1/} P₁ = PR 023; P₂ = PR 024; P₃ = PR 036; P₄ = UEM J1; P₅ = PR 045-1; P₆ = PR 045-2; P₇ = PR 045-3; P₈ = PR 087-1; P₉ = PR 087-2; P₁₀ = PR 087-3.

^{2/} NE = número médio de espigas; ED = número médio de espigas doentes; EP = número médio de espigas com praga; PE = peso médio de espigas com grãos; RG = rendimento de grãos; M100 = massa média de 100 grãos; AP = altura média de planta; AE = altura média de inserção da primeira espiga; FLOR = número médio de dias para florescimento; CE = capacidade de expansão dos grãos; PQ = número médio de plantas quebradas; EST = estande final; e EMP = número médio de espigas mal empalhadas.

devem sofrer grande retratação em relação à melhor linhagem, quando em combinações híbridas, o que permite inferir a possibilidade de obtenção de híbridos superiores concomitantemente para rendimento de grãos e capacidade de expansão. Isto porque, considerando tratar-se de característica influenciada pela aditividade, espera-se que os F_{1s} expressem a média dos genitores. Nesse contexto, a despeito da ausência de significância constatada para Heterose varietal e específica em relação à CE, no ambiente de Campos dos Goytacazes, a amplitude de variação para CE foi de 31,03 mL.g⁻¹ para o par $P_3 \times P_5$ a 34,83 mL.g⁻¹ para $P_8 \times P_{10}$. Ambos os valores são consonantes com o padrão exigido pelas empresas que atuam no setor, em que 30 mL.g⁻¹ é considerado o limite mínimo (Sawazaki *et al.*, 2000; Sawazaki *et al.*, 2001) para atender o mercado (Scapim *et al.*, 2006), sendo que uma pipoca de boa qualidade deve expressar CE superior a 32 mL.g⁻¹ (Sawazaki *et al.*, 2001).

Em relação à Heterose varietal (linhagens) para PE e RG, as linhagens P_2 , P_3 e P_4 foram as mais promissoras, pelas magnitudes mais elevadas da estimativa \hat{h}_i , para ambas as características. Este resultado é semelhante ao obtido pela análise da estimativa \hat{g}_i (Tabela 16), no qual destacaram-se as mesmas linhagens para as duas características.

De fato, é consabido que os efeitos da CGC de dois genótipos estimados pela metodologia de Griffing (1956) são parcialmente devido ao contraste entre os efeitos dos dois genótipos e parcialmente decorrente dos efeitos da Heterose varietal estimados pela metodologia de Gardner e Ebehart (1966).

Para Cruz *et al.* (2004), essa assertiva pode ser simplificada pela relação:

$$\hat{g}_i = \frac{1}{2} \hat{V}_i + \hat{h}_i.$$

As linhagens com maiores efeitos de CGC para rendimento de grãos, em Campos dos Goytacazes foram P_3 e P_4 , com estimativas de \hat{g}_i de 513,7779 e 415,9999, respectivamente. A linhagem P_3 revelou maior valor positivo de \hat{V}_i (439,0003) e alto valor positivo de \hat{h}_i (441,4166). Isso denota que ambas as linhagens têm potencial para uso *per se* na formação de composto para extração de novas linhas ou ainda, para recombinação e aproveitamento do efeito heterótico decorrente da expectativa de desejável complementação alélica.

Fato que merece atenção quando da análise da heterose varietal, segundo Vencovsky (1970), é que quando um genitor é muito divergente dos

demais e possui potencial genético para elevar a característica pode, na complementação gênica com as demais não favoráveis, prejudicar a média das suas combinações híbridas, resultando em estimativas negativas de \hat{h}_i . Para Cruz (1990), nessa situação, a seleção deve ser feita com base nas estimativas de variedades.

Todavia, na concepção de Miranda Filho e Vencovsky (1984) o efeito de variedade deve ser considerado mais importante para a seleção quando o efeito de heterose varietal for não significativo.

No ambiente de Campos dos Goytacazes, isso ocorreu apenas para as características EP e PQ.

Com relação à massa de 100 grãos, sobressaíram-se as linhagens P_1 e P_4 com as maiores magnitudes positivas de \hat{h}_i , demonstrando potencialidade para elevar a massa de grãos em programas de hibridação.

Quanto à altura de planta (AP), as linhagens P_1 e P_2 revelaram-se superiores e promissoras para programas de melhoramento cujo objetivo seja elevar o porte das plantas. Em situação oposta encontram-se as linhagens P_5 e P_8 , que foram promissoras para utilização em cruzamentos para obtenção de híbridos com reduzido porte de planta.

Os genitores que revelaram os valores negativos mais elevados para a estimativa da heterose varietal, com relação à característica FLOR, identificam-se como as linhagens mais favoráveis para obtenção de híbridos precoces, a saber: P_{10} , P_3 e P_4 .

Com relação à característica EST, a linhagem P_1 conteve a maior expressão de \hat{h}_i , sendo promissora para cruzamentos com objetivo de obter híbridos com adequado desenvolvimento de estande.

De modo geral, dentre as linhagens com efeito heterótico favorável para maior número de características, P_3 deteve resultados satisfatórios, quais sejam: 10,8660 para E; 604,9999 para PE; 441,4166 para PG; -0,9584 para FLOR; e 1,6504 para EST. Ademais, P_2 pode ser contributiva em programas de cruzamento, por expressar valores positivos para NE (7,6584), RG (620,5415) e EST (0,2748), além de valores negativos para FLOR (-0,6250) e baixos valores positivos para ED (0,2417), M100 (0,2791) e AP (0,1044).

Tabela 29 - Estimativas dos efeitos de heterose específica ($\hat{\sigma}_{ij}$) e seus desvios padrão (DP), segundo a metodologia de Gardner e Ebehart (1966), para nove características avaliadas em 45 híbridos F_1 ^S. Campos dos Goytacazes, RJ.

Genótipos ^{2/}	Características ^{1/}								
	E	ED	EP	PE	RG	M100	FLOR	PQ	EST
P1 x P2	-5,5690	-2,5300	0,6716	-123,6112	-53,1942	-0,1920	1,8840	-0,8430	0,4996
P1 x P3	7,3889	2,8790	0,7960	674,9306	367,4304	0,8377	-0,6150	0,3660	-2,3700
P1 x P4	-3,5270	-1,9500	1,9210	133,4726	52,0136	0,7977	-9,0300	2,9490	-0,8740
P1 x P5	0,1389	-0,9110	0,4628	171,8055	492,2225	-0,1200	3,4250	-1,7100	-3,5400
P1 x P6	-8,4020	5,1710	-2,4500	-390,2780	-391,3190	-0,2230	4,3420	-0,9680	-3,4100
P1 x P7	0,0557	-3,4900	-1,2400	-660,0692	-662,1520	-0,1830	4,8000	-0,0090	-2,1200
P1 x P8	2,8884	2,2120	1,8380	10,1387	-1,5276	-0,5280	-1,9000	6,1570	5,0830
P1 x P9	3,3474	0,0877	-0,7030	105,5553	184,0973	0,1410	-1,2800	-3,4200	7,4160
P1 x P10	3,6807	-1,4500	-1,2800	78,0557	12,4307	-0,5270	-1,6100	-2,5000	-0,6660
P2 x P3	-6,4020	-2,7000	-1,3200	-657,1529	-505,9030	-0,3790	0,8425	7,6150	-0,7910
P2 x P4	-8,6530	-0,8700	-3,5300	328,0561	55,3470	-0,7210	3,4250	-0,1340	-7,9500
P2 x P5	-1,3190	1,8370	3,0050	181,3890	90,5558	-0,3680	-2,7800	-2,8000	-0,9580
P2 x P6	1,1385	2,5870	6,4210	-120,6945	-24,6524	0,3044	-4,5300	-4,0500	5,1660
P2 x P7	1,2642	2,9210	1,9620	-217,1526	-173,8190	0,7030	-1,4000	-1,7500	1,4580
P2 x P8	-3,2360	-3,0300	-2,9500	-205,2778	-111,5280	-0,0520	1,2170	-2,9200	1,6670
P2 x P9	5,5559	0,1711	-3,1600	510,1388	517,4307	0,9140	0,1758	5,1570	0,3330
P2 x P10	17,2220	1,6290	-1,0700	304,3052	205,7641	-0,2070	1,1750	-0,2590	0,5833
P3 x P4	-5,3610	0,2131	-1,0700	-428,4032	-420,6940	-0,4640	1,5920	1,7400	-3,4900
P3 x P5	-1,3610	-5,0700	-2,2000	-230,0692	-237,1520	-0,5440	2,3840	-2,9200	-0,1668
P3 x P6	6,0971	-0,9950	-1,7800	154,5142	205,9722	-0,8820	2,6340	1,1570	-2,7080
P3 x P7	8,2218	6,6710	2,7550	816,3891	741,8061	0,8309	-1,2400	-4,8800	6,5829
P3 x P8	-0,2775	0,7129	3,1710	-371,7360	-340,9020	-0,2560	-2,9400	-1,3800	-0,2086
P3 x P9	-0,4865	-2,7400	1,9630	-102,9864	-51,9446	0,0999	-2,3200	-1,6300	2,4584
P3 x P10	-7,8190	1,0460	-2,2800	144,5140	241,3887	0,7589	-0,3230	-0,0510	0,7086
P4 x P5	5,3887	-0,2450	-1,4100	50,1387	157,4305	-0,3100	1,6340	0,3244	-0,6666
P4 x P6	6,1808	2,8370	1,3380	-26,9448	97,2223	0,0593	-8,4400	-1,9200	0,4581
P4 x P7	9,3054	3,5040	2,5460	68,2641	49,7222	-0,1720	0,6758	-0,9670	7,0831
P4 x P8	-1,8600	-3,7800	0,2961	298,4720	240,3476	0,1952	4,9670	-0,8000	0,2916
P4 x P9	-2,4020	1,0880	0,7548	-79,4444	0,9724	0,3239	3,5920	-2,7100	0,2916
P4 x P10	0,9304	-0,7870	-0,8280	-333,6110	-232,3610	0,2919	1,5920	1,5320	4,8749
P5 x P6	-12,1500	-6,1200	1,5460	-648,6109	-630,9020	-0,2710	0,3424	0,7410	-6,8740
P5 x P7	-4,6940	0,8797	-2,2400	-493,4030	-453,4020	-0,3670	0,4675	6,0320	-2,2490
P5 x P8	0,8056	-3,7400	-0,4950	80,1388	40,5555	0,3524	-0,5730	0,8656	5,2916
P5 x P9	6,2635	8,7960	-0,0360	435,5555	162,8473	0,7922	-5,2800	-2,3800	4,2916
P5 x P10	6,9308	4,5880	1,3790	443,0558	377,8467	0,8372	0,3843	1,8650	4,8749
P6 x P7	-8,9030	1,6290	-0,8290	486,1805	436,3888	-0,1230	-3,2800	0,4489	-3,4580
P6 x P8	-7,7360	0,3376	-1,7400	601,3893	470,3472	0,5899	5,0090	1,6160	-2,9160
P6 x P9	15,7220	-3,4500	-2,2800	-21,5280	-74,0279	-0,0240	0,9675	4,0320	6,0833
P6 x P10	8,0559	-1,9900	-0,2030	-34,0277	-89,0275	0,5717	2,9670	-1,0500	7,6666
P7 x P8	17,3890	0,3382	-1,5300	64,9302	92,8471	-0,0980	-3,5300	-0,4260	7,0414
P7 x P9	-12,1500	-8,7800	-1,4100	-256,3192	-221,5280	-0,8740	4,4250	-0,6750	-6,6240
P7 x P10	-10,4800	-3,6600	0,0050	191,1802	190,1393	0,2863	-0,9070	2,2400	-7,7080
P8 x P9	-2,6530	5,5870	1,0040	-137,7773	-100,9020	0,2185	0,3843	0,1572	-10,0800
P8 x P10	-5,3190	1,3790	0,4216	-340,2779	-289,2360	-0,4190	-2,6100	-3,2500	-6,1660
P9 x P10	-13,1900	-0,7450	3,8790	-453,1943	-416,9440	-1,5900	-0,6570	1,4910	-4,1660
DP (S _{ij})	24,7310	5,4133	2,1090	33820,8897	21110,0230	0,1563	1,9700	3,5270	10,8300
DP(S _{ij} -S _{ik})	55,6450	12,1800	4,7460	76097,0019	47497,5530	0,3518	4,4300	7,9370	24,3670
DP(S _{ij} -S _{kl})	47,6960	10,4400	4,0680	65226,0016	40712,1880	0,3016	3,8000	6,8030	20,8860

^{1/} NE= número médio de espigas; ED= número médio de espigas doentes; EP= número médio de espigas atacadas por pragas; PE= peso médio de espigas com grãos; RG= rendimento de grãos; M100= massa de 100 grãos; FLOR= número de dias para o florescimento; PQ= número médio de plantas quebradas; e EST= estande final.

^{2/} P₁ = PR 023; P₂ = PR 024; P₃ = PR 036; P₄ = UEM J1; P₅ = PR 045-1; P₆ = PR 045-2; P₇ = PR 045-3; P₈ = PR 087-1; P₉ = PR 087-2; P₁₀ = PR 087-3.

4.7.4. Estimativa dos Efeitos de Heterose Específica

As estimativas dos efeitos de Heterose específica e seus desvios padrão para as características com significância na ANOVA para o ambiente de Campos dos Goytacazes, com base na metodologia de Gardner e Ebehart (1966) para os 45 híbridos dialélicos obtidos na recombinação de dez linhagens de milho pipoca estão dispostas na Tabela 29.

Para a característica número de espigas (NE), 22 combinações revelaram estimativas positivas de \hat{s}_{ij} ; dentre esses, as magnitudes mais expressivas foram expressas, em ordem decrescente, pelos híbridos: P₇ x P₈, P₂ x P₁₀, P₆ x P₉, P₄ x P₇, P₃ x P₇ e P₆ x P₁₀, com valores de 17,3890; 17,2220; 15,7220; 9,3054; 8,2218; e 8,0559.

Cumprir destacar que, pela metodologia de Griffing (1956) no ambiente de Campos dos Goytacazes, apenas os genitores P₂, P₃ e P₉ expressaram efeitos de \hat{g}_i positivos em relação ao número médio de espigas; todavia, com base nos efeitos de \hat{V}_i , os genitores P₃, P₅, P₆, P₈ e P₉ foram os que se sobressaíram. Considerando-se que \hat{V}_i expressa a relação $\hat{V}_i = 2(\hat{g}_i - \hat{h}_i)$, tem-se que \hat{g}_i , ao não “expurgar” \hat{h}_i ($\hat{g}_i = \frac{1}{2} \hat{V}_i + \hat{h}_i$), torna-se mais confiável na indicação de genitores de interesse também para intercruzamentos, apesar de ser mais importante na indicação de genitores para uso *per se*.

Há que se enfatizar que os híbridos aqui destacados, além de se reunirem em um grupo com médias mais elevadas pelo agrupamento de Scott Knott (Tabela 14), fizeram parte de um seletivo grupo de apenas sete híbridos que exibiram valores de PE superiores a 60,00 espigas por parcela, sendo que P₃ x P₇ e P₂ x P₁₀ revelaram o primeiro e terceiro maiores valores, com magnitudes de 62,83 e 61,67, respectivamente (Tabela 14).

A análise concomitante de ED e EP revela que as combinações com estimativas de \hat{s}_{ij} negativas para ambas as características foram: P₁ x P₇, P₁ x P₁₀, P₂ x P₃, P₂ x P₄, P₂ x P₈, P₃ x P₅, P₃ x P₆, P₄ x P₅, P₄ x P₁₀, P₅ x P₈, P₆ x P₉, P₆ x P₁₀ e P₇ x P₉.

A análise em separado das características ED e EP, revela que para aquela, os híbridos superiores foram P₇ x P₉, P₅ x P₆ e P₃ x P₅; enquanto para EP sobressaíram-se P₂ x P₄, P₂ x P₉ e P₂ x P₈, nessas ordens, respectivamente.

Considerando-se que dentre os híbridos superiores para EP, $P_2 \times P_4$ e $P_2 \times P_8$ também detiveram valores negativos das estimativas de $\hat{\sigma}_{ij}$ para ED, isso ratifica que apesar da linhagem P_2 haver expressado estimativas positivas de $\hat{\sigma}_i$ para ED e EP (Tabela 16), bem como nula para ED e positiva para EP, em relação a \hat{V}_i (Tabela 27), P_2 é uma linhagem que tende a contribuir para boa complementação gênica na obtenção de híbridos com boa sanidade de espigas.

Relativamente à PE e RG, os híbridos com mais expressivas magnitudes positivas de $\hat{\sigma}_{ij}$ para PE foram, em ordem decrescente: $P_3 \times P_7$, $P_1 \times P_3$, $P_6 \times P_8$, $P_2 \times P_9$, $P_6 \times P_7$, $P_5 \times P_{10}$, $P_5 \times P_9$ e $P_2 \times P_4$; já para RG, segue a seguinte ordem: $P_3 \times P_7$, $P_2 \times P_9$, $P_1 \times P_5$, $P_6 \times P_8$, $P_6 \times P_7$, $P_5 \times P_{10}$, $P_1 \times P_3$ e $P_3 \times P_{10}$. Excetuando-se $P_5 \times P_9$ e $P_2 \times P_4$ para PE; e $P_1 \times P_5$ e $P_3 \times P_{10}$ para RG, as demais combinações sobressaíram-se tanto para PE quanto para RG, embora não necessariamente na mesma ordem. Em mesma ordem estiveram os pares $P_1 \times P_3$ com a primeira colocação, $P_6 \times P_7$ e $P_5 \times P_{10}$, com as respectivas quinta e sexta maiores magnitudes de estimativas de $\hat{\sigma}_{ij}$.

O híbrido $P_3 \times P_7$ deteve média de PE com $3.946,67 \text{ kg}\cdot\text{ha}^{-1}$ de espigas com sementes, sendo o terceiro maior valor, conforme a Tabela 10. Revelou, por sua vez, a segunda maior média para rendimento de grãos, com estimativa de $3396,67 \text{ kg}\cdot\text{ha}^{-1}$.

O híbrido $P_1 \times P_3$, que conteve a maior média para peso médio de espigas, também se destacou para RG, com $3.360,00 \text{ kg}\cdot\text{ha}^{-1}$, e estimativa de CE de $32,13 \text{ mL}\cdot\text{g}^{-1}$ (Tabela 10).

Em alusão ao híbrido com segunda maior estimativa de $\hat{\sigma}_{ij}$ para RG, $P_2 \times P_9$ esteve alocado no segundo grupo de híbridos com melhores comportamentos para PE, com base no agrupamento de Scott Knott (Tabela 10). Deteve rendimento de grãos de $3.166,67 \text{ kg}\cdot\text{ha}^{-1}$, o quinto maior valor, e de CE de $33,53 \text{ mL}\cdot\text{g}^{-1}$, ultrapassando 3,53 unidades o valor considerado como o “marco” para aceitação comercial.

Tem-se, assim, opção de escolha de híbridos superiores para o ambiente de Campos dos Goytacazes. Isso é ratificado pelo fato de que a combinação que expressou a oitava magnitude para PE, qual seja, $P_2 \times P_4$, conteve as maiores estimativas de médias para PE e RG, com valores respectivos de $4.356,67 \text{ kg}\cdot\text{ha}^{-1}$ e $3.493,33 \text{ kg}\cdot\text{ha}^{-1}$. Além disso, expressou CE de $33,17 \text{ mL}\cdot\text{g}^{-1}$, considerada satisfatória. Todavia, para altura de planta, a média expressa foi de 2,02 m, a

segunda maior magnitude, superada apenas por $P_2 \times P_9$, com estimativa de 2,07 m. Essas alturas não são impeditivas para plantios comerciais, mas são plantas mais propensas ao acamamento e quebramento, em decorrência dos fortes ventos que são comuns para Campos dos Goytacazes. Fato atenuante para $P_2 \times P_4$ é que, dentre os 45 híbridos esteve alocado em décimo primeiro lugar para altura média de inserção de espiga; já $P_2 \times P_9$ conteve a segunda maior magnitude para AE (1,34 m), conforme Tabela 10.

Se um programa de melhoramento visar a redução da massa de grãos, destacaram-se os híbridos $P_3 \times P_6$, $P_7 \times P_9$ e $P_9 \times P_{10}$, cujos valores de $\hat{\sigma}_{ij}$ são negativos e elevados, indicando potencial para tal objetivo.

Relativamente à característica FLOR, verificou-se que $P_1 \times P_4$ e $P_1 \times P_6$ destacaram-se pelos valores mais elevados e negativos de $\hat{\sigma}_{ij}$, indicando o potencial destes híbridos para promover a precocidade do ciclo.

Para PQ, objetivam-se híbridos com aptidão para reduzir o número de plantas quebradas, apresentando valores de $\hat{\sigma}_{ij}$ com magnitudes elevadas e negativas. De acordo com esta afirmativa, destacaram-se os híbridos $P_1 \times P_9$, $P_3 \times P_7$, $P_2 \times P_6$ e $P_8 \times P_{10}$ com os valores mais elevados para a estimativa da heterose específica.

Com relação à característica estande (EST), é favorável que os híbridos revelem valores positivos e elevados para a estimativa, denotando que estes genótipos apresentam potencial para formação de adequado estande. Com base nessas informações, indicam-se os híbridos $P_1 \times P_9$, $P_4 \times P_7$, $P_6 \times P_{10}$ e $P_7 \times P_8$ como os mais promissores para tal característica.

4.8. Análise Dialélica de Gardner e Ebehart (1966) para o Ambiente de Itaocara

4.8.1. Análise de Variância para Linhagens e Heteroses

Na Tabela 30, há a análise de variância de 14 características avaliadas de acordo com a metodologia de Gardner e Ebehart (1966), em um cruzamento dialélico entre dez linhagens de milho pipoca, para o ambiente de Itaocara, RJ.

Tabela 30 - Análise de variância de 14 características, de acordo com a metodologia de Gardner e Ebehart (1966), em um cruzamento dialélico entre dez linhagens de milho pipoca, sem os recíprocos. Itaocara, RJ.

FV	GL	Quadrados Médios ^{1/}				
		NE	ED	EP	PE	RG
Genótipo	54	274,0259 **	11,0675 n.s.	11,3137 **	2659954,6593 **	2480351,4420 **
Linhagem	9	248,1654 **	10,9893 n.s.	13,9887 **	6478691,2676 **	5396256,6668 **
Heterose	45	279,1980 **	11,0831 n.s.	10,7787 **	1896207,3376 **	1897170,3971 **
Heterose média	1	1173,6310 **	0,2447 n.s.	17,1967 n.s.	36240131,7130 **	44121820,5430 **
Heterose varietal	9	292,5342 **	5,1446 n.s.	8,7350 n.s.	1492737,4064 **	1309283,7257 **
Heterose específica	35	250,2135 **	12,9198 n.s.	11,1209 **	1018701,7663 **	841922,6798 **
Resíduo	108	67,4373	10,0059	5,0495	117144,3715	85913,3018

^{1/} NE = número médio de espigas; ED = número médio de espigas doentes; EP = número médio de espigas com pragas; PE = peso médio de espigas com grãos; e RG = rendimento de grãos.

n.s. = Não significativo em nível de 0,05;

** = Significativo em nível de 0,01; e

* = Significativo em nível de 0,05.

Continuação.

FV	GL	Quadrados Médios ^{1/}				
		M100	AP	AE	FLOR	CE
Genótipo	54	18,6263 **	0,3855 **	0,1351 **	189,3696 **	3,0625 **
Linhagem	9	51,1342 **	0,4550 **	0,1971 **	135,8835 **	16,9042 **
Heterose	45	12,1247 **	0,3716 **	0,1227 **	200,0668 **	0,2941 n.s.
Heterose média	1	14,4573 **	0,4394 **	0,2292 **	1068,0510 **	3,4613 **
Heterose varietal	9	6,5390 **	0,1817 **	0,0587 **	65,4907 **	0,1054 n.s.
Heterose específica	35	13,4944 **	0,4185 **	0,1361 **	209,8726 **	0,2522 n.s.
Resíduo	108	0,3541	0,0311	0,0062	1,4277	0,3669

^{1/} M100 = massa média de 100 grãos; AP = altura média de planta; AE = altura média de inserção da primeira espiga; FLOR = número médio de dias para florescimento; e CE = capacidade de expansão dos grãos.

n.s. = Não significativo em nível de 0,05;

** = Significativo em nível de 0,01; e

* = Significativo em nível de 0,05.

Continuação.

FV	GL	Quadrados Médios ^{1/}			
		PAC	PQ	EST	EMP
Genótipo	54	0,4867 ^{n.s.}	52,1267 *	150,5424 **	1,2934 ^{n.s.}
Linhagem	9	0,2913 ^{n.s.}	93,5321 **	344,2136 **	0,7520 ^{n.s.}
Heterose	45	0,5258 ^{n.s.}	43,8456 ^{n.s.}	111,8081 **	1,4016 ^{n.s.}
Heterose média	1	0,8075 ^{n.s.}	107,4590 ^{n.s.}	180,9137 **	3,5755 ^{n.s.}
Heterose varietal	9	0,3588 ^{n.s.}	36,0015 ^{n.s.}	70,2340 **	1,4775 ^{n.s.}
Heterose específica	35	0,5607 ^{n.s.}	44,0451 ^{n.s.}	120,5242 **	1,3200 ^{n.s.}
Resíduo	108	0,4997	33,3531	28,3377	1,1294

^{1/} PAC = número médio de plantas acamadas; PQ = número médio de plantas quebradas; EST = estande final; e EMP = número médio de espigas mal empalhadas.

^{n.s.} = Não significativo em nível de 0,05;

** = Significativo em nível de 0,01; e

* = Significativo em nível de 0,05.

Com relação à fonte de variação Genótipo, a maioria das características revelou significância em 1% de probabilidade. Apenas EMP expressou significância em $P < 0,05$, enquanto ED, PAC e EMP não foram significativas em 5% de probabilidade, pelo teste F. Por conseguinte, ED, PAC e EMP não serão consideradas nesse trabalho.

O desdobramento da fonte de variação Genótipos em Linhagens e efeitos heteróticos permite a avaliação do desempenho dos genitores e híbridos, por maximizar a interpretação da heterose. Quando há significância para heterose média, conclui-se que há suficiente divergência genética entre os genitores avaliados; se há significância para heterose varietal, as linhagens se comportaram diferentemente; e se a heterose específica for significativa, deduz-se que os híbridos obtidos pelos cruzamentos se diferenciam.

Excetuando-se a característica que revelou significância em $P < 0,01$, os demais resultados do teste F para Linhagens foram idênticos aos expressos pelas outras características para a fonte de variação Genótipos. Assim, pode-se inferir que as linhagens não compõem um grupo homogêneo, denotando uma situação favorável ao melhoramento, que é primariamente dependente da variabilidade para obtenção de sucesso, seja na confecção de composto para seleção intrapopulacional, ou na síntese de híbridos superiores, dentre outras estratégias para obtenção de ganhos genéticos para obtenção de materiais superiores. No que se refere à fonte de variação Heterose, em relação às características que foram significativas para Genótipos, apenas PQ e CE revelaram ausência de significância.

Com relação ao desdobramento dos efeitos da heterose em heterose média, varietal e específica, concluiu-se que a heterose média revelou-se significativa em 1% de probabilidade para NE, PE, RG, M100, AP, AE, FLOR, CE e EST, indicando que estas características apresentam suficiente divergência genética entre as linhagens estudadas. Excetuando-se CE, todas as características anteriormente relatadas foram significativas em 1% de probabilidade para heterose varietal, ratificando a variabilidade presente entre as linhagens utilizadas como genitoras no dialelo.

Quanto à heterose específica, nove características foram altamente significativas, revelando que para essas características a frequência gênica de

pelo menos parte dos locos diferiram suficiente ou mostraram que houve efeito favorável nas complementações gênicas.

A ausência de significância para a fonte de variação heterose em relação à CE é confirmada pela pífia contribuição dos efeitos da soma de quadrados de Heterose em relação a Genótipos, na proporção de apenas 8%, ao passo que a contribuição dos efeitos da soma de quadrados de Linhagens foi de 92%.

De qualquer forma, não causa estranheza que o vigor híbrido não possa ser aproveitado em elevada proporção para capacidade de expansão, já que não poucas investigações ratificaram a expressão, em maior grandeza, da aditividade para CE (Larish e Brewbaker, 1999; Pereira e Amaral Júnior, 2001; Viana e Matta, 2003; Simon *et al.*, 2004; Freitas Júnior *et al.*, 2006; Scapim *et al.*, 2006; Rangel *et al.*, 2008).

A significância para Heterose média em relação à CE infere, uma vez mais, a presença de divergência genética entre as linhagens para a capacidade de expansão.

Nesse aspecto, a despeito da ausência de significância para heterose varietal, houve amplitude da variação para CE, em Itaocara, de 31,85 a 35,58 mL.g⁻¹, sendo que o menor valor superou as testemunhas comerciais (Tabela 12).

Conclui-se, pois, sobre a possibilidade de reunião de produtividades rentáveis para rendimento de grãos, com expressões de CE superiores ao exigido pelo mercado para uma pipoca de boa qualidade, em híbrido(s) simples constituinte(s) do dialelo em estudo.

4.8.2. Estimativas do Efeito de Variedade

As estimativas dos efeitos de variedade (\hat{V}_i) e de suas médias, bem como seus desvios padrão entre dois genitores quaisquer, para 14 características avaliadas em dialelo completo sem os recíprocos com dez linhagens de milho pipoca estão dispostos na Tabela 31.

Para a característica número de espigas (NE), destacaram-se as linhagens P₅, P₉ e P₁₀, com os valores positivos mais elevados, indicando que se tratam de genitores com elevado potencial para ganhos *per se*; com relação a PE e RG, os valores mais expressivos da estimativa \hat{V}_i , corresponderam às linhagens

Tabela 31 - Estimativas da média dos efeitos de variedades (\hat{V}_i) e seus desvios padrão (DP), segundo a metodologia de Gardner e Ebehart (1966), para 11 características avaliadas em dez genitores de milho pipoca, sem os recíprocos. Itaocara, RJ.

Efeitos Linhagem (V_i) ^{1/}	Características Avaliadas ^{2/}										
	NE	EP	PE	PG	M100	AP	AE	FLOR	CE	PQ	EST
P1	-22,6300	-3,6660	-1371,4990	-1125,8330	-4,6800	-0,7100	-0,4369	1,7665	-0,6050	-5,8330	-8,0330
P2	2,7003	-0,3336	758,5002	734,1669	1,4520	0,2262	0,0901	0,7665	1,2817	2,5005	7,2997
P3	0,0333	1,6664	268,5002	240,8329	1,0820	-0,1600	-0,0219	-0,5665	-1,0517	-2,8330	3,6337
P4	1,0333	0,3334	628,5002	397,4999	2,8150	0,1442	0,1131	-0,5665	-0,7017	-1,1660	8,6337
P5	9,7003	0,6664	328,5002	417,4999	-0,0510	0,1792	0,1131	-0,2335	-1,5317	0,1665	-0,7003
P6	0,0333	0,0004	-243,1668	-264,1671	-0,5010	-0,0010	0,0281	-0,5665	-1,0517	2,8335	-9,0330
P7	-5,6330	0,6664	-521,4998	-420,8331	-0,2180	-0,1060	-0,1019	-0,5665	-1,2517	1,1665	-7,0330
P8	-1,9660	1,6664	-73,1668	-5,8331	0,0620	0,1482	0,0881	-0,2335	2,4483	2,1665	-0,0333
P9	4,0333	-0,9996	-209,8338	-252,5001	-0,6250	0,1132	0,0481	0,4335	1,0150	1,8335	-0,0333
P10	12,7000	0,0004	435,1662	279,1669	0,6650	0,1692	0,0801	-0,2335	1,4483	-0,8335	5,2997
Média das linhagens	37,9667	5,6666	1948,1668	1392,5001	12,6480	2,1088	1,1869	60,2335	33,0517	15,1665	36,0333
DP (Média das linhg.)	2,2479	0,1683	3904,8124	2863,7767	0,0118	0,0010	0,0002	0,0476	0,0122	1,1117	0,9445
DP (\hat{V}_i)	20,2311	1,5148	35143,3114	25773,9905	0,1062	0,0093	0,0019	0,4283	0,1100	10,0059	8,5013
DP ($\hat{V}_i - \hat{V}_j$)	44,9581	3,3663	78096,2476	57275,5345	0,2361	0,0208	0,0042	0,9518	0,2446	22,2354	18,8918

^{1/} P₁ = PR 023; P₂ = PR 024; P₃ = PR 036; P₄ = UEM J1; P₅ = PR 045-1; P₆ = PR 045-2; P₇ = PR 045-3; P₈ = PR 087-1; P₉ = PR 087-2; P₁₀ = PR 087-3.

^{2/} NE = número médio de espigas; EP = número médio de espigas com praga; PE = peso médio de espigas com grãos; RG = rendimento de grãos; M100 = massa média de 100 grãos; AP = altura média de planta; AE = altura média de inserção da primeira espiga; FLOR = número médio de dias para florescimento; CE = capacidade de expansão dos grãos; PQ = número médio de plantas quebradas; e EST = estande final.

P₂, P₃, P₄, P₅ e P₁₀, destacando-se a linhagem P₂ com os maiores valores positivos de \hat{V}_i para ambas as características. Assim, estes genitores expressaram potencial promissor para o melhoramento intrapopulacional, como a formação de compostos a serem submetidos a seleções recorrentes não recíprocas. Há que se notar que dentre essas linhagens, P₅ e P₁₀ revelaram-se de interesse para aumentos no número de espigas, portanto, com bom desempenho *per se* para E, PE e RG.

Quanto à característica M100, revelou-se a linhagem P₁, por apresentar elevado valor negativo para \hat{V}_i , evidenciando seu potencial para reduzir a massa de grãos; em contraste, tem-se a linhagem P₄, cujo valor de \hat{V}_i foi elevado e positivo. Em alusão às características AP e AE, a linhagem P₁ revelou os melhores resultados de \hat{V}_i para ambas as características, quando o programa de melhoramento objetiva reduzir o porte das plantas.

No que se refere à característica FLOR, os melhores genitores correspondem àqueles cujos valores de \hat{V}_i são elevados e negativos, quando o programa de melhoramento visa a precocidade. Desse modo, destacaram-se as linhagens P₃, P₄, P₆ e P₇, demonstrando viabilidade para reduzir o número de dias para o florescimento em métodos intrapopulacionais.

No que tange a característica CE, conclui-se que os melhores genitores foram P₂, P₈, P₉ e P₁₀, em razão de seus superiores valores positivos para \hat{V}_i . São, pois, linhagens com elevado potencial *per se* para incrementar a capacidade de expansão dos grãos. Para a característica PQ, as linhagens P₁, P₃ e P₄, por seus mais elevados valores negativos de \hat{V}_i , tendem a contribuir favoravelmente para o menor quebramento das plantas em programas intrapopulacionais.

Avaliando a característica EST, tem-se que P₆, P₁ e P₇ foram os genitores que manifestaram as mais elevadas magnitudes positivas para \hat{V}_i , demonstrando sê-los de aptidão para redução de falhas nos experimentos em programas intrapopulacionais.

É oportuno ressaltar que a amplitude da variação dos efeitos dos genitores e entre dois genitores indica se há diferença entre eles, bem como se há variabilidade genética. Quando a amplitude da variação é superior a duas

vezes o desvio padrão, indica que há diferença entre os genitores, ou seja, há variabilidade genética entre as linhagens estudadas (Singh e Chaudhary, 1985).

Praticamente 50% das características com significância para a fonte de variação Genótipos expressou amplitude de variação entre os genitores em relação aos desvios padrão entre dois genitores quaisquer superior a 2,00. As magnitudes dessas proporções em relação às características foram: E (0,7858); EP (1,5840); PE (0,0272); RG (0,0324); M100 (31,7450); AP (45,0096); AE (130,9523); FLOR (2,4511); CE (15,1267); PQ (0,3897); e EST (0,9351).

4.8.3. Estimativas dos Efeitos da Heterose Média e Varietal

As estimativas da Heterose média e varietal, bem como os desvios padrão, estão presentes na Tabela 32.

Para as características EP e PQ a ausência de significância para o efeito da Heterose média indica que, em geral, as linhagens apresentaram comportamento pouco expressivo quanto à divergência genética.

Com relação ao número médio de espigas (NE), tem-se que a Heterose média positiva é um indício de que as linhagens detêm variabilidade favorável para a síntese de híbridos promissores.

Esse indício é reforçado pelo fato de que a estimativa da Heterose média para E superou o desvio padrão em 2,5168 vezes, com estimativa de $6,9140 \pm 2,7474$.

As linhagens com Heteroses varietais mais expressivas para E foram P_1 , P_3 , P_4 e P_8 , nesta ordem, donde se espera que combinações oriundas dessas linhagens tenderão a prover híbridos superiores para número de espigas.

Porém, essa pressuposição requer maior acuidade, posto que discrepâncias de sinais entre \hat{V}_i e \hat{h}_i , como ocorreu entre P_1 e P_8 (Tabelas 31 e 32), denotam que se determinada linhagem é pouco divergente das demais e possui potencial para reduzir a característica pode, na complementação gênica com as demais favoráveis, aumentar a média de suas combinações híbridas, resultando em estimativas positivas de \hat{h}_i . Nesse caso, Vencovsky (1970)

Tabela 32 - Estimativas dos efeitos de heterose média (\bar{h}), varietal (\hat{h}_i), e seus desvios padrão (DP), segundo a metodologia de Gardner e Ebehart (1966), para nove características avaliadas em dez genitores de milho pipoca, sem os recíprocos. Itaocara, RJ.

Efeitos	Características Avaliadas ^{2/}								
	NE	PE	RG	M100	AP	AE	FLOR	CE	EST
Heterose média (\bar{h})	6,9148	1215,0925	1340,7295	0,7674	0,1338	0,0966	-6,5960	-0,3755	2,7140
DP (\bar{h})	2,7474	4772,5484	3500,1715	0,0144	0,0012	0,0002	0,0582	0,0149	1,1540
Heterose varietal (h_i) ^{1/}									
P1	11,3669	402,4999	315,9500	1,0031	0,2620	0,1297	1,2335	-	6,8832
P2	-0,0501	151,0416	181,3664	0,3137	0,0089	0,0086	0,1086	-	-0,6583
P3	5,6584	623,1248	589,3254	0,3735	0,0940	0,0420	0,0666	-	1,2166
P4	3,2417	513,3333	530,7419	1,2399	0,0901	0,0937	2,2333	-	0,3832
P5	-5,5084	-427,2917	-450,0917	-0,0911	-0,0655	-0,0485	2,1918	-	-0,3248
P6	-6,2166	-532,0832	-499,4665	-1,6160	-0,2427	-0,1436	-5,5585	-	-2,1166
P7	1,9500	68,7498	33,2832	-0,1136	0,0749	0,0354	1,6915	-	1,4250
P8	2,0333	45,6252	12,6166	0,1796	0,0414	0,0277	1,0251	-	-0,0333
P9	-5,0916	-503,7498	-396,9666	-1,3780	-0,2144	-0,1121	-4,8916	-	-3,4500
P10	-7,3834	-341,2498	-316,7584	0,0899	-0,0484	-0,0327	1,9000	-	-3,3248
DP (\hat{V}_i)	7,5866	13178,7417	9665,2464	0,0398	0,0035	0,0007	0,1606	-	3,1879
DP ($\hat{V}_i - \hat{V}_j$)	16,8590	29286,0928	21478,3250	0,0885	0,0077	0,0015	0,3569	-	7,0844

^{1/}P₁ = PR 023; P₂ = PR 024; P₃ = PR 036; P₄ = UEM J1; P₅ = PR 045-1; P₆ = PR 045-2; P₇ = PR 045-3; P₈ = PR 087-1; P₉ = PR 087-2; P₁₀ = PR 087-3.

^{2/} NE = número médio de espigas; PE = peso médio de espigas com grãos; RG = rendimento de grãos; M100 = massa de 100 grãos; AP = altura média de planta; AE = altura média de inserção da primeira espiga; FLOR = número de dias para florescimento; CE = capacidade de expansão dos grãos; e EST = estande final.

preconiza que a seleção deve ser praticada com base nas estimativas dos efeitos de variedades (\hat{V}_i).

Isto posto, as linhagens mais discrepantes foram P₅, P₉, P₁₀ e P₁, que tenderão a proporcionar os híbridos mais desejáveis para número médio de espigas. Todavia, na concepção de Miranda Filho e Vencovsky (1984), o efeito de \hat{V}_i torna-se o mais importante quando o efeito de heterose de variedade for não significativo. Como para E o efeito de heterose varietal foi altamente significativo, não há motivo para desconsiderar P₁, P₃, P₄ e P₈ como as linhagens mais alvissareiras para síntese de híbridos superiores.

As Heteroses médias positivas para PE e RG atestam a diversidade presente entre as linhagens, o que é um alento para a obtenção de híbridos superiores. Porém, não se pode preconizar tratar-se de uma diversidade pujante, já que as relações entre as Heteroses médias e seus desvios padrão foram de 0,2546 e 0,3830 para PE e RG, respectivamente.

Os mais expressivos efeitos de Heterose varietal foram revelados pelas linhagens P₁, P₂, P₃ e P₄ (Tabela 32). Porém, com base nos efeitos de \hat{V}_i , a linhagem P₁ revelou valor negativo (Tabela 31). Ademais, outras discordâncias podem ser assinaladas: a) P₅, que exibiu valor negativo de \hat{h}_i para PE e RG, expressou-se positivamente para \hat{V}_i ; e b) P₇, P₈ e P₁₀ embora tenham proporcionado valores positivos para \hat{h}_i , para \hat{V}_i , essas estimativas foram negativas.

Com base no exposto por Vencovsky (1970), em particular a P₅ ocorreu que provavelmente por ser muito divergente das demais e possuir potencial genético para elevar as características pode, na complementação alélica com as demais não-favoráveis, ter prejudicado a média das suas combinações híbridas, resultando em estimativas negativas de \hat{h}_i .

Porém, como a Heterose varietal foi significativa tanto para PE quanto para RG, na premissa de Miranda Filho e Vencovsky (1984), híbridos superiores tenderão a ser obtidos das combinações entre as linhagens que exibiram efeitos positivos para \hat{h}_i , quais sejam: P₁, P₂, P₃, P₄, P₇ e P₈.

Com relação à característica M100, os genitores P₁ e P₄ demonstraram os mais elevados valores positivos para \hat{h}_i . Todavia, P₁ revelou valor negativo de

Vi. Por conseguinte, com base na estimativa de \hat{V}_i , tem-se que as linhagens mais contrastantes foram P₂, P₄ e P₁₀ com P₁ e P₉.

Para AP e AE, os valores positivos da Heterose média denotam que os híbridos tendem a ser superiores do que os genitores, o que, para as características em questão, não é essencialmente desejável, uma vez que interessa a redução do porte das plantas. Todavia, as estimativas de Heterose média não foram elevadas, além do que os desvios padrão foram ínfimos, com valores de $0,1338 \pm 0,0012$ para AP e $0,0966 \pm 0,0002$ para AE, o que facilita a identificação de genótipos superiores, mas pouco desviantes da média geral.

Pelas estimativas de \hat{h}_i , os genótipos mais interessantes para proporcionar redução na altura de planta e de espigas foram P₆ e P₉, pelas estimativas negativas em maior magnitude. Aqui, por se desejar valores de \hat{h}_i negativos e, valendo-se do pressuposto por Miranda Filho e Vencovsky (1984) de que o efeito de variedade torna-se o mais importante para a seleção de genótipos, porém quando o efeito de Heterose varietal for não-significativo, P₆ e P₉ são portanto, os mais interessantes, valendo-se ainda de argumentos dos autores que, em certas situações, o efeito de heterose de variedade tem importância quando se observam valores negativos.

Para FLOR, a negatividade do sinal da Heterose média é valioso, pois indica que os híbridos são “piores” que os genitores, ou seja, têm florescimento em menor tempo, o que é vantajoso para reduzir o ciclo da cultura. Quanto às heteroses mais interessantes têm-se os genitores P₆ e P₉, com as estimativas mais negativas de \hat{h}_i .

Com relação à estande (EST), sobressaíram-se as linhagens P₁, P₃ e P₇ por apresentarem valores positivos elevados para \hat{h}_i , sendo que apenas o genitor P₃ revelou o mesmo sinal para as estimativas de \hat{V}_i e \hat{h}_i . Apesar da significância para Heterose varietal em relação à EST, as discrepâncias de sinais entre P₁ e P₇ em relação a \hat{V}_i , é favorável para a síntese de híbridos superiores, por estar vinculada à divergência genética.

4.8.4. Estimativa dos Efeitos de Heterose Específica

Estão presentes na Tabela 33, as estimativas dos efeitos de heterose específica, e seus desvios padrão, segundo a metodologia de Gardner e Ebehart (1966), para nove características avaliadas em 45 híbridos.

Em referência à característica E, os melhores híbridos foram: $P_1 \times P_6$, $P_1 \times P_9$, $P_2 \times P_9$, $P_4 \times P_6$ e $P_5 \times P_9$ considerando-se que as linhagens desejáveis para NE foram P_1 , P_3 , P_4 e P_8 , não era esperado sobressaírem-se $P_2 \times P_9$ e $P_5 \times P_9$. Há que se atentar que nessa situação, deve-se recorrer às médias dos híbridos, conforme propalado por Scapim *et al.* (2006). Nesse aspecto, o híbrido $P_3 \times P_8$ aqui não referenciado, conteve a maior média, seguido por $P_2 \times P_9$ e $P_4 \times P_6$, esses últimos presentes no grupo destacado com base em $\hat{\sigma}_{ij}$. De qualquer forma, todos os híbridos superiores por $\hat{\sigma}_{ij}$ participam do grupo de médias com valores mais destacados pelo agrupamento de Scott Knott (Tabela 12).

Com relação à característica EP, alguns híbridos revelaram valores negativos elevados para $\hat{\sigma}_{ij}$, indicando que estas combinações apresentaram menor ataque de pragas em espigas, em relação às demais. Os híbridos superiores foram $P_6 \times P_9$, $P_5 \times P_7$, $P_3 \times P_8$ e $P_1 \times P_7$.

Na análise das características PE e RG, nota-se que os melhores híbridos para uma característica, também o foram para a outra, com as combinações revelando os valores mais elevados e positivos para $\hat{\sigma}_{ij}$. Para ambas as características também houve magnitudes positivas de $\hat{\sigma}_{ij}$, porém com intensidades menores, nos pares: $P_4 \times P_9$, $P_4 \times P_{10}$, $P_4 \times P_6$, $P_8 \times P_{10}$, $P_3 \times P_6$, $P_3 \times P_8$ e $P_3 \times P_9$.

No que se refere à característica M100, os híbridos $P_1 \times P_9$ e $P_2 \times P_{10}$ apresentaram os valores mais elevados e positivos para a estimativa $\hat{\sigma}_{ij}$, denotando o potencial destas combinações para elevar a massa de grãos em relação às demais. Porém, P_1 e P_9 advêm de efeitos de variedade negativos, portanto, sua exclusão é coerente, sobretudo quando se constata que este par participou do grupo de um total de seis, formados pelo teste Scott Knott, ao passo que $P_2 \times P_{10}$ se reuniu no primeiro grupo (Tabela 12). Para a característica FLOR, sobressaíram-se os híbridos cujos valores de $\hat{\sigma}_{ij}$ foram negativos, indicando que estas combinações mostraram-se precoces em relação aos demais híbridos. Os híbridos superiores foram: $P_2 \times P_8$ e $P_3 \times P_5$.

Tabela 33 - Estimativas dos efeitos de heterose específica (s_{ij}) e seus desvios padrão (DP), segundo a metodologia de Gardner e Ebehart (1966), para nove características avaliadas em 45 híbridos F_{1s} .

Genótipos ^{2/}	Características ^{1/}								
	NE	EP	PE	RG	M100	AP	AE	EST	FLOR
P1 x P2	-0,2316	0,9537	-180,3010	-244,7120	-0,7378	0,0839	0,0335	-1,2733	-1,2456
P1 x P3	-0,6066	0,4951	230,9488	77,3282	0,0745	0,0293	-0,0030	-0,9812	-0,5371
P1 x P4	-5,6899	0,3701	-495,9257	-395,7540	-1,2925	-0,1584	-0,1020	-4,3147	-2,0368
P1 x P5	2,7268	-0,5450	29,6993	-4,9212	-0,6384	0,0298	0,0052	3,0602	-1,8288
P1 x P6	13,6014	-0,2540	598,6573	511,9540	0,8958	0,2045	0,1018	8,3516	6,0881
P1 x P7	-11,3977	-2,0400	-621,3422	-519,1290	-0,8954	-0,1476	-0,1020	-3,1900	-2,1620
P1 x P8	-9,3145	0,2867	-262,3841	-309,2960	0,8143	-0,0616	-0,0630	-5,5647	-2,6621
P1 x P9	10,8104	0,3287	801,9904	813,6206	2,1330	0,3136	0,1683	6,1850	5,5882
P1 x P10	0,1018	0,4124	-101,3426	70,9119	-0,3534	-0,2934	-0,0370	-2,2728	-1,2039
P2 x P3	-5,8566	0,8288	-517,5929	-458,0880	-3,7027	-0,1081	-0,0860	-4,1062	0,0878
P2 x P4	-4,2729	0,7038	-276,1344	-171,1710	0,1703	-0,1417	-0,1440	-3,4397	-1,4119
P2 x P5	-4,5232	1,7860	-470,5094	-287,0040	-1,1355	0,0184	-0,0700	-5,0647	-0,5369
P2 x P6	1,6854	-0,5870	236,7826	123,2036	1,3347	0,2291	0,1174	4,2266	3,3799
P2 x P7	-2,3147	-1,3700	300,1161	275,4539	0,1645	-0,0390	-0,0590	1,0190	-0,5371
P2 x P8	0,7685	-1,0400	-190,9257	-191,3795	0,1112	-0,4030	-0,0290	2,6432	-5,0372
P2 x P9	11,5604	-0,0040	1025,1158	884,8703	1,7928	0,3313	0,2029	3,7270	6,5461
P2 x P10	3,1848	-1,2500	73,4488	68,8285	2,0025	0,0293	0,0355	2,2682	-1,2451
P3 x P4	-6,3149	1,2450	-881,5506	-765,7962	-1,1904	-0,1234	-0,1020	-4,1487	-1,3705
P3 x P5	2,7688	1,6620	-19,2596	-21,6296	0,7367	-0,0053	-0,0040	0,5603	-4,8284
P3 x P6	6,6434	1,9530	399,6994	385,2456	1,3540	0,2145	0,1380	2,5187	3,7544
P3 x P7	3,6433	-0,8380	591,3659	662,8289	0,8227	-0,1246	-0,0310	2,3101	-0,8286
P3 x P8	3,3935	-2,1700	278,6570	163,9955	-0,0035	0,0604	0,0137	3,6013	-0,3287
P3 x P9	3,1854	-1,4600	254,6995	300,2453	1,9111	0,1696	0,0765	4,3521	5,2546
P3 x P10	-6,8562	-1,7120	-336,9675	-344,1295	-0,0023	-0,1124	0,0002	-4,1067	-1,2036
P4 x P5	0,0185	-1,1290	108,8659	-89,7126	-0,0363	-0,3059	0,0612	2,2267	-2,6622
P4 x P6	11,5601	-0,5044	486,1569	428,8287	1,6570	0,3669	0,1938	1,8521	6,2547
P4 x P7	4,5600	-0,2961	189,4904	287,7449	-0,7673	0,0257	0,0068	5,3105	-1,9953
P4 x P8	-1,3567	-1,6290	-48,2175	-75,7545	-0,3605	0,1048	-0,0070	-0,7313	-0,4955
P4 x P9	-0,5649	1,4119	457,8240	487,1623	1,9451	0,3280	0,2163	1,6855	6,0878
P4 x P10	2,0605	-0,1715	459,4910	294,4535	-0,1253	-0,0960	-0,1211	1,5597	-2,3703
P5 x P6	-13,3562	-1,4210	-609,8841	-627,0047	1,0711	0,0190	0,0010	5,5601	7,4627
P5 x P7	-2,0234	-2,2130	171,7824	178,5785	-0,4692	-0,0261	-0,0330	-1,9815	-1,1203
P5 x P8	-2,2731	2,7869	157,4075	251,7452	-0,2194	-0,0651	-0,1003	-2,3563	-0,6205
P5 x P9	12,8518	-0,1711	780,1160	694,6619	0,5752	0,2781	0,1395	1,7265	4,6298
P5 x P10	3,8101	-0,7545	-148,2180	-94,7129	0,1158	0,0571	0,0012	-3,7313	-0,4953
P6 x P7	1,1853	-0,2547	332,4074	368,7868	1,5111	0,2396	0,1687	-0,6902	5,1296
P6 x P8	8,2685	1,7452	-46,9675	71,9534	1,3078	0,2926	0,1663	4,6021	6,2964
P6 x P9	-35,6066	-4,8790	-1900,9250	-1578,4629	-9,8575	-1,8411	-1,0658	-28,6481	-43,1203
P6 x P10	6,0188	4,2039	504,0740	315,4954	0,7261	0,2749	0,1788	2,2271	4,7546
P7 x P8	4,2684	1,6204	18,0320	-125,7964	-0,4564	-0,0765	-0,0427	-1,6065	-1,6206
P7 x P9	3,3933	4,9954	-644,2595	-886,2126	0,7452	0,1537	0,1352	2,8102	5,6297
P7 x P10	-1,3144	0,4121	-337,5924	-242,2544	-0,6552	-0,0053	-0,0422	-3,9815	-2,4954
P8 x P9	-1,1895	-0,3375	-283,6343	-216,3800	0,6350	0,1347	0,1028	-0,2315	4,7966
P8 x P10	-2,5651	-1,2540	378,0326	430,9123	-1,8284	0,0138	-0,0396	-0,3563	-0,3286
P9 x P10	-4,4402	0,1201	-490,9258	-499,5050	0,1202	0,1320	0,0243	8,3935	4,5877
DP (S_{ij})	17,4837	1,3091	30370,7620	22273,8190	0,0918	0,0081	0,0016	7,3468	0,3702
DP($S_{ij}-S_{ik}$)	39,3384	2,9455	68334,2160	50116,0920	0,2066	0,0182	0,0037	16,5303	0,8328
DP($S_{ij}-S_{kl}$)	33,7186	2,5247	58572,1850	42956,6500	0,1771	0,0156	0,0031	14,1689	0,7139

^{1/}NE= número médio de espigas; ED= número médio de espigas doentes; EP= número médio de espigas atacadas por pragas; PE= peso médio de espigas com grãos; RG= rendimento de grãos; M100= massa de 100 grãos; FLOR= número de dias para o florescimento; PQ= número médio de plantas quebradas; e EST= estande final.

^{2/} P₁ = PR 023; P₂ = PR 024; P₃ = PR 036; P₄ = UEM J1; P₅ = PR 045-1; P₆ = PR 045-2; P₇ = PR 045-3; P₈ = PR 087-1; P₉ = PR 087-2; P₁₀ = PR 087-3.

De acordo com os valores da estimativa $\hat{\sigma}_{ij}$ para as características AP e AE, destacaram-se as combinações $P_6 \times P_9$, $P_2 \times P_4$, $P_1 \times P_4$, $P_3 \times P_4$, $P_2 \times P_8$ e $P_1 \times P_{10}$, com estimativas negativas de $\hat{\sigma}_{ij}$, denotando potencial para apresentar plantas de menor porte, desejáveis para regiões com fortes ventos como o Noroeste Fluminense. Dentre esses híbridos, os que expressaram média mais condizentes para redução do porte foram: $P_1 \times P_{10}$, $P_1 \times P_4$ e $P_2 \times P_8$ (Tabela 12).

Os híbridos que revelaram melhor potencial para formação de adequado estande, são aqueles cujos valores de $\hat{\sigma}_{ij}$ foram positivos. Destacaram-se as combinações híbridas $P_1 \times P_6$ e $P_9 \times P_{10}$.

4.9. Análise Dialélica Conjunta de Gardner e Ebehart (1966)

4.9.1. Análise de Variância para Linhagens e Heteroses

Na Tabela 34 encontra-se a análise de variância para 14 características avaliadas de acordo com a metodologia de Gardner e Ebehart (1966), em cruzamento dialélico completo envolvendo dez linhagens de milho pipoca.

Segundo a análise de variância, a fonte de variação Genótipo apresentou significância em 1% de probabilidade, pelo teste F, para a maioria das características, com exceção do número de plantas acamadas (PAC).

Para Linhagem, apenas não houve diferença significativa em $P < 0,01$ para PAC e EP. Com relação à Heterose, as características PAC, PQ e EMP revelaram significância em 5% de probabilidade, enquanto as demais apresentaram diferença significativa em 1% de probabilidade.

Excluindo-se PAC e EP, no que se refere à fonte de variação Linhagem, as significâncias para os quadrados médios em relação às demais características indicam que as linhagens não constituem um grupo homogêneo, diferindo quanto à capacidade geral de combinação. Para todas as características avaliadas, a significância quanto à Heterose denota manifestação heterótica nos híbridos, revelando que a heterose interfere na capacidade geral de combinação.

Tabela 34 - Análise de variância conjunta de 14 características, de acordo com a metodologia de Gardner e Ebehart (1966), em um cruzamento dialélico entre dez linhagens de milho pipoca. Campos dos Goytacazes e Itaocara, RJ.

FV	GL	Quadrados Médios ^{1/}				
		NE	ED	EP	PE	RG
Genótipo (G)	54	420,9444 **	41,2688 **	13,0104 **	3747686,7847 **	3294181,2991 **
Linhagem (L)	9	697,5213 **	68,4862 **	7,0436 n.s.	10371664,7791 **	8013436,3216 **
Heterose (H)	45	365,6290 **	35,8253 **	14,2037 **	2422891,1859 **	2350330,2946 **
Heterose média	1	1956,8464 **	6,6360 n.s.	117,7972 **	48700700,3281 **	55323786,1878 **
Heterose varietal	9	643,4384 **	51,1215 **	8,6765 n.s.	2937362,1783 **	2383559,1237 **
Heterose específica	35	248,7289 **	32,7260 **	12,6652 **	968375,5266 **	828258,4273 **
Ambiente (A)	1	12646,9129 **	6889,8236 **	106,0233 **	11141280,6916 **	7015589,8315 **
G x A	54	200,6999 **	31,8569 **	15,1837 **	562129,5946 **	457732,9609 **
L x A	9	244,1532 **	44,8209 **	20,3419 **	801852,1680 **	608958,3015 **
H x A	45	192,0093 **	29,2641 **	14,1520 **	514185,0800 **	427487,8927 **
H. média x A	1	17,7415 n.s.	3,5581 n.s.	24,8980 n.s.	2356041,6892 **	3825176,2117 **
H. varietal x A	9	119,1026 n.s.	51,3543 **	9,5946 n.s.	256533,2672 *	212041,4128 **
H. específica x A	35	215,7357 **	24,3182 *	15,0169 **	527813,9287 **	385811,6070 **
Resíduo	216	81,4100	41,2688	6,5850	123798,1850	83668,8350

^{1/} NE = número médio de espigas; ED = número médio de espigas doentes; EP = número médio de espigas com pragas; PE = peso médio de espigas e RG = rendimento de grãos.

n.s. = Não significativo em nível de 0,05;

** = Significativo em nível de 0,01; e

* = Significativo em nível de 0,05.

Continuação.

FV	GL	Quadrados Médios ^{1/}				
		M100	AP	AE	FLOR	CE
Genótipo (G)	54	17,2310 **	0,2715 **	0,1159 **	136,5277 **	5,9008 **
Linhagem (L)	9	63,7658 **	0,4740 **	0,2637 **	57,9929 **	31,7997 **
Heterose (H)	45	7,9240 **	0,2310 **	0,0863 **	152,2347 **	0,7211 **
Heterose média	1	19,3812 **	0,9500 **	0,6530 **	2413,6706 **	12,7574 **
Heterose varietal	9	7,3909 **	0,1430 **	0,0370 **	28,5926 **	0,3991 n.s.
Heterose específica	35	7,7337 **	0,2331 **	0,0829 **	119,4159 **	0,4599 n.s.
Ambiente (A)	1	790,0375 **	14,8952 **	2,1749 **	84,5830 **	0,0318 n.s.
G x A	54	5,9400 **	0,1765 **	0,0597 **	112,8340 **	0,0941 n.s.
L x A	9	7,1857 **	0,1407 **	0,0499 **	121,8820 **	0,0700 n.s.
H x A	45	5,6908 **	0,1837 **	0,0616 **	111,0244 **	0,0989 n.s.
H. média x A	1	0,9576 n.s.	0,0015 n.s.	0,0233 n.s.	8,4162 n.s.	0,8849 n.s.
H. varietal x A	9	1,5169 **	0,0914 **	0,0390 **	51,5329 **	0,1884 n.s.
H. específica x A	35	6,8993 **	0,2126 **	0,0685 **	129,2539 **	0,0535 n.s.
Resíduo	216	0,4750	0,0250	0,0080	4,5100	0,3514

^{1/} M100 = massa média de 100 grãos; AP = altura média de planta; AE = altura média de inserção da primeira espiga; FLOR = número médio de dias para florescimento; e CE = capacidade de expansão dos grãos.

n.s. = Não significativo em nível de 0,05;

** = Significativo em nível de 0,01; e

* = Significativo em nível de 0,05.

Continuação.

FV	GL	Quadrados Médios ^{1/}			
		PAC	PQ	EST	EMP
Genótipo (G)	54	0,6292 ^{n.s.}	55,6661 ^{**}	201,7941 ^{**}	1,6471 ^{**}
Linhagem (L)	9	0,3258 ^{n.s.}	152,8890 ^{**}	626,4968 ^{**}	2,1701 [*]
Heterose (H)	45	0,6899 [*]	36,2214 [*]	116,8535 ^{**}	1,5424 [*]
Heterose média	1	1,8891 [*]	66,6718 ^{n.s.}	405,5632 ^{**}	0,1440 ^{n.s.}
Heterose varietal	9	0,3881 ^{n.s.}	44,1860 ^{n.s.}	194,6724 ^{**}	1,5057 ^{n.s.}
Heterose específica	35	0,7332 [*]	33,3034 ^{n.s.}	88,5941 ^{**}	1,5918 [*]
Ambiente (A)	1	1,3249 ^{n.s.}	2922,1300 ^{**}	3096,9687 ^{**}	16,6253 ^{**}
G x A	54	0,3857 ^{n.s.}	35,1063 [*]	91,5329 ^{**}	1,1557 ^{n.s.}
L x A	9	0,6633 ^{n.s.}	25,2869 ^{n.s.}	107,7837 ^{**}	2,0378 [*]
H x A	45	0,3302 ^{n.s.}	37,0701 [*]	88,2828 ^{**}	0,9792 ^{n.s.}
H. média x A	1	0,0121 ^{n.s.}	41,9983 ^{n.s.}	1,2385 ^{n.s.}	9,3963 ^{**}
H. varietal x A	9	0,4148 ^{n.s.}	28,2201 ^{n.s.}	15,0059 ^{n.s.}	0,9263 ^{n.s.}
H. específica x A	35	0,3176 ^{n.s.}	39,2050 [*]	109,6124 ^{**}	0,7524 ^{n.s.}
Resíduo	216	0,4750	55,6661	35,0500	1,0000

^{1/} PAC = número médio de plantas acamadas; PQ = número médio de plantas quebradas; EST = estande final; e EMP = número médio de espigas mal empalhadas.

^{n.s.} = Não significativo em nível de 0,05;

^{**} = Significativo em nível de 0,01; e

^{*} = Significativo em nível de 0,05.

Com o desdobramento da fonte de variação Heterose, observa-se que a heterose média apresentou significância para a maioria das características avaliadas, exceto para ED, PQ e EMP, que revelaram ausência de diferença significativa em 5% de probabilidade. Para as características que revelaram significância, conclui-se que há suficiente divergência genética entre os genitores avaliados, resultando em uma situação favorável para se aplicar o melhoramento genético. De outra forma, pode-se preconizar que a variância das freqüências gênicas entre as linhagens é alta para locos em dominância.

Com relação à Heterose varietal, algumas características mostraram ausência de efeito significativo da heterose, em 5 e 1%, a saber: EP, CE, PAC, PQ e EMP. Para estas características, evidencia-se que as linhagens não se comportaram diferentemente, não havendo, portanto, diferença expressiva entre elas. Quanto às demais características, atesta-se que pelo menos alguns genitores se diferenciaram entre si em relação às freqüências gênicas médias ou pelo grau de dispersão dessas freqüências.

Pela avaliação da heterose específica, observou-se que apenas as características CE e PQ não apresentaram diferença significativa em 5% de probabilidade, o que denota que os efeitos heteróticos não são favoráveis para síntese de híbridos com superioridade genotípica por meio da dominância.

Em particular a CE, no desdobramento da soma de quadrados de Genótipos, os efeitos de linhagem contribuem com somente 10,1836%, enquanto 89,2164% advêm da heterose.

Na concepção de Scapim *et al.* (2006), o diminuto efeito da heterose indica que a predição dos híbridos com base na média é um bom critério para a seleção de genitores a serem utilizados em cruzamentos.

Cumprе rememorar que não é surpresa os efeitos da complementação gênica serem de contribuição pífia para a síntese de híbridos em relação ao conjunto de linhagens avaliadas para CE, posto que várias pesquisas constataram a supremacia da aditividade para a característica, como os estudos de Lyerly (1942); Dofing *et al.* (1991); Pacheco *et al.* (1998); Larish e Brewbaker (1999); Pereira e Amaral Júnior (2001); Viana e Matta (2003); Simon *et al.* (2004); Freitas Júnior *et al.* (2006); Scapim *et al.* (2006); Rangel *et al.* (2008).

A significância para a fonte de variação Heterose média quanto à CE, ratifica a ocorrência de divergência entre as linhagens. Nesse contexto, a despeito

da ausência de significância para Heterose varietal e específica em relação à CE, a amplitude da variação, considerando os ambientes avaliados foi de 31,12 mL.g⁻¹ para P₃ x P₅ a 34,93 mL.g⁻¹ para P₈ x P₁₀ (Tabela 14). A variabilidade para CE, mesmo considerando o limite inferior, revela valores consonantes com as exigências do mercado consumidor, que tem como “marco” para aceitação, pipoca com um mínimo de 30 mL.g⁻¹ de pipocamento. Outrossim, o limite inferior de 31,12 mL.g⁻¹ expresso para o conjunto de híbridos, foi pouco inferior à magnitude de 31,32 mL.g⁻¹ expressa pela testemunha de melhor desempenho para CE, no caso, IAC 112 (Tabela 14). As demais testemunhas, todas comerciais, revelaram valores inferiores a IAC 112, a saber: 30,71 mL.g⁻¹ para IAC 125 e 30,50 mL.g⁻¹ para Zélia (Tabela 14).

A análise da fonte de variação Ambiente apenas não revelou significância para CE e PAC.

Alexander e Creech (1977) referem-se a capacidade de expansão como característica poligênica, porém sujeita à baixa influência ambiental.

Excluindo-se CE, PAC e EMP, PQ ao exibir significância em P<0,05 e as demais características em P<0,01 para G x A, demonstra-se que as linhagens e, ou híbridos, além de divergentes entre si também diferem quanto ao comportamento nos dois ambientes avaliados. O desdobramento da interação G x A em L x A e H x A torna possível constatar que as únicas discordâncias para as significâncias ocorreram com PQ, em que L x A foi não-significativa, ao passo que H x A foi significativa em P<0,05; e EMP, para a qual ocorreu situação inversa.

Assim, tanto as linhagens quanto os híbridos constituem grupos e genótipos em que pelo menos parte do conjunto possui comportamento diferenciado em Campos dos Goytacazes e Itaocara, respectivamente região Norte e Noroeste Fluminense.

No que tange ao desdobramento da Heterose em Heterose média x Ambiente, Heterose varietal x Ambiente e Heterose específica x Ambiente, os seguintes resultados ocorreram: a) Para a Heterose média x Ambiente, apenas RG, PE e EMP foram significativas, com P<0,01; b) quanto a Heterose varietal x Ambiente, PE foi significativo em P<0,05, ao passo que ED, RG, M100, AP, AE, FLOR e EST foram significativas em P<0,01.

Com base na premissa de Scapim *et al.* (2002), esses resultados, em conjunto, significam que para as características que exibiram significância para os

efeitos avaliados, existe variância suficiente das freqüências gênicas entre os híbridos e que algumas delas se diferem entre si, quanto às freqüências gênicas médias ou quanto ao grau de dispersão dessas freqüências. Essas diferenças, para os graus de complementações alélicas também se mantiveram nos dois ambientes avaliados.

Com base no propalado por Vencovsky (1970) e Cruz *et al.* (2004), para as características NE, PE, RG, M100, AP, AE, FLOR e EST, as quais revelaram significância dos quadrados médios da heterose, bem como seus desdobramentos, admite-se que há existência da heterose e ocorrerá dominância unidirecional. Em situação contrária, ou seja, se a heterose média não revelar significância e as heteroses varietal e específica forem significativas, pode-se afirmar que a herança é bidirecional. As características com efeito bidirecional caracterizam-se por expressar desvios de dominância negativos e positivos, podendo ser traduzidas pela maior proximidade genética entre os genitores em estudo. O único exemplo, no presente trabalho, ocorreu com ED.

4.9.2. Estimativas do Efeito de Variedade

Na Tabela 35 há as estimativas dos efeitos de variedade (\hat{V}_i) e de suas médias, seus respectivos desvios padrão, bem como os desvios padrão entre duas linhagens quaisquer para as 14 características avaliadas.

Para número médio de espigas (NE), os genitores P₅, P₆, P₉, P₁₀ e P₈ foram os mais promissores, pois apresentaram, nessa ordem, os valores positivos mais elevados para a estimativa \hat{V}_i , indicando que estas linhagens contribuirão para elevar o *quantum* de espigas em programas de melhoramento intrapopulacionais. Com relação à característica ED, as linhagens P₁, P₃, P₄ e P₁₀ revelaram-se superiores em decorrência dos valores de \hat{V}_i mais negativos que expressaram. Por sua vez, quanto à EP, P₁, P₆, P₉ e P₁₀ têm valores para uso *per se* no intento de redução do número de espigas atacadas por pragas em programas intrapopulacionais.

No que se refere à PE e RG, evidenciaram-se os genitores P₂, P₃, P₄ e P₅ como promissores para uso *per se* em decorrência dos mais elevados

Tabela 35 - Estimativas das médias de efeitos de variedades (\hat{V}_i) e seus desvios padrão (DP), segundo a metodologia de Gardner e Ebehart (1966), para 14 características avaliadas em dez genitores de milho pipoca. Campos dos Goytacazes e Itaocara, RJ.

Efeitos Linhagem (V_i) ^{1/}	Características Avaliadas ^{2/}													
	NE	ED	EP	PE	PG	M100	AP	AE	FLOR	CE	PAC	PQ	EST	EMP
P1	-20,6495	-1,1510	-1,1500	-990,3300	-786,7490	-3,9000	-0,5400	-0,3460	1,4325	-0,7280	-0,0510	-3,2675	-11,8000	-0,1995
P2	0,3505	-0,1510	0,0145	401,3320	318,2510	1,4900	0,1420	0,0240	-0,0675	1,1453	-0,2160	2,9025	7,5335	0,1305
P3	2,5155	-2,8160	1,8495	318,0020	339,9160	1,4000	-0,0900	0,0340	-0,2325	-1,0880	-0,2160	-1,2675	5,5335	-0,5345
P4	0,0155	-4,3160	0,3495	473,0020	267,4160	2,0550	0,1620	0,1240	-0,5675	-0,8113	0,1185	-2,4325	7,8685	-0,1995
P5	5,0205	-0,8160	1,5145	278,0020	324,0810	0,2850	0,1670	0,1190	-0,0675	-1,3113	-0,0510	0,5675	-3,1360	0,3005
P6	5,0155	4,8490	-0,9805	-75,3320	-14,2540	-0,5800	-0,0400	0,0090	1,1025	-1,1213	-0,2160	-0,2675	-4,6310	0,4655
P7	-7,9845	0,1840	0,8495	-426,1600	-350,9140	-0,9800	-0,0900	-0,1160	-0,3975	-1,3213	0,1185	0,7325	-8,9660	-0,6995
P8	4,0155	5,0190	1,0145	112,9970	159,0860	0,2700	0,1570	0,0990	-0,4025	2,4120	0,2835	0,3975	2,3685	0,1355
P9	5,5155	1,8490	-2,4800	-69,5020	-212,5840	-0,4200	0,1070	0,0590	-0,5675	1,3287	0,2835	3,9025	2,3685	0,3005
P10	6,1855	-2,6510	-0,9805	-22,0020	-44,2490	0,3800	0,0420	-0,0060	-0,2325	1,4953	-0,0510	-1,2675	2,8635	0,3005
Média das linhagens	44,6495	8,6510	6,8155	1943,6675	1475,0840	11,2150	1,8930	1,0910	60,0675	33,1710	1,3815	11,4325	38,9665	2,0345
DP (Média das linhg.)	2,7136	0,5146	0,2195	4126,6061	2788,9611	0,0158	0,0008	0,0003	0,1503	0,0117	0,0158	0,7825	1,1680	0,0333
DP (\hat{V}_i)	24,4230	4,6320	1,9750	37139,4555	25100,6505	0,1425	0,0075	0,0024	1,3530	0,1054	0,1425	7,0425	10,5150	0,3000
DP ($\hat{V}_i - \hat{V}_j$)	54,2730	10,2930	4,3900	82532,1233	55779,2233	0,3166	0,0166	0,0053	3,0060	0,2342	0,3166	15,6500	23,3666	0,6666

^{1/}P₁ = PR 023; P₂ = PR 024; P₃ = PR 036; P₄ = UEM J1; P₅ = PR 045-1; P₆ = PR 045-2; P₇ = PR 045-3; P₈ = PR 087-1; P₉ = PR 087-2; P₁₀ = PR 087-3.

^{2/}NE = número médio de espigas; ED = número médio de espigas doentes; EP = número médio de espigas com praga; PE = peso médio de espigas com grãos; RG = rendimento de grãos; M100 = massa média de 100 grãos; AP = altura média de planta; AE = altura média de inserção da primeira espiga; FLOR = número médio de dias para florescimento; CE = capacidade de expansão dos grãos; PAC = número médio de plantas acamadas; PQ = número médio de plantas quebradas; EST = estande final; e EMP = número médio de espigas mal empalhadas.

valores expressos para a estimativa \hat{V}_i . As linhagens mais divergentes para contribuir na síntese de híbridos foram P_2 , P_3 , P_4 e P_5 com P_1 , P_7 e P_9 . Com fundamento nessa premissa, em associação com os resultados das médias de rendimento de grãos nos dois ambientes avaliados (Tabela 14) tem-se que os híbridos com maiores estimativas de RG foram, hierarquicamente: $P_2 \times P_4$, $P_3 \times P_7$, $P_2 \times P_9$ e $P_1 \times P_3$. Isso posto, por uma análise lógica, conclui-se que a superioridade de $P_2 \times P_4$ provavelmente está mais vinculada à complementação alélica favorável, ao passo que o destaque dos híbridos $P_3 \times P_7$, $P_2 \times P_9$ e $P_1 \times P_3$ pode ser mais decorrente das distâncias genéticas.

Quanto a M100, as linhagens P_2 , P_3 e P_4 revelaram-se satisfatórias quando se deseja elevar a massa de grãos. Todavia, é consabido que a correlação entre tamanho de grãos e capacidade de expansão é negativa e direta (Sawazaki *et al.*, 2003; Daros *et al.*, 2004 b; Freitas Júnior *et al.*, 2006). Assim, preferencialmente, atenção maior deve ser dispensada aos grãos menores. Nesse aspecto, em programas intrapopulacionais, as linhagens com perspectiva de contribuição para redução no tamanho dos grãos foram P_1 , P_6 , P_7 e P_8 , em razão de suas negativas estimativas de \hat{V}_i .

Porém, a seleção para massa de cem grãos não é tarefa simples, pois tende a exibir dominância bidirecional, com base nos resultados de \hat{s}_{ij} da análise de Griffing (1956) conforme Tabela 25.

Ainda em relação à massa de grãos, há que se estar atento em programas de melhoramento para evitar desuniformidade elevada no tamanho de grãos. Em programas de seleção recorrente, por exemplo, atenção deve ser dispensada no monitoramento dos limites superior e inferior do tamanho de grãos nos sucessivos ciclos, para evitar alta diferença entre esses limites.

Por conseguinte, cabe aqui considerar que as principais características econômicas para o milho pipoca não são apenas CE e RG, mas também M100, uma vez que é inócuo ter-se população melhorada expressando CE superior a 30 mL.g^{-1} , mas com elevadas discrepâncias nos tamanhos dos grãos.

Apesar dos valores reduzidos, as características AP e AE revelaram as maiores magnitudes de \hat{V}_i para os genitores P_4 e P_5 , indicando que estas linhagens contribuem para elevar o valor da característica; por sua vez, considerando o interesse na redução do porte e na altura de inserção da espiga,

em decorrência dos fortes ventos que ocorrem em Campos dos Goytacazes e Itaocara, o genitor com melhor comportamento *per se* foi P₁, embora P₇ também tenha proporcionado valores negativos para ambas as características, mas com magnitudes pouco expressivas.

Em referência à característica FLOR, destacaram-se as linhagens P₄ e P₉ por apresentarem magnitudes negativas elevadas para a estimativa \hat{V}_i , revelando potencial para reduzir o número de dias para florescimento em programas intrapopulacionais.

Para CE, seis linhagens proporcionaram estimativas negativas de \hat{V}_i , quais sejam: P₁, P₃, P₄, P₅, P₆ e P₇. Por esses resultados, ratifica-se a relação direta entre \hat{g}_i e \hat{V}_i , e, sobretudo para características reduzidamente influenciadas pelos efeitos de dominância, como CE, em que, para o conjunto de linhagens avaliadas, tão somente contribui com 10% para heterose total contida da soma de quadrados de Genótipos.

Em relação à característica PAC, destacaram-se as linhagens P₂, P₃ e P₆ com valores negativos elevados para a estimativa \hat{V}_i , evidenciando o potencial destes genitores para reduzir o valor da característica.

Por interpretação análoga, tem-se que para a característica PQ, destacaram-se as linhagens P₁ e P₄ com as maiores magnitudes negativas de \hat{V}_i (-3,2675 e -2,4325, respectivamente). Já para a característica estande (EST), os genitores P₂, P₃ e P₄ foram identificados com as maiores magnitudes positivas para a estimativa de efeito da variedade; logo, tem potencial em programas intrapopulacionais para redução de falhas na área de cultivo.

P₃ e P₇ foram as linhagens com potencial *per se* para reduzir o número de espigas mal empalhadas em programas intrapopulacionais.

De modo geral, pode-se afirmar que os genitores P₂, P₃, P₄ e P₅ foram os mais promissores para maior número de características, em especial a produção de espigas e rendimento de grãos. Contudo, estas linhagens não revelaram resultados favoráveis para a CE, evidenciando que os melhores genitores para produção não o são para a qualidade dos grãos.

No que se refere à amplitude de variação dos efeitos dos genitores e entre dois genitores, pode-se afirmar que, quando a amplitude da variação é superior a duas vezes o desvio padrão, há diferença entre os genitores, ou seja,

há variabilidade genética entre as linhagens estudadas (Singh e Chaudhary, 1985). Dentre as características avaliadas, apenas quatro revelaram diferenças superiores a dois (M100, AP, AE e CE), sendo que duas exibiram diferenças maiores que 1,5 (PAC e EMP). As características com menores valores de diferenças foram PE, com 0,0177 e RG, com 0,0202. Isso conduz à reflexão de que as complementações alélicas mais do que as divergências entre linhagens foram imperiosas nas expressões heteróticas para essas características.

4.9.3. Estimativas dos Efeitos da Heterose Média e Varietal

A Tabela 36 contém as estimativas das parametrizações heteróticas em efeitos de heterose média, varietal e específica, bem como seus desvios padrão (DP).

Com relação à heterose média, apenas as características ED, PQ e EMP não se revelaram significativas, evidenciando que as linhagens se diferiram e que há perspectiva de desejável comportamento heterótico nos híbridos. Vale destacar os valores de heterose média promissores para as características NE, PE e RG, com elevadas e positivas estimativas, ratificando o esperado quanto à manifestação do vigor híbrido, para rendimento de grãos e seus componentes; FLOR, com magnitude negativa, evidenciando a possibilidade de expressão da precocidade; e PAC e PQ com valores negativos, indicando potencial para reduzir a média de plantas acamadas e quebradas em combinações híbridas.

Em oposição, o valor negativo de Heterose média para CE e positivo para EMP implica que, no conjunto, as linhagens não são favoráveis para aproveitar o efeito da heterose nos híbridos. Em particular a CE, isso ratifica o resultado das linhagens contribuírem com apenas cerca de 10% da heterose no desdobramento da soma de quadrados de efeitos de Genótipos.

Por conseguinte, consubstancia-se a premissa de Scapim *et al.* (2006), para os quais, em condições de baixa heterose, a predição do híbrido deve ser feita com fulcro na média dos genitores. Nesse aspecto, uma vez que os genitores são linhagens com elevadas estimativas de CE, decorrentes dos efeitos de aditividade nos sucessivos ciclos de autofecundação, há expectativa de que haja híbridos superiores para CE e com elevado vigor híbrido para RG.

Tabela 36 - Estimativas dos efeitos de heterose média (\bar{h}), varietal (\hat{h}_i), e seus desvios padrão (DP), segundo a metodologia de Gardner e Ebehart (1966), para 12 características avaliadas em dez genitores de milho pipoca, sem os recíprocos. Campos dos Goytacazes e Itaocara, RJ.

Efeitos	Características Avaliadas ^{2/}											
	NE	ED	EP	PE	RG	M100	AP	AE	FLOR	CE	PAC	EST
Heterose média (\bar{h})	6,3136	-	-1,5490	996,0177	1061,5866	0,6283	0,1391	0,1153	-7,0119	-0,5098	-0,1962	0,0542
DP (\bar{h})	3,3167	-	0,2682	5043,6297	3408,7300	0,0194	0,0010	0,0003	0,1837	0,0143	0,0194	0,0407
Heterose varietal (h_i) ^{1/}												
P1	11,2843	3,0538	-	361,1453	265,6626	0,9881	0,1966	0,0728	0,8675	-	-	-0,0231
P2	3,8043	-0,0498	-	387,2910	369,2026	0,2975	0,0573	0,0459	-0,2570	-	-	0,4388
P3	8,2637	0,7195	-	614,0610	515,3720	0,1506	0,0441	0,0084	-0,4460	-	-	0,3550
P4	1,5118	0,5957	-	510,7285	525,8713	0,9888	0,0529	0,0515	-0,1530	-	-	-0,2506
P5	-3,0306	1,6382	-	-465,4180	-441,3160	-0,2843	-0,0965	-0,0635	1,7630	-	-	-0,1250
P6	-8,3618	-2,9660	-	-503,0200	-492,1480	-1,1460	-0,1033	-0,0547	-2,5700	-	-	-0,1868
P7	0,4081	-0,6111	-	-70,2077	-86,1942	0,0325	0,0123	0,0103	0,7400	-	-	0,4163
P8	-3,2168	-2,2380	-	-173,5400	-171,4210	-0,1775	-0,0321	-0,0103	1,3470	-	-	-0,0418
P9	-4,0912	-0,9867	-	-403,8530	-254,8570	-0,8137	-0,1102	-0,0585	-1,6700	-	-	-0,4781
P10	-6,5718	0,8451	-	-257,1850	-230,1700	-0,0350	-0,0208	-0,0016	0,3862	-	-	-0,1043
DP (\hat{V}_i)	9,1586	1,7370	-	361,1453	9412,7439	0,0534	0,0028	0,0009	0,5073	-	-	0,1125
DP ($\hat{V}_i - \hat{V}_j$)	20,3525	3,8600	-	387,2910	20917,2080	0,1187	0,0062	0,0020	1,1270	-	-	0,2500

^{1/} P₁ = PR 023; P₂ = PR 024; P₃ = PR 036; P₄ = UEM J1; P₅ = PR 045-1; P₆ = PR 045-2; P₇ = PR 045-3; P₈ = PR 087-1; P₉ = PR 087-2; P₁₀ = PR 087-3.

^{2/} NE = número médio de espigas; ED = número médio de espigas doentes; EP = número médio de espigas com praga; PE = peso médio de espigas com grãos; RG = rendimento de grãos; M100 = massa média de 100 grãos; AP = altura média de planta; AE = altura média de inserção da primeira espiga; FLOR = número médio de dias para florescimento; CE = capacidade de expansão dos grãos; PAC = número médio de plantas acamadas; e EST = estande final.

Ainda em relação à CE, a despeito da ausência de significância para Heterose varietal e específica, houve amplitude de variação de $31,85 \text{ mL.g}^{-1}$ (para P_7) a $35,58 \text{ mL.g}^{-1}$ (para P_8). Ademais, mesmo o limite inferior entre as linhagens superou o melhor híbrido, no caso, IAC 112, com $31,31 \text{ mL.g}^{-1}$ (Tabela 14).

É fidedigna, pois, a expectativa de que haja híbridos superiores tanto para CE quanto para RG dentre os cruzamentos realizados em esquema dialélico entre as dez linhagens.

Quanto à característica NE, destacaram-se as linhagens P_1 e P_3 , com os valores positivos mais expressivos para \hat{h}_i , demonstrando que estes genitores contribuem favoravelmente para elevar o número de espigas nos cruzamentos em que participem. Para a característica M100, P_6 e P_9 tendem a proporcionar reduções nos tamanhos dos grãos nas combinações em que participem. De fato, $P_6 \times P_9$ detiveram a quarta menor estimativa de média, ao passo que a menor magnitude ocorreu no par $P_1 \times P_6$ (Tabela 14).

No que tange a característica ED, verificou-se que os genitores P_6 e P_8 revelaram os melhores resultados para a estimativa \hat{h}_i , com magnitudes negativas elevadas. Porém, como a Heterose média foi positiva e não-significativa, não se deve esperar uma relação direta desejável no cruzamento dessas linhagens. De fato, apesar de ED ter proporcionado somente um grupo de médias para os híbridos pelo teste Scott Knott, as melhores combinações foram: $P_7 \times P_9$, $P_5 \times P_6$ e $P_4 \times P_{10}$.

Para PE e RG, em que houve influência do efeito de ambiente tanto para linhagens quanto para heterose e seus desdobramentos, a indicação de genitores para síntese de híbridos com base no comportamento da Heterose varietal torna-se frágil, sobretudo quando a participação desse efeito na heterose total é sobremaneira inferior como o foi para RG, em que o efeito da soma de quadrados da Heterose varietal contribuiu com tão somente 2,0283% da soma de quadrados da heterose total. Para PE, essa proporção foi de 24,2467%, enquanto os efeitos da Heterose média e específica participaram com 44,6672% e 31,0861%, respectivamente, da variação do efeito da soma de quadrados da heterose total.

Assim, torna-se lúcido para essas características, proceder à indicação de genitores para intercruzamentos com base nas estimativas de \hat{V}_i , uma vez que

é notória a pujança da divergência genética na expressão do vigor híbrido, sobretudo em relação a RG.

Nesse aspecto, espera-se que os híbridos mais promissores provenham de combinações entre P₂, P₃, P₄ e P₅ com P₁, P₇ e P₉, o que de fato ocorreu para a maioria dos híbridos com melhores comportamentos para PE (P₃ x P₇, P₂ x P₉ e P₁ x P₃) e RG (P₂ x P₄, P₃ x P₇, P₂ x P₉ e P₁ x P₃). Para estas combinações, apenas P₂ x P₄ revelou-se superior; todavia, menos pela distância genética e, certamente, mais em decorrência de complementações gênicas favoráveis.

Quanto à AP e AE, os valores positivos das estimativas das Heteroses médias se explicam pelos percentuais mais elevados dos efeitos da soma de quadrados da heterose total em relação aos efeitos da soma de quadrados de Genótipos. Nesse aspecto, para os ambientes em conjunto, 70,9023% e 62,0506%, respectivamente, dos efeitos da soma de quadrados da heterose total de AP e AE contribuíram para os efeitos da soma de quadrados de Genótipos.

Essa expressividade heterótica inequivocamente dificulta a síntese de híbridos com redução para o porte de altura de inserção da espiga, características de interesse para o Norte e Noroeste Fluminense em decorrência dos fortes ventos, comuns a essas regiões.

Ademais, o desdobramento da soma de quadrados da heterose total provê os seguintes percentuais para as somas de quadrados das heteroses parametrizadas: a) para AP, 9,1390% (Heterose média), 12,3809% (Heterose varietal) e 78,4848% (Heterose específica); e b) para AE, 16,8167% (Heterose média), 8,5747% (Heterose varietal) e 74,7135% (Heterose específica).

Por esses percentuais, vê-se a pouca contribuição da heterose varietal na composição dos híbridos, sobretudo para altura de inserção de espiga.

A menor robustez da Heterose específica para AP e AE, denota fragilidade na indicação de genitores para a síntese de híbridos superiores para tais características.

Isso justifica as linhagens com valores mais proeminentes de estimativas de \hat{h}_i (P₆, P₈ e P₉) comporem híbridos que participam do grupo de médias com maiores portes de plantas e dos dois grupos com maiores médias para altura de inserção da espiga, como ocorreu com P₆ x P₈, P₆ x P₉ e P₈ x P₉, (Tabela 14).

Com relação ao número de dias para o florescimento, as linhagens com valores negativos para a estimativa \hat{h}_i , tendem a promover precocidade em seus

híbridos, a saber: P₂, P₃, P₄, P₆ e P₉. Para essa característica sobressaíram-se os híbridos P₁ x P₄ e P₄ x P₆ (Tabela 14).

À respeito da característica estande (EST), sobressaíram-se os genitores P₁, P₃ e P₅ por revelarem os maiores valores positivos para a estimativa de \hat{h}_i . Os híbridos constituíram apenas dois grupos de médias (Tabela 14), sendo que a maioria esteve alocada no grupo de maior magnitude.

4.9.4. Estimativa dos Efeitos de Heterose Específica

A Tabela 37 contém as estimativas dos efeitos de heterose específica, e seus desvios padrão, segundo a metodologia de Gardner e Ebehart (1966), para 12 características avaliadas em 45 híbridos obtidos pelo cruzamento dialélico completo com dez genitores.

No que se refere ao número médio de espigas (NE), as expectativas dos melhores híbridos recaem sobre as estimativas de \hat{s}_{ij} mais elevadamente positivas, quais sejam: P₇ x P₈, P₂ x P₉, P₅ x P₉, P₄ x P₆, P₂ x P₉, P₁ x P₉, P₆ x P₁₀, P₄ x P₇, P₃ x P₅, P₃ x P₆ e P₅ x P₁₀. Apesar de terem sido constituídos dois grupos de médias pelo agrupamento de Scott Knott para E, sequer um dos híbridos aqui citados participam do grupo com menores estimativas das médias (Tabela 16).

Com relação à característica ED, têm-se os híbridos que revelaram os melhores valores para a estimativa \hat{s}_{ij} , a saber: P₅ x P₆, P₆ x P₉ e P₇ x P₉. Estas combinações híbridas demonstraram potencial para elevar a sanidade de espiga.

Para a característica EP, sobressaíram-se os híbridos P₆ x P₉ e P₅ x P₇ por apresentarem os valores negativos mais elevados para a estimativa \hat{s}_{ij} , indicando que estas combinações possuem aptidão para reduzir o ataque de pragas às espigas.

Ao associar as características PE e RG, verifica-se que as combinações mais promissoras foram P₃ x P₇, P₁ x P₉, P₂ x P₉ e P₁ x P₃, pois revelaram valores positivos elevados para a estimativa \hat{s}_{ij} . Comparando esses resultados aos obtidos para capacidade específica de combinação, pela análise conjunta de Griffing (Tabela 25), verifica-se que os melhores híbridos se destacaram para ambas estimativas, confirmando que as estimativas fornecidas pela metodologia 2

Tabela 37 - Estimativas dos efeitos de heterose específica ($\hat{\sigma}_{ij}$) e seus desvios padrão (DP), segundo a metodologia de Gardner e Ebehart (1966), para 12 características avaliadas em 45 híbridos F_{1s} . Campos dos Goytacazes e Itaocara, RJ.

Genótipos ^{2/}	Características ^{1/}					
	NE	ED	EP	PE	RG	M100
P1 x P2	-2,9020	-0,7060	0,8143	-151,9500	-148,9510	-0,4630
P1 x P3	3,3907	0,8564	0,6430	452,9380	222,3763	0,4579
P1 x P4	-4,6070	-1,7600	1,1450	-181,2200	-171,8730	-0,2470
P1 x P5	1,4326	-0,0570	-0,0400	100,7520	243,6519	-0,3790
P1 x P6	2,5963	2,7090	-1,3500	104,1870	60,3169	0,3354
P1 x P7	-5,6680	-1,3000	-1,6400	-640,7000	-590,6420	-0,5380
P1 x P8	-3,2130	0,2320	1,0610	-126,1200	-155,4090	0,1410
P1 x P9	7,0807	-0,1040	-0,1850	453,7700	498,8606	1,1370
P1 x P10	1,8913	0,1483	-0,4350	-11,6420	41,6713	-0,4410
P2 x P3	-6,1290	-1,0300	-0,2490	-587,3700	-481,9980	-2,0400
P2 x P4	-6,4620	-0,1660	-1,4100	25,9627	-57,9130	-0,2770
P2 x P5	-2,9220	0,5414	2,3960	-144,5600	-98,2230	-0,7530
P2 x P6	1,4113	2,9830	2,9170	58,0446	49,2769	0,8160
P2 x P7	-0,5236	0,4608	0,2905	41,4840	50,8176	0,4366
P2 x P8	-1,2330	-2,3200	-2,0000	-198,1000	-151,4540	0,0316
P2 x P9	8,5607	-0,4960	-1,5800	767,6270	701,1506	1,3520
P2 x P10	10,2010	0,7520	-1,1600	188,8740	137,2963	0,8991
P3 x P4	-5,8390	1,0670	0,0818	-659,9700	-593,2440	-0,8250
P3 x P5	0,7058	-1,5600	-0,2690	-119,6600	-129,3890	0,0979
P3 x P6	6,3695	-0,7880	0,0811	277,1090	295,6100	0,2379
P3 x P7	5,9295	3,1880	0,9593	703,8790	702,3206	0,8235
P3 x P8	1,5595	0,0639	0,5024	-46,5400	-88,4518	-0,1310
P3 x P9	1,3488	-1,2600	0,2505	75,8571	124,1488	1,0040
P3 x P10	-7,3350	-0,5190	-1,9900	-96,2250	-51,3705	0,3760
P4 x P5	2,7026	-0,0160	-1,2700	79,5021	33,8607	-0,1720
P4 x P6	8,8713	2,4200	0,4186	229,6020	263,0256	0,8572
P4 x P7	6,9313	1,3970	1,1260	128,8760	168,7313	-0,4720
P4 x P8	-1,6080	-1,7200	-0,6650	125,1260	82,2988	-0,0820
P4 x P9	-1,4840	0,1058	1,0830	189,1890	244,0694	1,1340
P4 x P10	1,4963	-1,3100	-0,5010	62,9415	31,0451	0,0854
P5 x P6	-12,7500	-4,5400	0,0624	-629,2400	-628,9540	0,4004
P5 x P7	-3,3580	-0,3940	-2,2200	-160,8100	-137,4130	-0,4180
P5 x P8	-0,7336	-2,6800	1,1430	118,7730	146,1488	0,0660
P5 x P9	9,5557	5,6480	-0,1030	607,8360	428,7544	0,6822
P5 x P10	5,3713	3,0660	0,3118	147,4180	141,5650	0,4785
P6 x P7	-3,8590	0,3770	-0,5430	409,2930	402,5863	0,6960
P6 x P8	0,2651	0,0820	0,0000	277,2130	271,1488	0,9510
P6 x P9	-9,9400	-4,0700	-3,5800	-961,2200	-826,2455	-4,9400
P6 x P10	7,0401	0,8383	2,0020	235,0230	113,2351	0,6485
P7 x P8	10,8300	1,3990	0,0424	41,4777	-16,4756	-0,2780
P7 x P9	-4,3800	-3,6000	1,7900	-450,2800	-553,8699	-0,0620
P7 x P10	-5,8990	-1,5100	0,2105	-73,2070	-26,0543	-0,1850
P8 x P9	-1,9200	5,1070	0,3336	-210,7000	-158,6424	0,4279
P8 x P10	-3,9440	-0,1440	-0,4160	18,8777	70,8382	-1,1200
P9 x P10	-8,8200	-1,3110	1,9960	-472,0500	-458,2261	-0,7340
DP (S_{ij})	21,1060	4,0029	1,7070	32095,8250	21691,9201	0,1231
DP($S_{ij}-S_{ik}$)	47,4890	9,0066	3,8410	72215,6070	48806,8204	0,2770
DP($S_{ij}-S_{kl}$)	40,7050	7,7200	3,2920	61899,0920	41834,4175	0,2375

^{1/} NE= número médio de espigas; ED= número médio de espigas doentes; EP= número médio de espigas atacadas por pragas; PE= peso médio de espigas com grãos; RG= rendimento de grãos; e M100 = massa média de 100 grãos;

^{2/} P₁ = PR 023; P₂ = PR 024; P₃ = PR 036; P₄ = UEM J1; P₅ = PR 045-1; P₆ = PR 045-2; P₇ = PR 045-3; P₈ = PR 087-1; P₉ = PR 087-2; P₁₀ = PR 087-3.

Continuação.

Genótipos ^{2/}	Características ^{1/}					
	FLOR	AP	AE	PAC	EST	EMP
P1 x P2	0,3169	0,0395	-0,0080	-0,0620	-0,3890	-0,3040
P1 x P3	-0,5760	0,0526	0,0435	0,1066	-1,6700	0,1114
P1 x P4	-5,5300	-0,1110	-0,0640	-0,0830	-2,5900	-0,4500
P1 x P5	0,7963	0,0257	-0,0020	0,7966	-0,2400	-0,6610
P1 x P6	5,2160	0,0926	0,0491	0,2141	2,4640	0,6533
P1 x P7	1,3190	-0,1170	-0,0780	-0,2280	-2,6500	0,2977
P1 x P8	-2,2800	0,0563	0,0000	-0,6030	-0,2390	0,1733
P1 x P9	2,1540	0,1245	0,0879	0,0241	6,7990	0,3620
P1 x P10	-1,4000	-0,1620	-0,0260	-0,1630	-1,4600	-0,1810
P2 x P3	0,4638	-0,0500	-0,0640	0,0635	-2,4400	-0,3450
P2 x P4	1,0070	-0,0890	-0,1070	-0,2860	-5,6900	0,2577
P2 x P5	-1,6000	0,0176	-0,0150	-0,2460	-3,0100	0,7170
P2 x P6	-0,5700	0,1195	0,0510	-0,1630	4,6940	0,5264
P2 x P7	-0,9700	-0,0510	-0,0460	0,3985	1,2410	-0,4940
P2 x P8	-1,9000	-0,2210	-0,0280	0,0229	2,1550	-0,6180
P2 x P9	3,3500	0,2013	0,1597	0,4810	2,0290	-0,2640
P2 x P10	-0,0300	0,0345	0,0604	-0,2060	1,4240	0,5264
P3 x P4	0,1090	-0,0560	-0,0550	0,5429	-3,8200	0,3389
P3 x P5	-1,2000	-0,0140	-0,0170	0,0879	0,1965	0,2983
P3 x P6	3,1900	0,0976	0,0735	-0,1640	-0,0920	-0,0570
P3 x P7	-1,0000	-0,0470	0,0010	-0,1020	4,4440	0,2570
P3 x P8	-1,6000	0,0063	-0,0350	-0,1420	1,6920	-0,5320
P3 x P9	1,4600	0,0495	0,0373	-0,0190	3,4060	0,1514
P3 x P10	-0,7600	-0,0370	0,0179	-0,3720	-1,6900	-0,2220
P4 x P5	-0,5100	-0,1620	0,0492	-0,2670	0,7797	-0,0980
P4 x P6	-1,0000	0,2088	0,0754	-0,0190	1,1550	-0,1190
P4 x P7	-0,6500	0,0482	0,0329	0,0429	6,1970	-0,4690
P4 x P8	2,2300	0,0776	0,0110	-0,1620	-0,2190	0,2358
P4 x P9	4,8400	0,1557	0,1242	0,4604	0,9897	0,2595
P4 x P10	-0,3800	-0,0710	-0,0652	-0,2270	3,2140	0,0458
P5 x P6	3,9000	-0,0640	-0,0720	0,1854	-0,6570	0,8402
P5 x P7	-0,3200	-0,0340	-0,0045	-0,5820	-2,1100	-0,1800
P5 x P8	-0,5900	-0,0900	-0,0664	-0,1220	1,4680	0,1952
P5 x P9	-0,3200	0,1876	0,0717	-0,1640	3,0070	-0,2860
P5 x P10	-0,0500	0,1357	0,0573	0,3129	0,5722	-0,8240
P6 x P7	0,9230	0,0870	0,0967	0,1704	-2,0740	0,1339
P6 x P8	5,6500	0,2213	0,1898	0,2947	0,8441	-1,1600
P6 x P9	-21,0000	-0,9200	-0,5370	-0,7470	-11,2800	-0,8060
P6 x P10	3,8600	0,1576	0,0735	0,2304	4,9478	-0,0100
P7 x P8	-2,5000	-0,0140	-0,0377	0,5222	2,7159	0,8189
P7 x P9	5,0200	0,0888	0,0554	-0,1840	-1,9050	-0,3270
P7 x P10	-1,7000	0,0420	-0,0189	-0,0370	-5,8450	-0,0360
P8 x P9	2,5900	0,0882	0,0335	-0,0600	-5,1560	0,5483
P8 x P10	-1,4000	-0,1230	-0,0658	0,2522	-3,2610	0,3395
P9 x P10	1,9600	0,0245	-0,0327	0,2104	2,1122	0,3633
DP (S _{ij})	1,1600	0,0064	0,0021	0,1230	9,0870	0,2590
DP(S _{ij} -S _{ik})	2,6300	0,0145	0,0047	0,2770	20,4450	0,5830
DP(S _{ij} -S _{kl})	2,2550	0,0125	0,0040	0,2370	17,5250	0,5000

^{1/} FLOR= número médio de dias para o florescimento; AP= altura média de plantas; AE= altura média de inserção da primeira espiga; PQ= número médio de plantas quebradas; EST= estande final; e EMP= número médio de espigas mal empalhadas.

^{2/} P₁ = PR 023; P₂ = PR 024; P₃ = PR 036; P₄ = UEM J1; P₅ = PR 045-1; P₆ = PR 045-2; P₇ = PR 045-3; P₈ = PR 087-1; P₉ = PR 087-2; P₁₀ = PR 087-3.

proposta por Griffing (1956), apesar de ser menos parametrizada, pode ser comparada com as estimativas da metodologia de Gardner e Ebehart (1966).

Em alusão à característica M100, evidenciou-se o híbrido $P_6 \times P_9$, com a menor estimativa de \hat{s}_{ij} . Tal genitor alocou-se em quinta menor colocação dentre os híbridos quanto às estimativas de médias agrupadas pelo teste de Scott Knott (Tabela 14).

No que se refere à FLOR, destacaram-se os híbridos $P_6 \times P_9$, $P_1 \times P_4$, $P_1 \times P_8$ e $P_7 \times P_8$, com as maiores magnitudes negativas para a estimativa de \hat{s}_{ij} , sendo que apenas o primeiro híbrido alocou-se no segundo grupo de médias mais elevadas para as características, ao passo que os demais compuseram o grupo com as menos expressivas estimativas, sobressaindo-se $P_1 \times P_4$, com a menor magnitude de média por Scott Knott, conforme Tabela 14.

Em referência a PAC, sobressaíram-se as combinações $P_6 \times P_9$, $P_1 \times P_8$, $P_5 \times P_7$, $P_3 \times P_{10}$, $P_2 \times P_4$ e $P_2 \times P_5$ com os valores negativos mais elevados para a estimativa \hat{s}_{ij} . Quanto a esses híbridos, $P_5 \times P_7$ revelou a menor magnitude de média para PAC, no valor de 0,50 plantas por parcela, e os demais híbridos contiveram as mesmas estimativas de médias de plantas quebradas por parcela, ao expressarem todas, o valor de 0,83, cujo valor caracterizou os híbridos com a segunda menor expressão para a característica (Tabela 14).

Para a característica EMP, destacaram-se as combinações $P_6 \times P_8$, $P_5 \times P_{10}$, $P_6 \times P_9$ e $P_1 \times P_5$, revelando as maiores magnitudes para a estimativa \hat{s}_{ij} . De fato, pelo agrupamento de média com base em Scott Knott (Tabela 14), apesar de apenas um grupo haver sido constituído, o valor mais expresso dentre esses híbridos, de magnitude 1,67 para $P_6 \times P_9$, ainda assim foi a metade do maior valor exibido de 3,34, o que ocorreu com o par $P_2 \times P_5$ (Tabela 14), cuja estimativa de \hat{s}_{ij} foi a mais elevada. Pelo exposto, com base na premissa de Scapim *et al.* (2006) de que em baixas heteroses a recomendação híbrida deve fundamentar-se na média, tem-se que os melhores híbridos foram, para RG e CE: $P_1 \times P_3$, $P_3 \times P_7$ e $P_2 \times P_9$, com valores respectivos de 3.316,67 kg.ha⁻¹ e 32,17 mL.g⁻¹; 3.662,67 kg.ha⁻¹ e 31,44 mL.g⁻¹; e 3.405,00 kg.ha⁻¹ e 33,73 mL.g⁻¹.

4.10. Análise Dialélica de Hayman (1954)

4.10.1. Teste de Suficiência do Modelo Aditivo-dominante

A metodologia de Hayman (1954) pressupõe que os efeitos genéticos resultam de ações aditiva e dominante dos genes. Para sua utilização é necessária a aplicação de testes com o intuito de verificar a suficiência do modelo, visto que esta metodologia impõe uma série de restrições. Foram utilizados os testes “F” e “t” para as quatro características de maior interesse agrônomo, que são número médio de espigas, peso médio de espigas, rendimento de grãos e capacidade de expansão, nos ambientes de Campos dos Goytacazes e Itaocara.

De acordo com os resultados dos testes (Tabela 38), verifica-se que todas as características apresentaram ausência de significância em ambos os testes, confirmando a viabilidade de utilização do modelo aditivo-dominante para o estudo genético destas características, bem como a validade das pressuposições impostas.

Tabela 38 – Teste de suficiência do modelo aditivo-dominante, utilizando-se a Metodologia de Hayman (1954), para quatro características avaliadas entre dez genitores de milho pipoca. Campos dos Goytacazes e Itaocara, RJ.

Campos dos Goytacazes		
Características ^{1/}	Regressão ^{2/}	Rotação dos Eixos \hat{W}_i e \hat{V}_i ^{3/}
	t ($H_0: b = 1$)	F = t ² ($H_0: B = b - 1 = 0$)
CE	-0,5199 ns	0,0542 ns
PE	-3,6421 ns	2,0480 ns
RG	-3,7912 ns	2,2102 ns
NE	-3,9415 ns	1,9644 ns
Itaocara		
CE	-0,4536 ns	-0,0291 ns
PE	-6,8571 ns	3,7844 ns
RG	-7,3186 ns	4,1884 ns
NE	9,1517 ns	3,3586 ns

^{1/} CE = capacidade de expansão, PE = peso médio de espigas, RG = rendimento de grãos, NE = número médio de espigas.

^{2/} Teste t, ponderando-se os valores médios de \hat{W}_i e \hat{V}_i , com base nos níveis de 1 e 5 % de probabilidade.

^{3/} Teste F, ponderando-se os valores médios de \hat{W}_i e \hat{V}_i , por meio de sua rotação de 45°, com base nos níveis de 1 e 5 % de probabilidade.

ns = não significativo, nos níveis de 1 e 5 % de probabilidade.

4.10.2. Ambiente de Campos dos Goytacazes

4.10.2.1. Capacidade de expansão

Na Tabela 39 encontram-se as correlações entre o valor genotípico do i -ésimo genitor (\bar{Y}_{ii}) e a soma da covariância e variância entre médias da i -ésima linha (\hat{W}_i e \hat{V}_i), bem como os valores das coordenadas (V_R, W_R, \hat{W}_D e \hat{V}_D) e da soma delas. Ao se avaliar a característica capacidade de expansão, observa-se que houve correlação positiva entre (\bar{Y}_{ii}) e (\hat{W}_i e \hat{V}_i), confirmando que os alelos recessivos são, em sua maioria, responsáveis pelo aumento da magnitude da característica. No entanto, o genitor P₈, apesar de reter a maior concentração de alelos recessivos, por estar mais afastado do extremo dominante da regressão de w_i sobre v_i (Figura 1), com estimativa de 2,0236 para a soma w_r+v_r , conforme Tabela 40, ainda é inferior ao que poderá ser alcançado com a seleção.

Com relação às estimativas dos componentes genéticos (Tabela 41), constata-se que há predominância dos componentes associados aos efeitos aditivos (\tilde{D}) em relação aos componentes associados aos efeitos não-aditivos (\tilde{H}_1, \tilde{H}_2 e \tilde{h}^2), denotando potencial de ganhos pela obtenção de segregantes superiores, pela utilização das linhagens em programas de melhoramento intrapopulacional. Além disso, o valor positivo para $\tilde{D}-\tilde{H}_1$ confirma a superioridade dos efeitos aditivos e destaca a possibilidade de obtenção de linhas superiores, o que é evidenciado também pela elevada magnitude para a estimativa da herdabilidade no sentido restrito (0,8488). Isso corrobora a influência da aditividade na expressão de CE, constatada, inicialmente, por análise dialélica por Larish e Brewbaker (1999) e pelo delineamento I, de Comstock e Robinson, implementado por Pereira e Amaral Júnior (2001).

De acordo com a reduzida magnitude para o grau médio de dominância, conclui-se que a interação intra-alélica é parcialmente dominante, ou seja, predominantemente aditiva, corroborando com os resultados anteriores. Em consonância com o grau médio de dominância, a estimativa do número de genes que exibem dominância foi reduzido (0,2010), evidenciando a ausência de efeito dominante sobre a característica.

Tabela 39 – Estimativas das correlações entre o valor genotípico do i-ésimo genitor (\bar{Y}_{ii}) e a soma da covariância com a variância entre médias da i-ésima linha ($\hat{W}_i + \hat{V}_i$), assim como os valores esperados das coordenadas V_R, W_R, \hat{W}_D e \hat{V}_D e da soma destas para quatro características avaliadas em 10 genitores de milho pipoca, segundo a metodologia de Hayman (1954). Campos dos Goytacazes e Itaocara, RJ.

Campos dos Goytacazes							
Características ^{1/}	Valores Estimados						
	R (\bar{Y}_{ii}, \hat{W}_i e \hat{V}_i)	\hat{W}_R	\hat{V}_R	$\hat{W}_R + \hat{V}_R$	\hat{W}_D	\hat{V}_D	$\hat{W}_D + \hat{V}_D$
CE	0,8064	1,7460	1,4351	3,1811	0,5103	0,1225	0,6328
PE	-0,8441	363173,8128	1076422,4504	1439596,2632	-93239,4003	70950,0392	-22289,3611
RG	-0,8404	291000,6633	866846,5676	1157847,2309	-80548,7860	66415,9325	-14132,8535
NE	-0,3627	265,7973	865,7721	1131,5694	-24,2200	7,1887	-17,0313
Itaocara							
CE	0,8118	1,4759	1,1046	2,5805	0,6072	0,1869	0,7941
PE	-0,6967	1672764,2434	6993025,6362	8665789,8790	36324,4830	3297,5738	39622,0568
RG	-0,7230	1135075,8450	4484981,1298	5620056,9740	-11814,4038	485,8861	-11328,5177
NE	-0,4333	20,3100	4,4841	24,7941	-611,3767	4063,2674	3451,8907

^{1/} CE = capacidade de expansão, PE = peso médio de espigas, RG = rendimento de grãos, NE = número médio de espigas.

Tabela 40 – Valores da soma da covariância entre médias dos genitores e médias da i -ésima linha (\hat{W}_i) com a variância entre médias da i -ésima linha (\hat{V}_i) e classificação da magnitude da soma para dez genitores de milho pipoca em relação a CE^{1/}, segundo metodologia de Hayman (1954). Campos dos Goytacazes, RJ.

Genitor ^{2/}	$\hat{W}_i + \hat{V}_i$	Classificação ^{3/}
P ₁	1,3789	7°
P ₂	1,5057	5°
P ₃	1,0164	8°
P ₄	0,9741	10°
P ₅	0,9894	9°
P ₆	1,5112	4°
P ₇	1,4011	6°
P ₈	2,0236	1°
P ₉	1,7838	2°
P ₁₀	1,6063	3°

^{1/} CE = capacidade de expansão.

^{2/} P₁ = PR 023; P₂ = PR 024; P₃ = PR 036; P₄ = UEM J1; P₅ = PR 045-1; P₆ = PR 045-2; P₇ = PR 045-3; P₈ = PR 087-1; P₉ = PR 087-2; P₁₀ = PR 087-3.

^{3/} Refere-se à ordem de concentração de alelos recessivos.

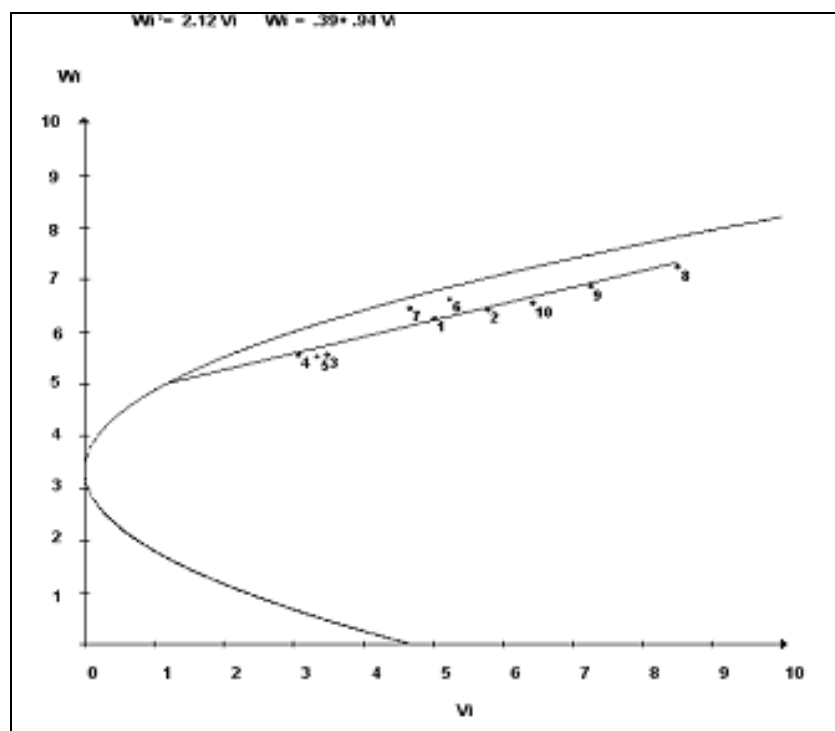


Figura 1 – Regressão de \hat{W}_i sobre \hat{V}_i para capacidade de expansão.

1 = PR 023; 2 = PR 024; 3 = PR 036; 4 = UEM J1; 5 = PR 045-1; 6 = PR 045-2; 7 = PR 045-3; 8 = PR 087-1; 9 = PR 087-2; 10 = PR 087-3.

Tabela 41 – Estimativa dos componentes e das informações genéticas para a característica capacidade de expansão em relação a dez genitores de milho pipoca, segundo a metodologia de Hayman (1954). Campos dos Goytacazes, RJ.

Componentes ^{2/}	Estimativas	Informações ^{3/}	Estimativas
$\tilde{\epsilon}$	0,1119	$\sqrt{\frac{\tilde{H}_1}{\tilde{D}}}$	0,2760
\tilde{D}	2,0123	$\frac{\tilde{H}_2}{4\tilde{H}_1}$	0,1736
\tilde{H}_1	0,1533	$\frac{\tilde{K}_D}{\tilde{K}_R}$	0,6557
\tilde{H}_2	0,1065	$\frac{\tilde{h}^2}{\tilde{H}^2}$	0,2010
\tilde{h}^2	1,2995	$\frac{\tilde{h}_R^2}{\tilde{h}_A^2}$	0,8488
\tilde{F}	0,5031		0,8778
$\tilde{D}-\tilde{H}_1$	1,8589		

A simetria alélica pode ser confirmada quando o produto da frequência dos alelos favoráveis e desfavoráveis ($u_t v_t$) assumir valores próximos a 0,25, com

$w_t = 0$, bem como a estimativa $\frac{\tilde{K}_D}{\tilde{K}_R}$ apresentar magnitudes próximas a unidade.

Considerando-se que a relação $\frac{\tilde{H}_2}{4\tilde{H}_1}$ expressou valor equivalente a 70% de 0,25

e que $\frac{\tilde{K}_D}{\tilde{K}_R}$ revelou estimativa de cerca de 70% para com a unidade, não se pode

inferir sobre a ocorrência de simetria alélica absoluta entre genitores. De qualquer forma, denota uma dispersão gênica entre os materiais estudados tendendo à simetria alélica, conforme pode ser observado na Figura 1, em que houve concentração de apenas três genitores (P_3 , P_4 e P_5), que se posicionaram mais próximos do extremo dominante de w_i sobre v_i .

4.10.2.2. Peso Médio de Espigas

Elevada correlação negativa foi identificada para peso de espigas com grãos (-0,8441), indicando que os genes dominantes são os principais responsáveis por aumentos na característica (Tabela 39).

Com relação à concentração de alelos dominantes, revela-se a ordem P₃, P₈, P₄, P₂, P₅, P₆, P₁₀, P₉, P₇ e P₁, com destaque para a linhagem P₃, cujo valor de $\hat{W}_i + \hat{V}_i$, de 179847,2540, pela Tabela 42, ainda é sobremaneira inferior ao extremo dominante da regressão de \hat{W}_i sobre \hat{V}_i (Figura 2), com limite de seleção de -22889,3611 (Tabela 39), o que mostra a possibilidade de ganhos em gerações futuras, com a seleção de linhagens com maior concentração de genes dominantes. Na Tabela 43, evidencia-se a predominância dos efeitos de dominância, visto a superioridade das estimativas \tilde{H}_1 , \tilde{H}_2 e \tilde{h}^2 em comparação à estimativa associada a efeitos aditivos (\tilde{D}). Do mesmo modo, a magnitude negativa para $\tilde{D} - \tilde{H}_1$ (-1274114,9677) revela que os efeitos de dominância são mais importantes na expressão da característica.

Tabela 42 – Valores da soma da covariância entre médias dos genitores e médias da i-ésima linha (\hat{W}_i) com a variância entre médias da i-ésima linha (\hat{V}_i) e classificação da magnitude da soma para dez genitores de milho pipoca em relação a PE^{1/}, segundo metodologia de Hayman (1954). Campos dos Goytacazes, RJ.

Genitor ^{2/}	$\hat{W}_i + \hat{V}_i$	Classificação ^{3/}
P ₁	973697,4445	1°
P ₂	430749,1594	7°
P ₃	179847,2540	10°
P ₄	354679,0070	8°
P ₅	444768,8905	6°
P ₆	454062,2196	5°
P ₇	742062,7649	2°
P ₈	342562,5290	9°
P ₉	523855,7346	3°
P ₁₀	482145,5603	4°

^{1/} PE = peso médio de espigas.

^{2/} P₁ = PR 023; P₂ = PR 024; P₃ = PR 036; P₄ = UEM J1; P₅ = PR 045-1; P₆ = PR 045-2; P₇ = PR 045-3; P₈ = PR 087-1; P₉ = PR 087-2; P₁₀ = PR 087-3.

^{3/} Refere-se à ordem de concentração de alelos recessivos.

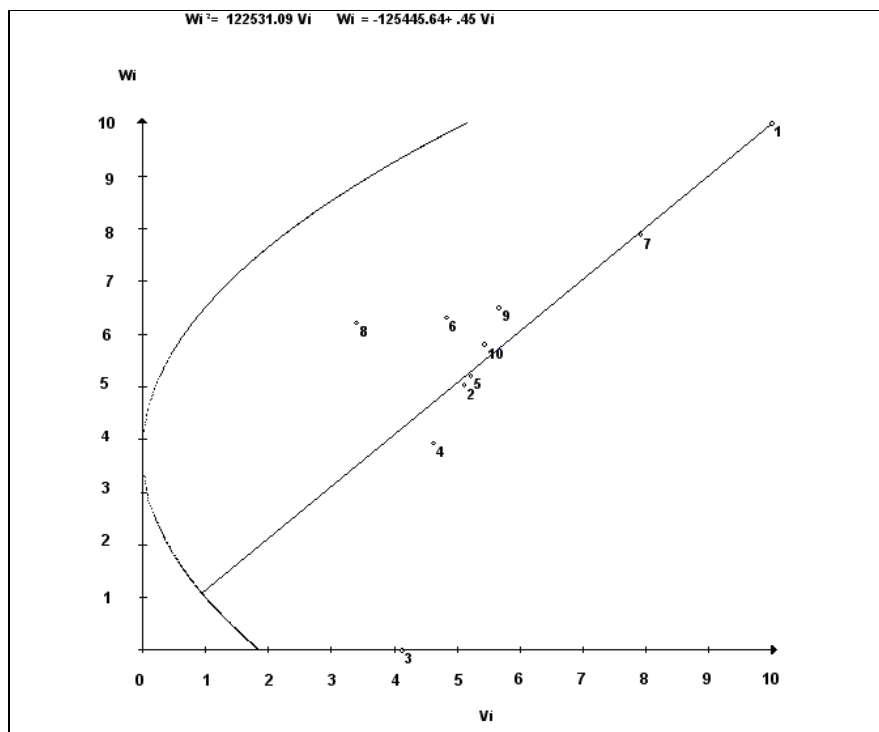


Figura 2 – Regressão de \hat{W}_i sobre \hat{V}_i para peso médio de espigas.

1 = PR 023; 2 = PR 024; 3 = PR 036; 4 = UEM J1; 5 = PR 045-1; 6 = PR 045-2; 7 = PR 045-3; 8 = PR 087-1; 9 = PR 087-2; 10 = PR 087-3.

Tabela 43 – Estimativa dos componentes e das informações genéticas para a característica peso médio de espigas com relação a dez genitores de milho pipoca, segundo a metodologia de Hayman (1954). Campos dos Goytacazes, RJ.

Componentes ^{2/}	Estimativas	Informações ^{3/}	Estimativas
$\tilde{\epsilon}$	43484,0011	$\sqrt{\frac{\tilde{H}_1}{\tilde{D}}}$	4,1374
\tilde{D}	79047,0909	$\frac{\tilde{H}_2}{4\tilde{H}_1}$	0,1571
\tilde{H}_1	1353162,0586	$\frac{\tilde{K}_D}{\tilde{K}_R}$	0,7466
\tilde{H}_2	850533,7932	$\frac{\tilde{h}^2}{\tilde{H}^2}$	2,2792
\tilde{h}^2	1938582,1939	\tilde{h}_R^2	0,5691
\tilde{F}	-94869,6003	\tilde{h}_A^2	0,9268
$\tilde{D}-\tilde{H}_1$	-1274114,9677		

Destaca-se a elevada magnitude da estimativa do grau médio de dominância (4,1374), denotando que a interação intra-alélica é sobredominante. Em concordância com tais resultados encontra-se a estimativa número de genes dominantes, com valor de 2,2792. Contudo, é oportuno ressaltar que esta estimativa somente é válida quando não há diferença entre a frequência de genitores em homozigose dominante e recessiva, bem como os valores genotípicos do heterozigoto não são nulos e são diferentes em magnitude (Carvalho, 1993).

A reduzida magnitude da herdabilidade no sentido restrito (\tilde{h}_R^2) denota pouca confiabilidade do genótipo em transmitir o fenótipo desejável aos descendentes. Com base na estimativa $\frac{\tilde{H}_2}{4\tilde{H}_1}$, observa-se que não há simetria absoluta na distribuição alélica entre os genitores, visto a reduzida magnitude (0,1571), bem como para a relação entre genes dominantes e recessivos (0,7466), que deveria ser próxima a unidade, indicando que a variância entre as médias da *i*-ésima linha não se aproxima da variância média.

4.10.2.3. Rendimento de Grãos

A elevada correlação negativa entre \bar{Y}_{ii} e $\hat{W}_i + \hat{V}_i$, com valor estimado de -0,8404 (Tabela 39), demonstra que os genes dominantes contribuem, em sua maioria, para aumentos na característica, diferentemente da capacidade de expansão, na qual prevalecem os efeitos aditivos na expressão da característica (Tabela 41). Os genitores apresentam-se em ordem semelhante ao observado para a característica peso de espiga, com relação à concentração de alelos dominantes, destacando-se o genitor 3, situado na parte extrema dominante do gráfico de regressão de \hat{W}_i sobre \hat{V}_i (Tabela 44 e Figura 3).

Averiguando-se os componentes genéticos, nota-se a superioridade dos componentes associados a efeitos não-aditivos sobre os efeitos aditivos, fato comprovado também pela magnitude negativa da estimativa $\tilde{D} - \tilde{H}_1$ (-1052849,9926), na qual indica a predominância dos efeitos dominantes (Tabela 45).

Tabela 44 – Valores da soma da covariância entre médias dos genitores e médias da i-ésima linha (\hat{W}_i) com a variância entre médias da linha (\hat{V}_i) e classificação da magnitude da soma para dez genitores de milho pipoca em relação a RG^{1/}, segundo metodologia de Hayman (1954). Campos dos Goytacazes, RJ.

Genitor ^{2/}	$\hat{W}_i + \hat{V}_i$	Classificação ^{3/}
P ₁	669292,2209	1°
P ₂	323137,4120	7°
P ₃	86754,2215	10°
P ₄	245491,3688	8°
P ₅	326015,3046	6°
P ₆	387523,9884	5°
P ₇	593894,0509	2°
P ₈	231636,1375	9°
P ₉	446984,1980	3°
P ₁₀	392093,6346	4°

^{1/} RG = rendimento de grãos.

^{2/} P₁ = PR 023; P₂ = PR 024; P₃ = PR 036; P₄ = UEM J1; P₅ = PR 045-1; P₆ = PR 045-2; P₇ = PR 045-3; P₈ = PR 087-1; P₉ = PR 087-2; P₁₀ = PR 087-3.

^{3/} Refere-se à ordem de concentração de alelos recessivos.

Tabela 45 – Estimativa dos componentes e das informações genéticas para a característica rendimento de grãos com relação a dez genitores de milho pipoca, segundo a metodologia de Hayman (1954). Campos dos Goytacazes, RJ.

Componentes ^{2/}	Estimativas	Informações ^{3/}	Estimativas
$\tilde{\epsilon}$	27141,4590	$\sqrt{\frac{\tilde{H}_1}{\tilde{D}}}$	3,9904
\tilde{D}	70547,5544	$\frac{\tilde{H}_2}{4\tilde{H}_1}$	0,1641
\tilde{H}_1	1123397,5470	$\frac{\tilde{K}_D}{\tilde{K}_R}$	0,9537
\tilde{H}_2	737832,3745	$\frac{\tilde{h}^2}{\tilde{H}^2}$	2,6738
\tilde{h}^2	1972842,5985	\tilde{h}_R^2	0,5259
\tilde{F}	-13333,1924	\tilde{h}_A^2	0,9391
$\tilde{D}-\tilde{H}_1$	-1052849,9926		

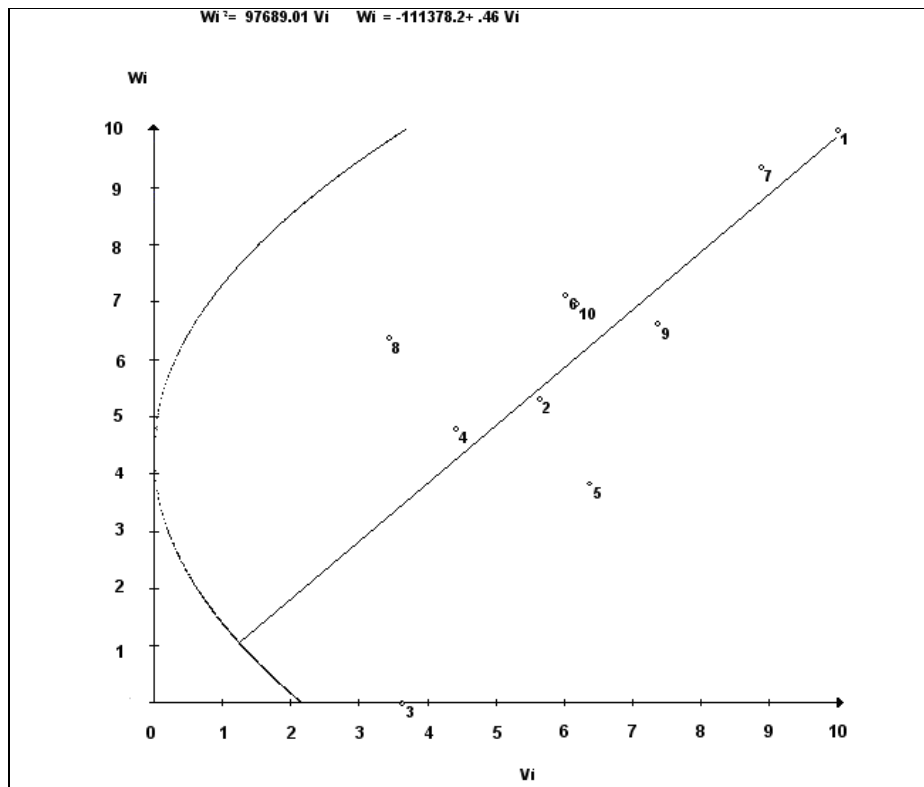


Figura 3 – Regressão de \hat{W}_i sobre \hat{V}_i para rendimento de grãos.

1 = PR 023; 2 = PR 024; 3 = PR 036; 4 = UEM J1; 5 = PR 045-1; 6 = PR 045-2; 7 = PR 045-3; 8 = PR 087-1; 9 = PR 087-2; 10 = PR 087-3.

Desse modo, para obtenção de ganhos para a característica, torna-se viável a utilização das linhagens em programas de melhoramento interpopulacional. Com relação ao grau médio de dominância, observa-se que, assim como para a característica peso de espiga, tal estimativa assumiu elevada magnitude (3,9904), indicando a presença de sobredominância na relação gênica atuante na expressão da característica rendimento de grãos.

A relação que estima o produto da frequência dos alelos favoráveis e desfavoráveis revelou-se reduzida (0,1641), denotando assimetria alélica entre os genitores. No entanto, este resultado não é confirmado pela relação entre genes dominantes e recessivos, na qual apresenta um valor próximo a unidade (0,9537), indicando proximidade entre variância entre médias da i -ésima linha e a variância média. Para a estimativa número de genes com dominância, observa-se concordância com o grau médio de dominância, visto que o valor de 2,6738 confirma a presença de mais de um gene dominante envolvido na expressão da característica.

4.10.2.4. Número Médio de Espigas

A correlação negativa entre \bar{Y}_{ii} e $\hat{W}_i + \hat{V}_i$, com valor de -0,3627 (Tabela 39), indica que os alelos dominantes atuam, mas não exclusivamente, no sentido de elevar a característica. De acordo com o gráfico de regressão de \hat{W}_i sobre \hat{V}_i , nota-se que os genitores P₃, P₄, P₈, P₅ e P₂ situam-se na extremidade dominante, e por isso, revelam os menores valores de $\hat{W}_i + \hat{V}_i$, destacando-se o genitor P₃ com menor concentração de alelos recessivos (Figura 4 e Tabela 46).

Comparando-se os componentes genéticos, pela Tabela 47 verifica-se a predominância dos efeitos dominantes sobre os efeitos aditivos, confirmando a superioridade dos efeitos de dominância na interação inter-alélica. Assim, evidencia-se a possibilidade de uso das linhagens em programas de melhoramento interpopulacional, para exploração da heterose. Este resultado é corroborado pela magnitude negativa da estimativa $\tilde{D} - \tilde{H}_1$.

O elevado grau médio de dominância (2,5128) à Tabela 47, denota a presença de sobredominância, apesar da estimativa do número de genes com dominância ter se revelado reduzida, sendo necessária cautela na assertiva da sobredominância. Com relação à simetria na distribuição alélica dos genitores, verifica-se que seu valor não se aproximou de 0,25, indicando que não houve frequência simétrica de aproximadamente 50% entre os alelos favoráveis e desfavoráveis. Esta afirmativa é confirmada ao se observar a relação entre genes dominantes e recessivos, com valor distante da unidade (1,9375), além da notável dispersão dos genitores no gráfico de regressão de \hat{W}_i sobre \hat{V}_i conforme Figura 4. A reduzida magnitude para a herdabilidade restrita (0,3580) denota pouca confiabilidade na transmissão de genes desejáveis para gerações futuras.

Tabela 46 – Valores da soma da covariância entre médias dos genitores e médias da i-ésima linha (\hat{W}_i) com a variância entre médias da linha (\hat{V}_i) e classificação da magnitude da soma para dez genitores de milho pipoca em relação a NE^{1/}, segundo metodologia de Hayman (1954). Campos dos Goytacazes, RJ.

Genitor ^{2/}	$\hat{W}_i + \hat{V}_i$	Classificação ^{3/}
P ₁	206,0110	1°
P ₂	76,5040	6°
P ₃	18,8900	10°
P ₄	20,9547	9°
P ₅	74,3358	7°
P ₆	201,4024	2°
P ₇	177,7352	3°
P ₈	53,4459	8°
P ₉	158,5626	4°
P ₁₀	122,2621	5°

^{1/} NE = número médio de espigas.

^{2/} P₁ = PR 023; P₂ = PR 024; P₃ = PR 036; P₄ = UEM J1; P₅ = PR 045-1; P₆ = PR 045-2; P₇ = PR 045-3; P₈ = PR 087-1; P₉ = PR 087-2; P₁₀ = PR 087-3.

^{3/} Refere-se à ordem de concentração de alelos recessivos.

Tabela 47 – Estimativa dos componentes e das informações genéticas para a característica número médio de espigas com relação a dez genitores de milho pipoca, segundo a metodologia de Hayman (1954). Campos dos Goytacazes, RJ.

Componentes ^{2/}	Estimativas	Informações ^{3/}	Estimativas
\tilde{E}	31,7974	$\sqrt{\frac{\tilde{H}_1}{\tilde{D}}}$	2,5128
\tilde{D}	49,8039	$\frac{\tilde{H}_2}{4\tilde{H}_1}$	0,1547
\tilde{H}_1	314,4944	$\frac{\tilde{K}_D}{\tilde{K}_R}$	1,9375
\tilde{H}_2	194,6513	$\frac{\tilde{h}^2}{\tilde{H}^2}$	0,4782
\tilde{h}^2	93,0915	\tilde{h}_R^2	0,3580
\tilde{F}	79,8867	\tilde{h}_A^2	0,7463
$\tilde{D} - \tilde{H}_1$	-264,6904		

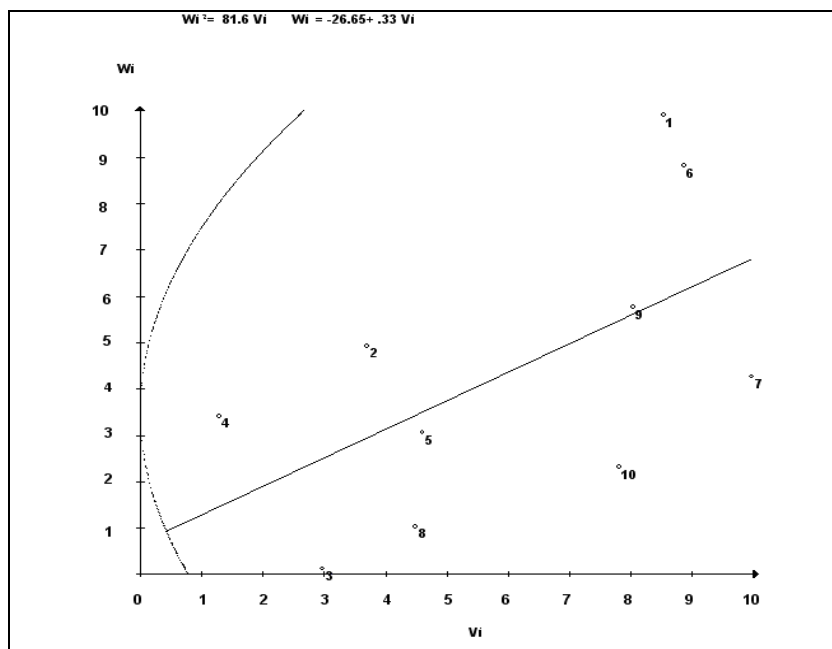


Figura 4 – Regressão de \hat{W}_i sobre \hat{V}_i para número médio de espigas.

1 = PR 023; 2 = PR 024; 3 = PR 036; 4 = UEM J1; 5 = PR 045-1; 6 = PR 045-2; 7 = PR 045-3; 8 = PR 087-1; 9 = PR 087-2; 10 = PR 087-3.

4.10.3. Ambiente de Itaocara

4.10.3.1. Capacidade de expansão

As correlações entre o valor genotípico do i -ésimo genitor (\bar{Y}_{ii}) e a soma da covariância e variância entre médias da i -ésima linha (\hat{W}_i e \hat{V}_i), bem como os valores das coordenadas (V_R, W_R, \hat{W}_D e \hat{V}_D) e da soma delas estão dispostos na Tabela 39. Para a característica CE, observa-se maior contribuição dos genes recessivos em promover aumentos na capacidade de expansão, visto a elevada correlação positiva (0,8118) entre \bar{Y}_{ii} e \hat{W}_i e \hat{V}_i (Tabela 48). Assim, os genitores P_8 , P_9 e P_{10} , por se apresentarem mais próximos da extremidade recessiva da regressão de \hat{W}_i sobre \hat{V}_i (Figura 5), destacam-se como os genitores com maiores valores de $\hat{W}_i + \hat{V}_i$. Destaca-se o genitor P_8 com valor de $\hat{W}_i + \hat{V}_i$ (2,0636) próximo a $\hat{W}_R + \hat{V}_R$ (2,5805), indicando a possibilidade de progresso na seleção de genótipos superiores (Tabela 48). Pela tabela 49, observa-se a

superioridade dos efeitos aditivos (\tilde{D}) sobre os efeitos de dominância (\tilde{H}_1, \tilde{H}_2 e \tilde{h}^2), confirmada também pela magnitude positiva de $\tilde{D} - \tilde{H}_1$, na qual indica a predominância dos efeitos gênicos de natureza aditiva, o que está em consonância com os resultados obtidos pela metodologia de Griffing (1956) e Gardner e Ebehart (1966).

Nota-se, em concordância com as demais estimativas, que o grau médio de dominância revela-se parcialmente dominante, e que a herdabilidade restrita elevada (0,9057) possibilita ganhos genéticos em gerações futuras, pela transmissão de genes favoráveis para a característica. Segundo a estatística $\frac{\tilde{H}_2}{4\tilde{H}_1}$, cujo valor apresenta-se distante de 0,25 (0,1422), nota-se que a simetria alélica entre os genitores não se caracterizou fortemente, fato corroborado pela estimativa $\frac{\tilde{K}_D}{\tilde{K}_R}$, com valor distante de 1,00 (0,2070). De acordo com os resultados obtidos, pela confirmação da presença de genes recessivos na expressão da característica, pode-se afirmar que a melhor estratégia a ser empregada é o uso *per se* dos genitores, em programas de melhoramento intrapopulacional.

Tabela 48 – Valores da soma da covariância entre médias dos genitores e médias da *i*-ésima linha (\hat{W}_i) com a variância entre médias da *i*-ésima linha (\hat{V}_i) e classificação da magnitude da soma para dez genitores de milho pipoca em relação a CE^{1/}, segundo metodologia de Hayman (1954). Itaocara, RJ.

Genitor ^{2/}	\hat{W}_i e \hat{V}_i	Classificação ^{3/}
P ₁	1,4681	6°
P ₂	1,5236	4°
P ₃	1,0097	10°
P ₄	1,4376	7°
P ₅	1,3301	9°
P ₆	1,4886	5°
P ₇	1,3796	8°
P ₈	2,0636	1°
P ₉	1,6927	2°
P ₁₀	1,6142	3°

^{1/} CE = capacidade de expansão.

^{2/} P₁ = PR 023; P₂ = PR 024; P₃ = PR 036; P₄ = UEM J1; P₅ = PR 045-1; P₆ = PR 045-2; P₇ = PR 045-3; P₈ = PR 087-1; P₉ = PR 087-2; P₁₀ = PR 087-3.

^{3/} Refere-se à ordem de concentração de alelos recessivos.

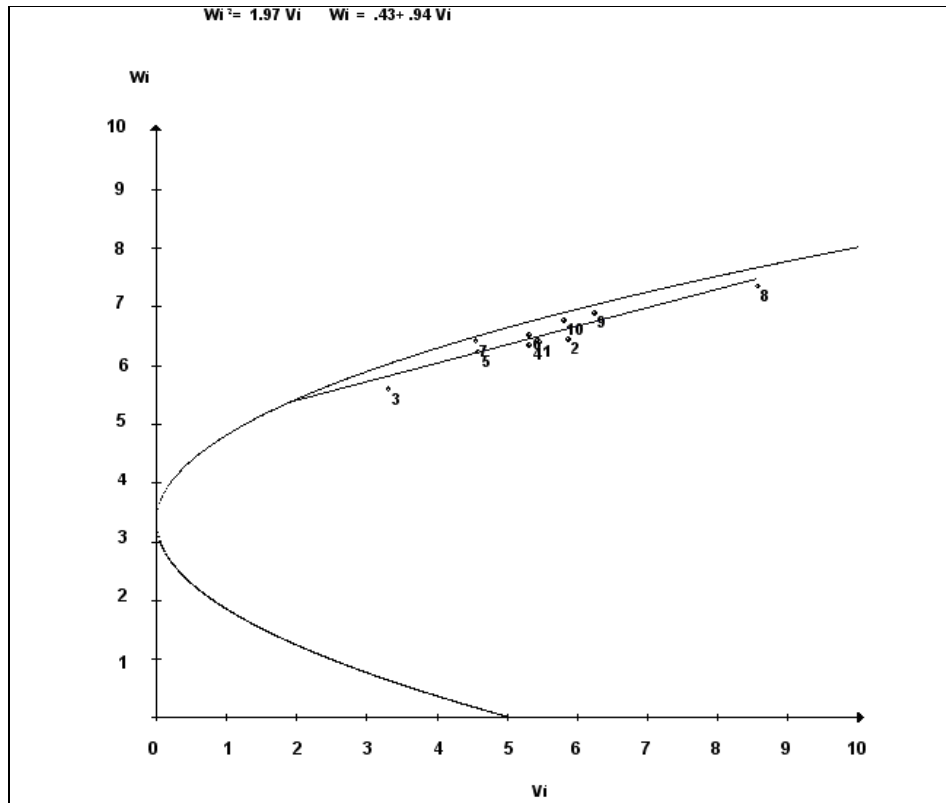


Figura 5 – Regressão de \hat{W}_i sobre \hat{V}_i para capacidade de expansão.

1 = PR 023; 2 = PR 024; 3 = PR 036; 4 = UEM J1; 5 = PR 045-1; 6 = PR 045-2; 7 = PR 045-3; 8 = PR 087-1; 9 = PR 087-2; 10 = PR 087-3.

Tabela 49 – Estimativa dos componentes e das informações genéticas para a característica capacidade de expansão com relação a dez genitores de milho pipoca, segundo a metodologia de Hayman (1954). Itaocara, RJ.

Componentes	Estimativas	Informações	Estimativas
$\tilde{\epsilon}$	0,1223	$\sqrt{\tilde{H}_1}$	0,2782
\tilde{D}	1,8496	$\sqrt{\tilde{D}}$	0,1422
\tilde{H}_1	-0,1940	$\frac{\tilde{H}_2}{4\tilde{H}_1}$	0,2070
\tilde{H}_2	-0,1103	$\frac{\tilde{K}_D}{\tilde{K}_R}$	0,7000
\tilde{h}^2	0,4084	$\frac{\tilde{h}^2}{\tilde{H}^2}$	0,9057
\tilde{F}	-0,0550	$\frac{\tilde{h}_R^2}{\tilde{h}_A^2}$	0,8783
$\tilde{D}-\tilde{H}_1$	2,0437		

4.10.3.2. Peso Médio de Espigas

A correlação negativa entre \bar{Y}_{ii} e \hat{W}_i e \hat{V}_i foi observada para a característica PE (-0,6967), denotando que os genes dominantes atuam predominantemente para aumentos na característica (Tabela 39).

A ordem dos genitores, em relação à concentração de alelos dominantes, é P₃, P₂, P₄, P₅, P₁₀, P₈, P₁, P₇, P₆ e P₉ (Tabela 50). Por se apresentarem mais afastados da extremidade recessiva da regressão de \hat{W}_i sobre \hat{V}_i , destacaram-se os genitores P₃, P₂, P₄, P₅ com valores de $\hat{W}_i + \hat{V}_i$ que sobrepõem o valor estimado para $\hat{W}_D + \hat{V}_D$ (39622,0568). Desse modo, evidencia-se a possibilidade de obtenção de segregantes ainda mais dominantes para a característica (Figura 6).

Pela Tabela 51, evidencia-se a predominância dos componentes associados a efeitos dominantes sobre os efeitos aditivos, comprovada pela superioridade das estimativas \tilde{H}_1 , \tilde{H}_2 e \tilde{h}^2 , sobre \tilde{D} . Além disso, o valor negativo para $\tilde{D} - \tilde{H}_1$ confirma a importância dos efeitos não-aditivos sobre a expressão da característica, evidenciando o potencial de uso das linhagens em programas de melhoramento interpopulacional. Constata-se elevado grau médio de dominância (2,4593), denotando a presença de sobredominância entre os alelos envolvidos.

É sabido que a simetria alélica estima o produto da frequência dos alelos favoráveis e desfavoráveis ($u_i v_i$) e, portanto, deve assumir valor aproximado de 0,25 para expressar simetria na distribuição alélica entre os genitores. Portanto, pode-se considerar que o valor de 0,1996 indica simetria alélica para a característica peso de espiga, bem como a relação entre genes dominantes e recessivos aproxima-se da unidade (0,9472), sugerindo que as médias da *i*-ésima linha aproxima-se da variância média.

Tabela 50 – Valores da soma da covariância entre médias dos genitores e médias da i -ésima linha (\hat{W}_i) com a variância entre médias da i -ésima linha (\hat{V}_i) e classificação da magnitude da soma para dez genitores de milho pipoca em relação a PE^{1/}, segundo metodologia de Hayman (1954). Itaocara, RJ.

Genitor ^{2/}	\hat{W}_i e \hat{V}_i	Classificação ^{3/}
P ₁	1235224,1505	4°
P ₂	251011,5597	9°
P ₃	247875,4169	10°
P ₄	320521,8119	8°
P ₅	524416,2491	7°
P ₆	1493313,0921	2°
P ₇	1360533,2818	3°
P ₈	821355,9620	5°
P ₉	1852412,3537	1°
P ₁₀	731159,9194	6°

^{1/} PE = peso médio de espigas.

^{2/} P₁ = PR 023; P₂ = PR 024; P₃ = PR 036; P₄ = UEM J1; P₅ = PR 045-1; P₆ = PR 045-2; P₇ = PR 045-3; P₈ = PR 087-1; P₉ = PR 087-2; P₁₀ = PR 087-3.

^{3/} Refere-se à ordem de concentração de alelos recessivos.

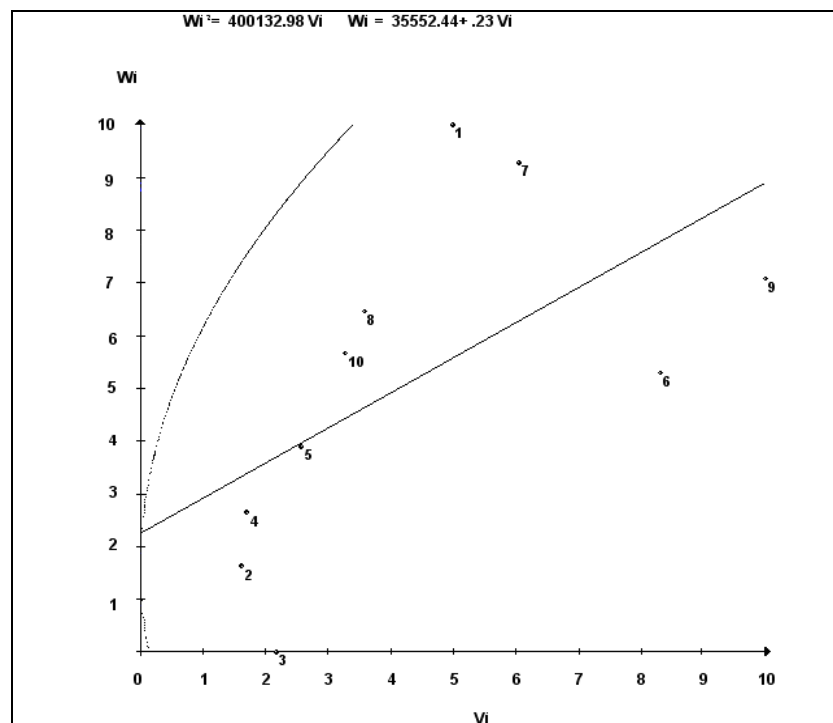


Figura 6 – Regressão de \hat{W}_i sobre \hat{V}_i para peso médio de espigas.

1 = PR 023; 2 = PR 024; 3 = PR 036; 4 = UEM J1; 5 = PR 045-1; 6 = PR 045-2; 7 = PR 045-3; 8 = PR 087-1; 9 = PR 087-2; 10 = PR 087-3.

Tabela 51 – Estimativa dos componentes e das informações genéticas para a característica peso médio de espigas com relação a dez genitores de milho pipoca, segundo a metodologia de Hayman (1954). Itaocara, RJ.

Componentes	Estimativas	Informações	Estimativas
$\tilde{\epsilon}$	39048,1238	$\sqrt{\frac{\tilde{H}_1}{\tilde{D}}}$	2,4593
\tilde{D}	361084,8600	$\frac{\tilde{H}_2}{4\tilde{H}_1}$	0,1996
\tilde{H}_1	2183903,8821	$\frac{\tilde{K}_D}{\tilde{K}_R}$	0,9472
\tilde{H}_2	1743714,1110	$\frac{\tilde{h}^2}{\tilde{H}^2}$	2,7345
\tilde{h}^2	4768234,3291	\tilde{h}_R^2	0,4720
\tilde{F}	-48079,6114	\tilde{h}_A^2	0,9565
$\tilde{D}-\tilde{H}_1$	-1822819,0221		

4.10.3.3. Rendimento de Grãos

Com base na Tabela 39, constata-se a predominância dos efeitos gênicos dominantes devido à expressiva correlação negativa entre \bar{Y}_{ii} e \hat{W}_i e \hat{V}_i (-0,7230), para a característica rendimento de grãos. Com base nessa informação, buscam-se genitores que propiciem aumento da característica. Pela Tabela 52, O valor da estimativa correspondente ao grau médio de dominância ($\sqrt{\frac{\tilde{H}_1}{\tilde{D}}}$) indica elevada sobredominância na interação intra-alélica, evidenciando a influência de genes dominantes na expressão da característica (Tabela 53).

Esta conclusão é confirmada pela predominância dos efeitos gênicos não-aditivos sobre os efeitos aditivos, bem como a magnitude negativa da estimativa $\tilde{D}-\tilde{H}_1$ (-1830218,2362). Desse modo, a melhor estratégia é o uso das linhagens em programas de melhoramento interpopulacional, pela exploração da heterose. A simetria alélica é evidenciada pelo valor de $\frac{\tilde{H}_2}{4\tilde{H}_1}$ próximo a 0,25 (0,2031), e também pela relação entre genes dominantes e recessivos, cujo valor aproxima-se da unidade (0,9070).

Tabela 52 – Valores da soma da covariância entre médias dos genitores e médias da i-ésima linha (\hat{W}_i) com a variância entre médias da i-ésima linha (\hat{V}_i) e classificação da magnitude da soma para dez genitores de milho pipoca em relação a RG^{1/}, segundo metodologia de Hayman (1954). Itaocara, RJ.

Genitor ^{2/}	\hat{W}_i e \hat{V}_i	Classificação ^{3/}
P ₁	1030039,5653	4°
P ₂	235931,8506	10°
P ₃	318155,1840	9°
P ₄	355005,0100	8°
P ₅	448647,5319	7°
P ₆	1170337,8132	3°
P ₇	1321936,9196	2°
P ₈	688981,0952	5°
P ₉	1684007,2160	1°
P ₁₀	581113,1278	6°

^{1/} RG = rendimento de grãos.

^{2/} P₁ = PR 023; P₂ = PR 024; P₃ = PR 036; P₄ = UEM J1; P₅ = PR 045-1; P₆ = PR 045-2; P₇ = PR 045-3; P₈ = PR 087-1; P₉ = PR 087-2; P₁₀ = PR 087-3.

^{3/} Refere-se à ordem de concentração de alelos recessivos.

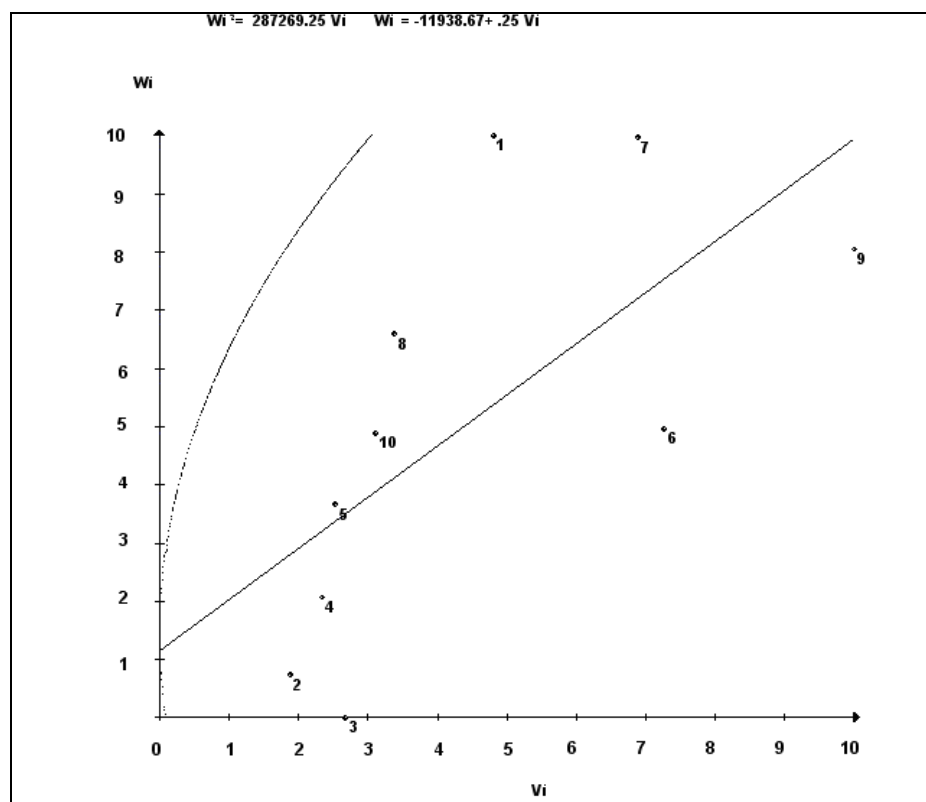


Figura 7 – Regressão de \hat{W}_i sobre \hat{V}_i para rendimento de grãos.

1 = PR 023; 2 = PR 024; 3 = PR 036; 4 = UEM J1; 5 = PR 045-1; 6 = PR 045-2; 7 = PR 045-3; 8 = PR 087-1; 9 = PR 087-2; 10 = PR 087-3.

Tabela 53 – Estimativa dos componentes e das informações genéticas para a característica rendimento de grãos com relação a dez genitores de milho pipoca, segundo a metodologia de Hayman (1954). Itaocara, RJ.

Componentes	Estimativas	Informações	Estimativas
$\tilde{\epsilon}$	28637,7672	$\sqrt{\frac{\tilde{H}_1}{\tilde{D}}}$	2,8419
\tilde{D}	258631,4846	$\frac{\tilde{H}_2}{4\tilde{H}_1}$	0,2031
\tilde{H}_1	2088849,7209	$\frac{\tilde{K}_D}{\tilde{K}_R}$	0,907
\tilde{H}_2	1697371,1852	$\frac{\tilde{h}^2}{\tilde{H}^2}$	3,4245
\tilde{h}^2	5812739,7558	\tilde{h}_R^2	0,4433
\tilde{F}	-71455,8873	\tilde{h}_A^2	0,9648
$\tilde{D}-\tilde{H}_1$	-1830218,2362		

4.10.3.4. Número Médio de Espigas

A correlação negativa entre \bar{Y}_{ii} e \hat{W}_i e \hat{V}_i , de valor -0,4333, indica que os genes dominantes contribuem, mas não em sua totalidade, para aumento do número de espigas (Tabela 39).

Pela Tabela 54, nota-se que a seqüência dos genitores, recessivos para dominantes, apresenta-se na seguinte ordem: P₉, P₁, P₆, P₇, P₅, P₈, P₁₀, P₄, P₂ e P₃, sendo que os genitores P₃, P₂ e P₄ se destacam como os mais promissores por apresentarem maior concentração de genes dominantes, com os menores valores de $\hat{W}_i + \hat{V}_i$, denotando potencial para elevar a característica. Na Tabela 55, destaca-se elevado valor para o grau médio de dominância (2,1308), revelando a presença de sobredominância na interação intra-alélica. Nota-se ainda que as estimativas \tilde{H}_1 , \tilde{H}_2 e \tilde{h}^2 sobrepõem-se numericamente a estimativa \tilde{D} , bem como $\tilde{D}-\tilde{H}_1$ revela-se com valor negativo (-246,1078), ratificando que os efeitos de caráter dominante prevalecem sobre os efeitos aditivos, bem como o potencial de uso das linhagens em programas de melhoramento interpopulacional. A reduzida herdabilidade restrita para a característica em estudo (0,1174) denota a falta de fiabilidade na transmissão dos genes favoráveis

para a geração futura, traduzindo em poucas chances de obtenção de descendentes desejáveis. Nota-se ainda que a estimativa $\frac{\tilde{H}_2}{4\tilde{H}_1}$ revela-se próxima a 0,25 (0,1929), indicando que há simetria alélica entre os genitores.

Em consonância com o ambiente de Campos dos Goytacazes, observa-se que as quatro características avaliadas demonstraram resultados coerentes e semelhantes para a maioria das estimativas, aumentando a credibilidade dos resultados obtidos.

Tabela 54 – Valores da soma da covariância entre médias dos genitores e médias da i-ésima linha (\hat{W}_i) com a variância entre médias da i-ésima linha (\hat{V}_i) e classificação da magnitude da soma para dez genitores de milho pipoca em relação a NE^{1/}, segundo metodologia de Hayman (1954). Itaocara, RJ.

Genitor ^{2/}	\hat{W}_i e \hat{V}_i	Classificação ^{3/}
P ₁	217,0255	2°
P ₂	19,7278	9°
P ₃	15,5535	10°
P ₄	28,3313	8°
P ₅	74,2447	5°
P ₆	205,5648	3°
P ₇	82,2745	4°
P ₈	49,7139	6°
P ₉	236,7276	1°
P ₁₀	31,7769	7°

^{1/} E = número médio de espigas.

^{2/} P₁ = PR 023; P₂ = PR 024; P₃ = PR 036; P₄ = UEM J1; P₅ = PR 045-1; P₆ = PR 045-2; P₇ = PR 045-3; P₈ = PR 087-1; P₉ = PR 087-2; P₁₀ = PR 087-3.

^{3/} Refere-se à ordem de concentração de alelos recessivos.

Tabela 55 – Estimativa dos componentes e das informações genéticas para a característica número médio de espigas com relação a dez genitores de milho pipoca, segundo a metodologia de Hayman (1954). Itaocara, RJ.

Componentes	Estimativas	Informações	Estimativas
$\tilde{\epsilon}$	22,4790	$\sqrt{\frac{\tilde{H}_1}{\tilde{D}}}$	2,1308
\tilde{D}	69,5112	$\frac{\tilde{H}_2}{4\tilde{H}_1}$	0,1929
\tilde{H}_1	315,691	$\frac{\tilde{K}_D}{\tilde{K}_R}$	2,3493
\tilde{H}_2	243,5881	$\frac{\tilde{h}^2}{\tilde{H}^2}$	0,5994
\tilde{h}^2	146,0176	$\frac{\tilde{h}_R^2}{\tilde{h}_A^2}$	0,1174
\tilde{F}	119,3423		0,7620
$\tilde{D}-\tilde{H}_1$	-246,1078		

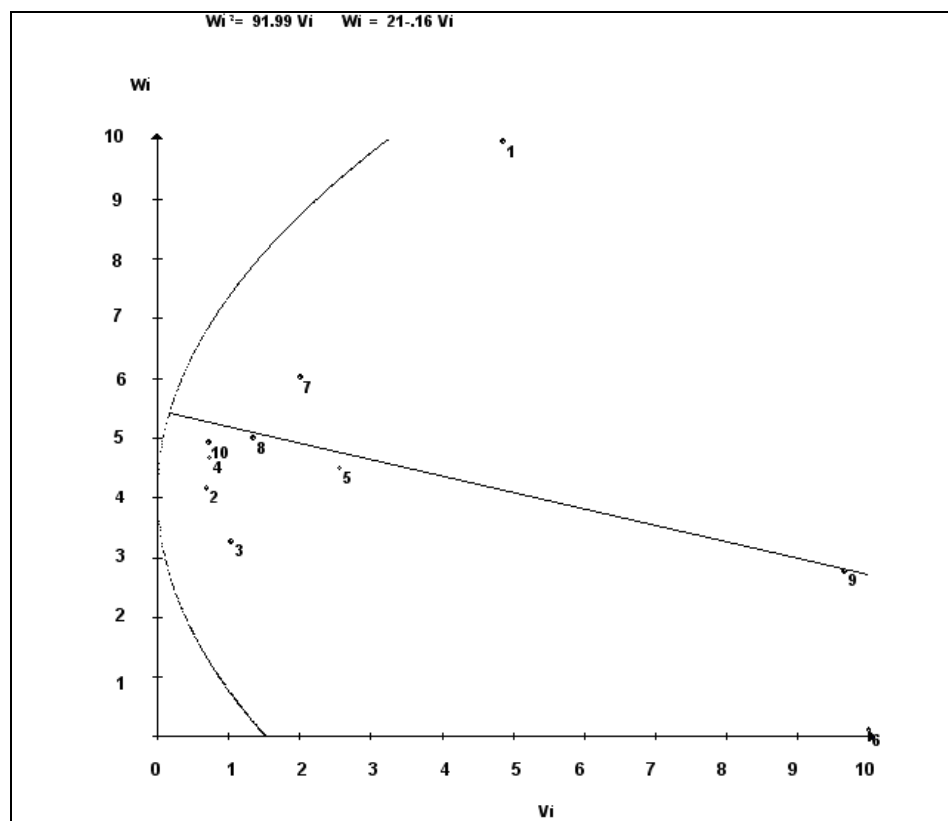


Figura 8 – Regressão de \hat{W}_i sobre \hat{V}_i para número médio de espigas.

1 = PR 023; 2 = PR 024; 3 = PR 036; 4 = UEM J1; 5 = PR 045-1; 6 = PR 045-2; 7 = PR 045-3; 8 = PR 087-1; 9 = PR 087-2; 10 = PR 087-3.

5. RESUMO E CONCLUSÕES

A implementação de cruzamentos dialélicos entre linhagens, com o intuito de verificar o potencial genético dos genitores, bem como a detecção de híbridos de interesse agrônomo, compõem os objetivos principais do presente trabalho, na expectativa de contribuir para o Programa de Melhoramento de Milho Pipoca da UENF.

Realizaram-se dois ensaios no ano agrícola de 2007/2008 para avaliação das 14 características, sendo cada ensaio constituído por 58 tratamentos que corresponderam aos dez genitores (linhagens), 45 híbridos dialélicos e três testemunhas. Os ensaios foram realizados em Campos dos Goytacazes e Itaocara, respectivamente, Norte e Noroeste Fluminense, utilizando o delineamento em blocos ao acaso, com três repetições. Os tratamentos foram cultivados em fileiras simples de 10,00 m de comprimento e espaçamento de 0,90 m entre fileiras e 0,20 m entre plantas. Foram obtidos 45 híbridos dialélicos entre dez linhagens e utilizadas as metodologias de Griffing (1956), Gardner e Ebehart (1966) e Hayman (1954).

Com base nos resultados obtidos, foi possível concluir que:

- a) Para ambos os ambientes em estudo, as características de maior interesse agrônomo (CE e RG) apresentaram valores significativos para genitores e híbridos, indicando a variabilidade dos pais e F_{1s} ;
- b) Pela análise conjunta da capacidade combinatória, conclui-se que os híbridos superiores foram $P_1 \times P_3$, $P_2 \times P_4$ e $P_3 \times P_7$;

- c) Pela análise dos efeitos heteróticos, sobressaíram-se os híbridos $P_1 \times P_3$, $P_3 \times P_7$ e $P_2 \times P_9$;
- d) Por meio do estudo da herança das características CE, PE, RG e NE em ambos os ambientes, houve correlação negativa entre (\bar{Y}_{ii}) e $(\hat{W}_i$ e $\hat{V}_i)$, para as características PE, RG e NE, confirmando que os alelos dominantes são, em sua maioria, responsáveis pelo aumento da magnitude destas características. Apenas CE expressou relação positiva entre (\bar{Y}_{ii}) e $(\hat{W}_i$ e $\hat{V}_i)$, pressupondo que a ação de alelos dominantes tendem a reduzir a magnitude da característica;
- e) Houve predominância dos efeitos gênicos não-aditivos $(\tilde{H}_1, \tilde{H}_2$ e $\tilde{h}^2)$, em relação aos efeitos gênicos aditivos (\tilde{D}) , para PE, RG e NE; o contrário ocorreu para capacidade de expansão;
- f) A interação alélica de sobredominância destacou-se para as características PE, RG e NE, diferentemente de CE, na qual exibiu dominância parcial; e
- g) Para CE, a melhor estratégia a ser adotada é o uso das linhagens em programas de melhoramento intrapopulacional, visando a obtenção de segregantes superiores. Para as características PE, RG e NE, indica-se a estratégia de melhoramento interpopulacional, pela exploração da heterose.

6. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Alexander, D.E.; Creech, R.G. (1977) Breeding special industrial and nutritional types. In Sprague, G.F. e Fuccillo, D.A. Corn and corn improvement. *Madison, American Society of Agronomy*, 363–386.
- Amaral Júnior, A.T.; Pereira, M.G.; Daros, M.; Silva, R.F.; Santos, F.S.; Tardin, F.D.; Freitas Júnior, S.P.; Carvalho, G.F.; Nunes, P.R.; Bressan-Smith, R.E.; Gabriel, A.P.; Carolina, P.; Scapim, C.A.; Viana, J.M.S. (2002) O melhoramento de milho pipoca na UENF. II Mostra de Pós-Graduação, UENF, Campos dos Goytacazes, 78p.
- Andrade, R.A. (1996) *Cruzamentos dialélicos entre seis variedades de milho pipoca*. Tese (Mestrado em Genética e Melhoramento) - Viçosa - MG, Universidade Federal de Viçosa - UFV, 79p.
- Andrade, R.A.; Cruz, C.D.; Scapim, C.A.; Silvério, L.; Pinto, R.J.B.; and Tonet A. (2002) Análise dialélica da capacidade combinatória de variedades de milho pipoca. *Acta Scientiarum* 24: 1197-1204.
- Brasil (1992) *Ministério da Agricultura e Reforma Agrária. Comissão Técnica de Normas e Padrões. Normas de identidade, qualidade, embalagem e apresentação do milho*. Brasília-DF, 365p.

- Brugnera, A.; Von Pinho, R.G.; Pacheco, C.A.P.; Alvarez, C.G. D. (2003) Resposta de cultivares de milho pipoca a doses de adubação de semeadura. *Revista Ceres*, Viçosa, 50 (290):417-429.
- Brunson, A.M. (1937) Popcorn breeding. *Yearbook Agricultural*. 1:395-404.
- Carpentieri-Pípolo, V.; Takahashi, H.W.; Endo, R.M.; Petek, M.R.; Seifert, A. (2002) Correlações entre caracteres quantitativos em milho pipoca. *Horticultura Brasileira*, 20(4):551-554.
- Carvalho, L.P. (1993) Divergência genética e análise dialélica em *Gossypium hirsutum* L. var. *latifolium* Hutch. Tese (Mestrado em Genética e Melhoramento). - Viçosa - MG, Universidade Federal de Viçosa - UFV, 203p.
- Coimbra, R.R. (2000) Seleção entre famílias de meios-irmãos da população DFT1-Ribeirão de milho pipoca. Tese (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Viçosa – MG, Universidade Federal de Viçosa, UFV, 54p.
- Cruz, C.D. (1990) Aplicação de algumas técnicas multivariadas no melhoramento de plantas. Tese (Doutorado em Agronomia) – Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz – Piracicaba - SP. 188p.
- Cruz, C.D.; Regazzi, A.J.; Carneiro, P.C.S. (2004) *Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético*. 3. ed. Viçosa: Editora UFV, v.1, 480.
- Cruz, C.D. (2006) Programa Genes: versão Windows: aplicativo computacional em genética e estatística. Viçosa: Editora UFV.
- Cruz, J.C.; Pereira Filho, I.A. (2007) *Cultivares de milho disponíveis no mercado de sementes do Brasil para a safra 2006/2007*. Disponível em <http://www.cnpms.embrapa.br/milho/cultivares/index.php> Acesso em 25 maio 2008.

- Cruz, C.D.; Regazzi, A.J. (2001) Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético. UFV: *Imprensa Universitária*, 390p.
- Daros, M.; Amaral Júnior, 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. (2003) *Melhoramento de milho pipoca: Seleção recorrente em famílias de irmãos completos e progênies S₁*. Tese (Doutorado em Produção Vegetal) - Campos dos Goytacazes - RJ, Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro - UENF, 91p.
- Daros, M.; Amaral Júnior, A.T.; Pereira, M.G.; Santos, F.S.; Gabriel, A.P.C.; Scapim, C.A.; Freitas Júnior, S.P; Silvério, L. (2004 a) Recurrent selection in inbred popcorn families. *Sci. Agric.*, Piracicaba-SP, 61(6):609-614.
- Daros, M.; Amaral Júnior, A.T.; Pereira, M.G.; Santos, F.S.; Scapim, C.A.; Freitas Júnior, S.P; Daher, R.F.; Ávila, M.R. (2004 b) Correlações entre caracteres agrônômicos em dois ciclos de seleção recorrente em milho pipoca. *Ciência Rural*, Santa Maria-RS, 34(5):1389-1394.
- Dofing, S.M.; D`Croz-Mason, N.; Thomas-Compton, M.A. (1991) Inheritance of expansion volume and yield in two popcorn x dent corn crosses. *Crop Science*, Madison, 31:715-718.
- Erwin, A.T. (1949) The origin and history of popcorn, *Zea mays* L. var. *indurata* (Sturt) Bailey mut. *Everta* (Sturt) Erwin. *Agronomy Journal*, 41 (2): 53-56.
- Falconer, D.S. (1987) *Introdução à genética quantitativa*. Tradução de Martinho de Almeida e Silva e José Carlos Silva. Viçosa: UFV, Imprensa Universitária, 279p.

- Freitas Junior, S.P.; Amaral Júnior, A.T.; Pereira, M.G.; Cruz, C.D.; Scapim, C.A. (2006) Capacidade combinatória em milho pipoca por meio de dialelo circulante. Brasília, DF, *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, 41:1599-1607.
- Fontes, P.S.F. (2002) Adubação nitrogenada e avaliação de cultivares de banana (*Musa spp*) no Noroeste do Estado do Rio de Janeiro. Tese (Mestrado em Produção Vegetal) - Campos dos Goytacazes - RJ, Universidade Estadual do Norte Fluminense – UENF, 54p.
- Galinat, W.C. (1977) The origin of corn. In: SPRAGUE, G.F. (Ed) CORN and corn improvement. New York, *Academic Press*, 1-48.
- Galvão, J.C.C.; Sawazaki E.; Miranda, G.V. (2000) Comportamento de híbridos de milho pipoca em Coimbra, Minas Gerais. *Revista Ceres*, Viçosa, (270): 201-218.
- Gardner, C.O., Ebehart, S.A. (1966) Analysis and interpretation of the variety cross diallel and related populations. *Biometrics*, v.22, n.18, 439-452.
- Griffing, B. (1956) Concept of general and specific combining ability in relation to diallel crossing systems. *Austr. J. Biol. Sci.*, v.9, 463-493.
- Gomes, F.P. (1990) Curso de estatística experimental. 13 ed. Piracicaba: São Paulo, USP/ESALQ, 468p.
- Goodman, M.M.; Smith, J.S.C. (1987) Botânica In: Paterniani, E. e Viegas, G.p. eds. Melhoramento e produção de milho. Campinas, *Fundação Cargil*, 1:41-78.
- Hallauer, A.R.; Miranda Filho, J.B. (1988) *Quantitative genetics in maize breeding*. Ames: Iowa State University Press, 468p.
- Hayman, B. I. (1954) The analysis of variance of diallel tables. *Biometrics*, Washington, v. 10, 235-244.

- IBGE (2006) *Número de estabelecimentos, área e valor bruto da produção; Categorias familiares por tipo de renda e patronal*. Censo Agropecuário (1995/96). Disponível em <http://www.ibge.gov.br> Acesso em 04 Jan. 2008.
- Jinks, J. L. & Hayman, B.I. (1953) The analysis of diallel crosses. *Mayze Genet. Coop. Newslett.*, 27:48-54.
- Ji, H.C.; CHO, J.W.; Yamakawa, T. (2006) Diallel analysis of plant and ear traits in tropical maizes (*Zea mays* L.). *Journal of Fac. Agr.*, Kyushu University, South Korea, 51(2):233-238.
- Kantety, R.V.; Zeng, X.; Bennetzen, J.; Zehr, B.E. (1995) Assessment of genetic diversity in dent and popcorn (*Zea mays* L.) inbred lines using inter-simple sequence repeat (ISSR) amplification. *Molecular Breeding*, 1:365-373.
- Kempthorne, O.; Curnow, R.N. (1961) The partial diallel cross. *Biometrics*, North Carolina, 17:229-250.
- Krug, C.A.; Conagin, A.; Junqueira, A.A.B. (1943) *Cultura e adubação do milho*. São Paulo, SP: Ed. *Instituto Potassa*. 96p.
- Larish, L.B.; Brewbaker, J. L. (1999). Diallel analyses of temperate and tropical popcorn. *Maydica*, Bergamo, v. 44, 279-284.
- 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) - Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz – Piracicaba – SP, 78p.
- Lira, M.A. (1983) Seleção entre e dentro de famílias de meio-irmãos para produção e capacidade de expansão e correlações entre alguns caracteres em milho pipoca (*Zea mays* L.). Tese (Mestrado em fitotecnia) - Escola Superior de Agricultura de Lavras - Lavras – MG, 62p.

- Lyerly, P.J. (1942) Some genetic and morphological characters affecting the popping expansion of popcorn. *Journal American Society of Agronomy, Madison*, 34:986–995.
- Mangelsdorf, P.C. & Smith Jr, C.E. (1949) A discovery of remains of primitive maize in New Mexico. *J.Hered.*, 17: 39-43.
- Mangelsdorf, P.C. (1974) Corn its origin, evolution and improvement. Cambridge: *Harvard University Press*, 262p.
- Matta, F.P.; Viana, J.M.S. (2001) Testes de capacidade de expansão em programas de melhoramento de milho pipoca. *Scientia Agrícola*, 58(4):845-851.
- Miranda, G.V.; Coimbra, R. R.; Godoy, C. L.; Souza L. V.; Guimarães, L. J. M.; Melo, A. V. de. (2008) Potencial de melhoramento e divergência genética de cultivares de milho pipoca. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, Brasília, 38 (6):681-688.
- Miranda, G.V.; Souza, L.V.; Galvão, J.C.C.; Guimarães, L.J.M.; Melo, A.V.; Santos, I.C. (2007) Genetic variability and heterotic groups of Brazilian popcorn populations. *Euphytica*: DOI 10.1007/s10681-007-9598-9.
- Miranda Filho, J.B.; Vencovsky, R. (1984) Analysis of diallel crosses among open-pollinated varieties of maize (*Zea mays* L.). *Maydica*, Bergamo, v.29, 217-234.
- Pacheco, C.A.P.; Gama, E.P.; Guimarães, P.E.O.; Santos, M.X.; Ferreira, A.S. (1998) Estimativas de parâmetros genéticos nas populações CMS-42 e CMS-43 de milho pipoca. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*. 33:1995-2001.
- Pacheco, C.A.P.; Gama, E.E.G.; Parentoni, S.N.; Santos, M.S.; Lopes, M.A.; Ferreira, A.S.; Fernandes F.T.; Guimarães, P.E.O.; Correa, L.A.; Meirelles, W.F.; Feldman, R.O.; Magnavaca, R. (2000) BRS Ângela: Variedade de milho pipoca. Comunicado Técnico, EMBRAPA/CNPMS,1-6.

- Paterniani, E. e Miranda Filho, J.B. (1978) Melhoramento de populações. In: Paterniani, E. (Ed.) *Melhoramento e produção de milho no Brasil*. Piracicaba, Esalq, 202-246.
- Pereira, M.G.; Amaral Júnior, A.T. (2001) Estimation of genetic components in popcorn based on the nested design. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, 1:3-10.
- Rangel, R.M.; Amaral Júnior, A.T.; Viana, A.P.; Freitas Júnior, S.P.; Pereira, M.G. (2007) Prediction of popcorn hybrid and composites means. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, 7(3):287-295.
- Rangel, R.M.; Amaral Júnior, A.T.; Scapim, C.A.; Freitas Júnior, S.P.; Pereira, M.G.; (2008) Genetics and parameters in parents and hybrids of circulant diallel in popcorn. *Genetics and Molecular Research*, Ribeirão Preto, v.7, n. 4, 1020-1030.
- Ramalho, M.A.P.; Santos, J.B.; Zimmermann, M.J. O. (1993) *Genética Quantitativa em Plantas autógamas: aplicações ao melhoramento do feijoeiro*. Goiânia - GO, 271p.
- Rinaldi, D.A.; Carpentieri-Pípulo, V.; Gerage, A.C.; Ruas, C.F.; Fonseca Júnior, N.S.; Souza, A.; Souza, S.G.H.; Garbuglio, D.D. (2007) Correlação entre heterose e divergência genética estimadas por cruzamentos dialélicos e marcadores RAPD em populações de milho-pipoca. *Bragantia*, Campinas, 66(2):183-192.
- Robbins, W.A.; Ashman, R.B. (1984) Parent-offspring popping expansion correlation in progeny of dent x popcorn crosses. *Crop Science*, 24, 119-121.

- Santos, F.S.; Amaral Júnior, A.T.; Freitas Júnior, S.P.; Rangel, M.R.; Pereira, M.G. (2007) Predição de ganhos genéticos por índices de seleção na população de milho-pipoca UNB-2U sob seleção recorrente. In: *Bragantia*, Campinas, 66(3):389-396.
- Sawazaki, E.; Paterniani, M.E.A.G.Z.; Castro, J.L.de; Gallo, P.B.; Galvão, J.C.C.; Saes, L.A. (2000) Potencial de linhagens de populações locais de milho pipoca para síntese de híbridos. *Bragantia*, 59 (2): 143-151.
- Sawazaki, E. (2001) A cultura do milho pipoca no Brasil. *O Agrônomo*, 11-13.
- Sawazaki, E.; Fantin, G.M.; Dudienas, C.; Castro, G. (2003) Resistência de genótipos de milho pipoca a doenças. *Revista de Agricultura*, Piracicaba – SP, 78(1):149-164.
- Scapim, C.A.; Pacheco, C. A. P.; Tonet, A.; Braccini, A. L.; Pinto, R. J. B. (2002) Análise dialélica e heterose de populações de milho pipoca. *Bragantia*, Campinas -SP, v. 61, n.3, 219-230.
- Scapim, C.A.; Carvalho, C.G.P. de; Cruz, C.D. (1995) Uma proposta de classificação dos coeficientes de variação para a cultura do milho. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, Brasília, 30 (5):683-686.
- Scapim, C.A.; Pinto, R.J.B.; Amaral Júnior, A.T.; Mora, F.; Dandolini, T.S.; (2006) Combinability ability of white grain popcorn populations. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, 6: 136-143.
- Seifert, A.L.; Carpentieri-Pípolo, V.; Ferreira, J.M.; Gerage, A.C. (2006) Análise combinatória de populações de milho pipoca em topcrosses. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, Brasília, v. 41, n.5, 771-778.
- Simon, G.A.; Scapim, C.A.; Pacheco, C.A.P.; Pinto, R.J.B.; Braccini, A.L.; Tonet, A. (2004) Depressão por endogamia em populações de milho pipoca. *Bragantia*, Campinas – SP, 63 (1):55-62.

- Singh, R.K.; Chaudhary, B.D. (1985) Biometrical methods in quantitative genetic analysis. *New Delhi: Kalyani Publishers*. 318p.
- Sprague, G.F.; Tatum, L.A. (1942) General vs specific combining ability in single crosses of corn. *Journal American Soc. Agronomy*. 34: 923-932.
- Steel, R.G.D.; Torrie, J.H. (1980) *Principles and procedures of statistics: a biometrical approach*. New York: McGraw-Hill Book Company, 633p.
- Vencovsky, R. (1970) Aspectos teóricos e aplicados do cruzamento dialélico de variedades. Tese (Doutorado em Agronomia) - Universidade de São Paulo – USP, Piracicaba – SP.
- Vencovsky, R.; Cruz, C.D. (1989) Comparação de alguns métodos de análise dialélica. *Revista Brasileira de Genética*. Ribeirão Preto, v.12, n.2, 425-438.
- Vendruscolo, E.C.G.; Scapim, C.A.; Pacheco C.A.P.; Oliveira, V.R.; Braccini, A. de L.; Gonçalves-Vidigal, M.C. (2001) Adaptabilidade e estabilidade de cultivares de milho pipoca na região centro-sul do Brasil. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, Brasília, 36 (1):123–130.
- Verma, R.K.; Singh, T.P. (1979) Inter-relations among certain quantitative traits in popcorn. *Mysore Journal Agricultural Science*. 13:15-18.
- Viana, J.M.S.; Matta, F.P. (2003) Analysis of general and specific combining abilities of popcorn populations, including selfed parents. *Genetics and Molecular Biology*, Ribeirão Preto – SP, v.26, n.4, 465-471.
- Viana, J.M.S.; Condé, A.B.T.; Almeida, R.V.; Scapim, C.A.; Valentini, L. (2007) Relative importance of *per se* and topcross performance in the selection of popcorn S₃ families. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, 7: 74-81.
- Vilarinho, A.A. (2001) Seleção de progênies endogâmicas S₁ e S₂ em programas de melhoramento intrapopulacional e de produção de híbridos de milho pipoca

(*Zea mays* L.). Tese (Mestrado em Genética e Melhoramento) Universidade Federal de Viçosa – UFV, Viçosa – MG, 79p.

Vilela, F. O. (2004) *Impacto da seleção recorrente na variabilidade genética da população UNB-2U de milho pipoca (Zea mays L.) por meio de marcadores RAPD*. Tese (Mestrado em Produção Vegetal) – UENF, Campos dos Goytacazes - RJ, 94p.

Vilela, F.O.; Amaral Júnior, A.T.; Pereira, M.G.; Scapim, C.A.; Viana, A.P.; Freitas Júnior, 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.

Willier, J.G.; Brunson, A. M. (1927) Factors affecting the popping quality of popcorn. *Journal of Agricultural Research*, (7): 615-624.

Zanette, V.A. (1989) Análise da variabilidade genética em populações de milho pipoca (*Zea mays* L.) I. Heterose da capacidade de expansão do grão. *Agronomia Sulriograndense*, Porto Alegre, 25(2):173-181.

Ziegler, K.E.; Ashman, B. (1994) Popcorn. In: Hallauer, A. ed. Specialty corns. Iowa: CRC Press, cap 7, 189-223.

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