

**CAPACIDADE COMBINATÓRIA EM MILHO PIPOCA POR MEIO DE
DIALELO CIRCULANTE**

SILVÉRIO DE PAIVA FREITAS JÚNIOR

**UNIVERSIDADE ESTADUAL DO NORTE FLUMINENSE DARCY
RIBEIRO – UENF
CAMPOS DOS GOYTACAZES - R J
MARÇO - 2005**

CAPACIDADE COMBINATÓRIA EM MILHO PIPOCA POR MEIO DE DIALELO CIRCULANTE

SILVÉRIO DE PAIVA FREITAS JÚNIOR

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

Orientador: Prof. Antônio Teixeira do Amaral Júnior

CAMPOS DOS GOYTACAZES - R J
MARÇO - 2005

CAPACIDADE COMBINATÓRIA EM MILHO PIPOCA POR MEIO DE
DIALELO CIRCULANTE

SILVÉRIO DE PAIVA FREITAS JÚNIOR

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

Aprovada em 16 de março de 2005

Comissão Examinadora:

Prof. Carlos Alberto Scapim (D.Sc. em Genética e Melhoramento) - UEM

Prof. Henrique Duarte Vieira (D.Sc. em Produção Vegetal) - UENF

Prof. Messias Gonzaga Pereira (Ph.D. em Melhoramento de Plantas) - UENF

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

A minha esposa Marcela e minha filha Gabriela pelo companheirismo
e apoio nesta caminhada;

Ao meu pai Silvério e minha mãe Inês, pela dedicação à minha
educação;

Aos meus irmãos, Silvio, Silvia e Ismael.

DEDICO

AGRADECIMENTOS

A DEUS, por ter me acompanhado durante toda a minha caminhada;

À Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro (UENF), por tornar possível a concretização de um sonho;

Ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq), pelo suporte financeiro;

Ao Professor Antônio Teixeira do Amaral Júnior, pela forma de orientação e por todo apoio e ensinamento que me passou durante tantos anos;

Ao Professor Messias Gonzaga Pereira, pela atenção e sugestões que foram sempre brilhantes e esclarecedoras;

Ao Técnico Agrícola Geraldo de Carvalho ao Engenheiro Agrônomo Paulo Rogério (Itaocara) e aos trabalhadores de campo pela colaboração na obtenção dos híbridos dialélicos e na implementação dos ensaios de competição;

Aos professores Carlos Alberto Scapim, Alexandre Pio Viana e Henrique Duarte Vieira pelas valiosas sugestões;

Aos professores Messias Gonzaga Pereira, Carlos Alberto Scapim e Cosme Damiano Cruz, pela colaboração na análise dos dados experimentais do dialelo;

À professora Rosana Rodrigues, pela colaboração no inglês;

À dona Sãozinha, minha sogra, por ter me apoiado desde o início;

Aos meus avós, tios e primos por tantos anos de convivência feliz;

Aos colegas de Laboratório, Fabrício Baiano, Gustavo, Francisco Bezerra, Ana Paula, Ramon, Felipe, Marlon, Máskio Daros, Flávio, Wallace, Edemir e Júnior, pela cumplicidade e amizade;

Aos colegas de Curso Sílvia, Francisco Zaia, Bruno Cereja, Leandro, Gisele, Sávio e Rafael Gaúcho, pela amizade;

Aos bolsistas Dione, Valéria e Keila, pela indispensável ajuda;

À Técnica do Laboratório Beth, pela ótima convivência; e

A todos que, em menor ou maior intensidade, contribuíram para a realização deste trabalho.

SUMÁRIO

RESUMO.....	viii
ABSTRACT.....	x
1. INTRODUÇÃO.....	01
2. REVISÃO DE LITERATURA.....	04
2.1. Biosistemática do milho pipoca.....	04
2.2. Abordagem econômica.....	06
2.3. Melhoramento do milho pipoca.....	07
2.4. Métodos de análises dialélicas	10
2.5. Dialelo circulante.....	12
3. MATERIAL E MÉTODOS.....	15
3.1. Obtenção e multiplicação das populações introduzidas.....	15
3.2. Pré –seleção das populações introduzidas.....	16
3.3. Obtenção dos híbridos dialélicos	18
3.4. Avaliação dos híbridos e genitores do dialelo	19
3.5. Análise estatística	22
3.5.1. Análise de variância	22
3.5.2. Análise de Kempthorne e Curnow	23

3.6. Esperanças dos quadrados médios	23
3.7. Estimativa de parâmetros genéticos para cada ambiente	27
3.7.1. Variabilidade genotípica entre genótipos	28
3.7.2. Variância fenotípica entre genótipos	28
3.7.3. Variabilidade de ambiente.....	29
3.7.4. Coeficiente de determinação genotípica	29
3.8. Estimativa de parâmetros genéticos para dois ambientes	29
3.8.1. Variabilidade genotípica entre genótipos	30
3.8.2. Variabilidade atribuída à interação genótipos por ambientes.....	30
3.8.3. Variância fenotípica	30
3.8.4. Coeficiente de determinação genotípica.....	31
3.9. Estimativa das médias dos quadrados dos efeitos do dialelo circulante para cada ambiente	31
3.10. Estimativa das médias dos quadrados dos efeitos do dialelo circulante para dois ambientes	32
3.11. Predição de compostos	34
3.11.1. Composto biparental	34
3.11.1.1. Número de compostos	34
3.11.1.2. Valor predito	34
3.11.2. Composto de três pais tipo A x B x C	35
3.11.2.1. Número de compostos	35
3.11.2.2. Valor predito	35
3.11.3. Composto de quatro pais do tipo A x B x C x D	35
3.11.3.1. Número de compostos	35
3.11.3.2. Valor Predito	35
4. RESULTADOS E DISCUSSÕES.....	36
4.1 Ambiente de Campos dos Goytacazes.....	36
4.1.1. Análise de variância univariada.....	36
4.1.2. Teste entre médias.....	42
4.1.3. Parâmetros genéticos.....	47
4.2. Ambiente de Itaocara.....	50

4.2.1. Análise de variância univariada.....	50
4.2.2. Teste entre médias.....	56
4.2.3. Parâmetros genéticos.....	60
4.3. Análise conjunta.....	62
4.3.1. Análise de variância conjunta.....	62
4.3.2. Parâmetros genéticos.....	68
4.4. Análise dialélica para Campos dos Goytacazes.....	70
4.4.1. Análise de variância para capacidade combinação	70
4.4.2. Efeitos da capacidade geral de combinação.....	75
4.4.3. Efeitos da capacidade específica de combinação.....	81
4.5. Análise dialélica para Itaocara	85
4.5.1. Análise de variância para capacidade de combinação	85
4.5.2. Efeitos da capacidade geral de combinação.....	90
4.5.3. Efeitos da capacidade específica de Combinação.....	95
4.6. Análise dialélica conjunta	98
4.6.1. Análise de variância para capacidade combinatória	98
4.6.2. Efeitos médios da capacidade geral de combinação	104
4.7. Predição de compostos.....	109
4.7.1. Predição de Compostos para Campos dos Goytacazes.....	109
4.7.2. Predição de Compostos para Itaocara	112
5. RESUMO E CONCLUSÕES	115
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....	118

RESUMO

FREITAS JÚNIOR, SILVÉRIO DE PAIVA; M.Sc.; Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro; março de 2005; Capacidade combinatória em milho pipoca por meio de dialelo circulante. Orientador: Prof. Antônio Teixeira do Amaral Júnior. Conselheiros: Prof. Messias Gonzaga Pereira e Prof. Carlos Alberto Scapim

Antevendo a necessidade de constituição de uma nova população-base para a continuidade do melhoramento de milho pipoca da UENF; em 2001, ações foram adotadas para a obtenção de novos materiais a serem introduzidos no Programa de Melhoramento de Milho Pipoca da UENF. As introduções provieram da Universidade Federal de Viçosa (UFV), da Universidade Estadual de Maringá (UEM), do Instituto Agrônomo de Campinas (IAC), e da EMBRAPA/CNPMS. Ao todo, doze materiais foram obtidos e, no ano agrícola de 2002, foram multiplicados por dois ciclos no Colégio Estadual Agrícola Antônio Sarlo, em Campos dos Goytacazes, RJ. Concomitantemente, averiguações foram anotadas quanto ao porte das introduções, bem como à sanidade com relação a helmintosporiose e também quanto à coloração dos grãos. Em decorrência, seis genótipos foram selecionados para participação em esquema de cruzamentos em dialelo circulante, juntamente com quatro materiais do banco de germoplasma da UENF, visando ao estudo, principalmente, da CGC e CEC, com o intento de se obter um composto que reúna elevada variabilidade genética e aspectos desejáveis quanto à produção, porte, coloração dos grãos e tolerância a helmintosporiose. Também averigou-se a performace da população UNB2U-C2 para avaliação da conveniência de lançamento como nova variedade para o Norte e Noroeste

Fluminense. Na análise do dialelo, a CGC revelou-se significativa para quase todas as características avaliadas no ambiente de Campos dos Goytacazes, destacando-se os genitores UNB2U-C1, ANGELA, UNB2U-C2 e VIÇOSA-Viçosa. Em relação à capacidade específica de combinação, destacaram-se os pares Braskalb x UNB2U-C2, PA038-Maringá x UNB2U-C2, UNB2U-C1 x BRANCO-Viçosa e PA038-Maringá x VIÇOSA-Viçosa. Em Itaocara, destacaram-se para CGC os genitores UNB2U-C1, UNB2U-C2, ANGELA, Viçosa-UENF e VIÇOSA-Viçosa, já para a CEC as melhores combinações foram: Braskalb x Beija-Flor, PA038-Maringá x UNB2U-C2, UNB2U-C1 x ANGELA, PA038-Maringá x ANGELA e ANGELA x VIÇOSA-Viçosa. Por meio da análise das médias dos quadrados dos efeitos da análise conjunta observou-se superioridade dos efeitos genéticos aditivos, em relação aos não aditivos, para as características P100G, FLOR, ALTE, CE, NPQ e NPLANT. Os efeitos genéticos não-aditivos expressaram superioridade para as características NESP, NESPD, NESPP, PESP, PG, ALTP, NPA e EMP.

ABSTRACT

FREITAS JÚNIOR, SILVÉRIO DE PAIVA; M.Sc.; Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro; march, 2005; Combining ability in popcorn using circulant diallel. Adviser: Prof. Antônio Teixeira do Amaral Júnior. Committee members: Prof. Messias Gonzaga Pereira and Prof. Carlos Alberto Scapim.

Aiming to obtain a new base population to continue the popcorn breeding program from UENF, procedures were adapted to introduce new genotypes in 2001. The genotypes introduced came from Universidade Federal de Viçosa (UFV), Universidade Estadual de Maringá (UEM), Instituto Agrônomo de Campinas (IAC), and EMBRAPA/CNPMS. In total, 12 genotypes were introduced and seeds were multiplied during two cycles in 2002 at Colégio Estadual Agrícola Antônio Sarlo, Campos dos Goytacazes, RJ. During the same period, information about plants growth types, reaction to northern corn leaf blight, as well as grain colour were registered. Based on these observations, six genotypes were selected for using in crosses considering a circulant diallel crosses. The major goal of this strategy was to study general combining ability (GCA) and specific combining ability (SCA) aiming to obtain a maize composite with high genetic variability and desirable aspects, in terms of yield, growth type, grain colour and resistance to northern corn leaf blight also, it was investigated the performance of UNB2U-C2 population to evaluate the impact of releasing this genotype as a new variety to be used in north and northwest of Rio de Janeiro. In the diallel analysis, the GCA was significant for almost all traits tested in Campos dos Goytacazes. Considering GCA, the best results were obtained by parentals UNB2U-C1, ANGELA, UNB2U-C2 and VIÇOSA-Viçosa. For SCA, the best combinations were Braskalb x UNB2U-

C2, PA038-Maringá x UNB2U-C2, UNB2U-C1 x BRANCO-Viçosa and PA038-Maringá x VIÇOSA-Viçosa. In test carried out in Itaocara, the parentals UNB2U-C1, UNB2U-C2, ANGELA, Viçosa-UENF and VIÇOSA-Viçosa, had the best results for GCA while for SCA the best combinations were: Braskalb x Beija-Flor, PA038-Maringá x UNB2U-C2, UNB2U-C1 x ANGELA, PA038-Maringá x ANGELA and ANGELA x VIÇOSA-Viçosa. Based on mean squares of effects in a combined analysis we observed that additive effects were more important than non-additive effects for the following traits: P100G, FLOR, ALTE, CE, NPQ and NPLANT. Non-additive effects were superior for NESP, NESPD, NESPP, PESP, PG, ALTP, NPA and EMP.

1. INTRODUÇÃO

O milho pipoca é um alimento bastante consumido no Brasil, contudo seu plantio comercial é bastante modesto. Segundo Galvão *et al.* (2000), em 1998, foram consumidas 80 mil toneladas sendo importadas aproximadamente 61 mil toneladas, sendo que a produção nacional foi cerca de 20 mil toneladas de grãos. As importações são principalmente realizadas dos Estados Unidos da América - que é o maior consumidor e exportador - e da Argentina. Isto é reflexo da baixa qualidade das cultivares de pipoca disponíveis no mercado brasileiro.

Scapim *et al.* (2002), fizeram uma comparação entre as populações brasileiras e norte-americanas de milho pipoca e mostraram que a qualidade da pipoca brasileira é muito inferior à da norte-americana. Segundo Scapim *et al.* (2002), no primeiro Ensaio Nacional de milho pipoca, que foi realizado no ano agrícola 1991/92, a CE média foi de 17,5 mL.mL⁻¹ e a média da melhor cultivar foi de 20,8 mL.mL⁻¹. Na década de 40, a CE de híbridos e populações comerciais nos Estados Unidos variava de 23,2 a 32,7 mL.g⁻¹.

Em novos estudos, Sawazaki *et al.* (2000) e Galvão *et al.* (2000) obtiveram bons resultados de produtividade e capacidade de expansão em São Paulo e Minas Gerais. Nesses ensaios, a capacidade de expansão média variou de 32 a 36 mL.g⁻¹ e a produtividade média de grãos ficou acima de 4.000 kg.ha⁻¹. São híbridos de linhagens Guarani e IAC-64 obtidos no Instituto Agrônomo (IAC), em

Campinas (SP), que apresentaram boa adaptação à região, cujos resultados se aproximam dos melhores híbridos norte-americanos.

No melhoramento do milho pipoca deve-se levar em consideração, além da produtividade, o acamamento e quebramento, a resistência a doença e os aspectos relacionados à qualidade da pipoca, como textura e maciez. Ao agricultor interessa produtividade elevada e os demais atributos de uma população de milho considerada superior; ao consumidor, alta capacidade de expansão (CE), que confere à pipoca melhor textura e maciez.

Para tanto, umas das técnicas genético-estatísticas de elevada potencialidade são os cruzamentos dialélicos em razão do grande número de informações genéticas que podem oferecer ao melhorista (Cruz e Regazzi, 2001). Os cruzamentos dialélicos são os mais amplamente utilizados em quase todas as espécies cultivadas. Uma das vantagens dessa metodologia é que ela não só contribui para o processo decisório da escolha de pais e populações segregantes, mais também pode fornecer informações sobre o controle genético das características.

A principal restrição aos cruzamentos dialélicos é que, com grande número de pais, o número de combinações híbridas a serem obtidas e avaliadas torna-se uma tarefa laboriosa. Uma opção que proporciona maior flexibilidade aos cruzamentos dialélicos, com relação ao número de pais envolvidos, são os dialelos circulantes. Essa metodologia de dialelo, embora proposta na década de 60, por Kempthorne e Curnow, e possibilite o envolvimento de um número muito superior de pais, tem sido pouco utilizada, provavelmente decorrente de poucos trabalhos publicados com esta metodologia e se ter poucos resultados sobre a sua eficiência em relação aos dialelos completos.

Todavia, Veiga *et al.* (2000) compararam a eficiência dos dialelos circulantes com dialelos completos e constataram que os dialelos circulantes demonstram eficiência comparável à dos completos, tanto na classificação dos pais, quanto na capacidade geral e específica de combinação, bem como na magnitude das estimativas desses parâmetros.

A Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, UENF, tem desenvolvido um Programa de Melhoramento de Milho Pipoca, com duas principais linhas de atuação: melhoramento intrapopulacional de UNB-2U e melhoramento pela obtenção de composto. Essas linhas de atuação, em conjunto, visam ao lançamento de variedades com características desejáveis para as regiões Norte e Noroeste Fluminense.

A linha de atuação do programa de melhoramento de milho pipoca da UENF com base em obtenção de composto, iniciou-se em 2001, com a introdução de doze genótipos, provenientes da Universidade Federal de Viçosa (UFV), da Universidade Estadual de Maringá (UEM), do Instituto Agronômico de Campinas (IAC), e da EMBRAPA/CNPMS. Destes genótipos, seis foram selecionados no ano agrícola de 2002, em ensaio implementado no Colégio Estadual Agrícola Antônio Sarlo, em Campos dos Goytacazes, por apresentarem grãos amarelos, sanidade de campo a helmintosporiose, porte baixo a médio e maior prolificidade.

O presente trabalho objetivou avaliar a capacidade de combinação dos seis genótipos selecionados juntamente com quatro materiais da Coleção de Germoplasma da UENF, pela implementação de cruzamentos em esquema de dialelo circulante, com o propósito de identificar híbridos superiores e obter composto com ampla variabilidade genética, a ser designado UENF-C0. Pretendeu-se ainda avaliar a performance da população UNB2U-C2, em relação a testemunhas, sobretudo quanto à produtividade e capacidade de expansão, com o intuito de verificar a conveniência de lançamento como variedade para produtores das regiões Norte e Noroeste Fluminense.

2. REVISÃO DE LITERATURA

2.1. Biossistemática e Origem do Milho Pipoca

O milho pipoca pertence à espécie *Zea mays* L., à família *Poaceae*, sub-família *Panicoideae*, tribo *Maydeae*. É uma planta herbácea anual, monóica, o seu sistema radicular é fasciculado e superficial, possui folhas alternadas, presas à bainha superposta que envolve o colmo e uma inflorescência onde os grãos estaminados da parte inferior abortam, conferindo o caráter monóico à planta o que favorece a fecundação cruzada.

Quando comparado ao milho comum apresenta em geral grãos menores, maior prolificidade, menor vigor e maior susceptibilidade a doenças. Todavia, a capacidade de se expandir é a principal diferença entre os tipos pipoca e comum.

A expansão ocorre quando os grãos são submetidos a temperaturas acima de 180 °C; nestas temperaturas, a pressão interna do grão atinge 930,8 Kpa (Silva *et al.*, 1993). Este fenômeno pode ser descrito como uma explosão provocada pela expansão, sob pressão, da umidade contida nos grânulos de amido, ocorrendo hidrólise da maioria do amido, perda de umidade e extinção de toda a estrutura celular do endosperma, sendo que o pericarpo atua apenas no confinamento da pressão (Weatherwax, 1922).

Segundo Galinat (1977) das várias hipóteses aventadas quanto à origem genética do milho pipoca três são relevantes: a) o teosinto atual é o ancestral

silvestre do milho; b) um teosinto primitivo é o ancestral silvestre, tanto do milho comum quanto do teosinto atual; e c) uma forma extinta de milho tunicado foi o ancestral do milho, sendo o teosinto uma forma mutante do tipo tunicado.

Segundo Goodman e Smith (1987) existem evidências genéticas e citológicas de que o milho e teosinto são aparentados. Essas evidências consolidam-se pelo fato de que o milho e o teosinto possuem o mesmo número e homologia dos cromossomos, além da facilidade com que se inter cruzam, originando descendentes geralmente férteis.

O primeiro relato de descoberta do milho pipoca, segundo Mangelsdorf e Smith Jr. (1949) 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 de pipoca Chapalote ou Nal-tel, não havendo indícios de que o teosinto seja o genitor silvestre do milho. Mangelsdorf (1974) afirma que o teosinto é mais especializado que o milho em alguns aspectos: adaptação a menor número de ambientes; redução da espiga polística para dística; redução de grãos pareados a únicos e endurecimento das glumas e ráquis. Isso posto, hipotetizou-se que o milho é o ancestral e não o descendente do teosinto (Mangelsdorf, 1974).

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 disso, 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

No Brasil, existem poucas informações sobre área de cultivo, bem como a produção e a quantidade importada (Vendruscolo *et al.*, 2001; Carpentiere-Pípolo *et al.*, 2002). Atualmente nota-se o aumento da produção e do consumo, em decorrência do advento ao comércio nacional do milho pipoca importado dos Estados Unidos da América, para uso em forno de microondas (Coimbra, 2000). Segundo estimativas do Grupo Megaagro (2004), o consumo nacional de milho pipoca, para o ano de 2003, foi em torno de 65 a 70 mil toneladas, sendo que cerca de 15 a 20 mil toneladas são importadas, donde nota-se que ocorreu um decréscimo no consumo em relação ao ano de 2000, que foi de 80 mil toneladas. Na década de 90, 75 % desse mercado correspondia ao milho importado principalmente dos Estados Unidos da América e da Argentina. Segundo estimativas do Grupo Megaagro (2004) na safra de 2003 apenas 30 % do milho consumido foi importado.

O valor do milho pipoca como cultura depende de sua qualidade, que é determinada pela capacidade de expansão (CE) e maciez, que são altamente correlacionadas (Lira, 1983). O milho pipoca varia quanto ao tamanho (de 0,5 a 1,0 cm), formato (redondo, chato, pontiagudo) e a coloração (rosa, creme, vermelha, roxa, preta e azul), sendo as cores branca e amarela as mais comuns (Zinsly e Machado, 1987). Os tipos de maior aceitação comercial são os de grãos redondos, tipo pérola, e com endosperma alaranjado (Ziegler e Ashman, 1994). Para consumo doméstico os grãos geralmente são pequenos (76 a 105 grãos em 100g) e amarelos, e a pipoca é do tipo borboleta, que é a mais macia.

Pela Norma de Identidade e Qualidade de Milho Pipoca, do Ministério da Agricultura e Abastecimento, uma variedade comercial de milho pipoca deve apresentar um valor de capacidade de expansão mínimo de 15 mL.mL⁻¹, pois, abaixo deste índice, a pipoca torna-se muito dura e com muitos grãos sem estourar (Pacheco *et al.*, 2002).

Como é o mercado que determina os rumos da agricultura, o cultivo do milho-pipoca tende a expandir-se. Para isso, conta com alguns fatores favoráveis: a

cultura pode ser totalmente mecanizada, e é pouco suscetível ao ataque de pragas e doenças no campo, e seus preços não são controlados pelo governo (Ruffato *et al.*, 2000). Além disso, seu preço tem sido no mínimo três vezes superior ao do milho comum (Machado, 1997). Em virtude disso, a qualidade do milho pipoca tem melhorado gradualmente nos últimos anos, embora não existam padrões oficiais de qualidade para este e para a maioria dos produtos vegetais produzidos no País (Ruffato *et al.*, 2000).

2.3. Melhoramento do Milho Pipoca

O melhoramento genético do milho possui duas vertentes, as quais podem ser implementadas de forma conjunta: a obtenção de híbridos F_1 e a obtenção de populações melhoradas. Em se tratando da obtenção de populações melhoradas, a adequação de métodos de seleção possibilita o aumento gradativo da frequência de genes favoráveis na população, além de permitir a obtenção de linhagens endogâmicas que, quando em combinações adequadas, produzirão híbridos superiores às populações de origem (Paterniani e Miranda Filho, 1978).

Em se tratando do milho pipoca, o produto final melhorado deve atender ao consumidor e ao produtor (Vendrusculo *et al.*, 2001). Assim, é fundamental compreender o momento de se aproveitar os efeitos da aditividade e os de dominância. Isto porque a melhoria da capacidade de expansão, que possui influência aditiva de genes (Lyerly, 1942; Dofing *et al.*, 1991; Pacheco *et al.*, 1998; Pereira e Amaral Júnior, 2001) não deve estar alijada da melhoria para produção, que possui influência de genes em dominância (Pereira e Amaral Júnior, 2001).

Segundo Hallauer e Miranda Filho (1981), a escolha de germoplasma é a base de qualquer programa de melhoramento. Para os autores, as características do germoplasma determinarão o potencial máximo de melhoramento que será permitido e os métodos de melhoramento determinarão o quanto do potencial máximo poderá ser alcançado.

Dentre as opções de identificação de genitores para a constituição de população com ampla variabilidade a ser explorada em sucessivos ciclos de seleção, as metodologias de análises dialélicas para a investigação da capacidade combinatória se constituem em alternativas bastante viáveis.

Quanto às oportunidades de utilização das metodologias dialélicas, o dialelo circulante apresenta-se como opção exequível, pois permite o estudo da capacidade combinatória geral e específica, por meio da amostra de todos os possíveis cruzamentos entre os genitores (Cruz e Regazzi, 2001).

É um método que apesar de não requerer as obtenções de todas as combinações híbridas, permite a identificação de genitores com melhor potencial genético aditivo que os demais, que serão recomendados para a formação de uma população-base, ou composto, a ser submetido à seleção (Cruz e Regazzi, 2001).

A obtenção de variedade melhorada a partir de composto tem se constituído em estratégia de sucesso para o lançamento de variedades melhoradas por melhoristas de milho pipoca. Exemplo é a variedade BRS ANGELA, oriunda de ciclos de seleção recorrente no composto CMS-43, da EMBRAPA/CNPMS (Pacheco *et al.*, 2000).

O melhoramento do milho pipoca no país é bastante recente. O primeiro ensaio nacional de milho pipoca foi conduzido há apenas dez anos (Andrade, 1996), o que denota necessidade de implementação de trabalhos inerentes para a consolidação da cultura no Brasil.

Linares (1987) cita como raros os programas de melhoramento para o milho pipoca, resultando, como conseqüência, em poucos materiais melhorados e que estes programas basicamente se resumem na seleção de variedades de polinização aberta.

Segundo Sawazaki (1995), o milho pipoca não teve a mesma atenção dada ao milho comum, sendo obtido pouco progresso em seu melhoramento no Brasil, devido ao número limitado de instituições e melhoristas envolvidos com a cultura. Os trabalhos encontram-se restritos a poucos pesquisadores de instituições oficiais e, mais recentemente, a algumas empresas privadas de sementes.

Coelho *et al.* (1980) citam projetos visando obter cultivares com alta produtividade, boa capacidade de expansão, resistência a doenças e expressão de boas características agronômicas, sendo desenvolvidos por melhoristas em São Paulo (ESALQ), Rio Grande do Sul (UFRS) e Minas Gerais (UFV). Nos dias atuais, a Universidade Estadual de Maringá (UEM), o Instituto Agrônomo de Campinas, o Centro Nacional de Milho e Sorgo da EMBRAPA e a Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro também fazem parte deste grupo.

Pelo menos até a atualidade, pode-se registrar que a cultura ainda não alcançou seu lugar de destaque, o que é evidenciado pelo reduzido número de cultivares híbridas ou não, oferecidas pelo mercado. Segundo Sawazaki (2001), no Brasil, apenas sete cultivares são registradas no SNPC (Serviço Nacional de Proteção aos Cultivares), sendo que seis dessas são de uso restrito aos produtores parceiros das empresas detentoras das sementes. A grande maioria dos produtores utiliza sementes próprias, originadas de variedades locais ou de gerações avançadas de híbridos norte-americanos.

Na safra de 2002/03, estavam disponíveis no mercado 206 cultivares de milho, sendo que desse total apenas dois são de milho pipoca, respectivamente designadas RS 20 e Zélia. A primeira trata-se de uma variedade, que representa hoje 13,43 % do mercado nacional e a outra, é um híbrido triplo que representa 31,8 % do mercado. Todavia, há que se destacar que os híbridos simples e triplos representam hoje 66,16 % do mercado, indicando uma nova tendência na agricultura brasileira. Essa porcentagem se refere ao número de cultivares disponíveis no mercado (não necessariamente a área plantada ou à quantidade de sementes vendidas).

Zélia é o único híbrido comercializado no Brasil e que está acessível a qualquer produtor. Já em 1997, tal híbrido era recomendado para as condições de clima e solo do Brasil, sendo no mesmo ano, comercializado pela 'Pionner' 180 toneladas de sementes do híbrido. Outros híbridos como P608, P608 HT, P618, P621 e P625 são registrados pela Yoki Alimentos, e de uso restrito aos parceiros da empresa (Sawazaki, 2001).

O IAC (Instituto Agrônomo de Campinas), recomendou um híbrido, IAC-112; o qual está começando a ser produzido em escala comercial para atendimento em parceria com uma empresa empacotadora, a Hikari (Sawazaki, 2001).

Das 25 cultivares de milho oferecidas pela Embrapa, apenas uma é de milho pipoca, a BRS ANGELA. Essa situação torna-se ainda mais crítica se considerar que a Embrapa detém apenas 5 % do mercado de sementes (Bison, 2000).

2.4. Métodos de Análises Dialélicas

Compreende-se por dialelo um sistema em que é escolhido um grupo de p linhagens, que são cruzadas entre si, fornecendo o máximo de p^2 combinações. No sistema de cruzamentos dialélicos a capacidade combinatória é dividida em capacidade geral e capacidade específica de combinação (Cruz e Regazzi, 2001).

De acordo com Vencovsky (1970), capacidade geral de combinação (CGC), refere-se ao comportamento de uma linhagem quando cruzada com outra, e é associada à ação aditiva dos genes. A capacidade específica, refere-se ao comportamento médio de uma série de híbridos, e é associada aos efeitos da dominância.

Várias metodologias de análises de cruzamentos dialélicos têm sido propostas, podendo-se citar as metodologias desenvolvidas por Jinks e Hayman (1953), Hayman (1954), Griffing (1956), Kempthorne e Curnow (1961) e Gardner e Eberhart (1956). Segundo Cruz (1983), a análise dialélica permite indicar os genitores para hibridação, ao mesmo tempo em que pode auxiliar na escolha de um método de seleção mais eficiente, por permitir a estimação de parâmetros genéticos.

Dentre as metodologias de análises dialélicas mais comumente utilizadas nos programas de melhoramento há a proposta por Griffing (1956), que estima os efeitos de capacidade geral e específica de combinação. Já a análise de Hayman

(1954), permite avaliar o potencial dos genótipos parentais como fonte de novas linhagens puras, e revela informações a respeito da herança. Esta análise tem tido utilização incipiente, provavelmente pelas restrições impostas ao modelo.

O método proposto por Griffing (1956) estima os efeitos de CGC e CEC. Este procedimento é fundamentado em modelos estatísticos, apresentando um conjunto máximo de p^2 genótipos, os quais 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 (Cruz e Regazzi, 2001).

A metodologia de Griffing (1956), é baseada 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 ainda ser analisados como modelo fixo ou aleatório, de acordo com a natureza amostral dos genitores.

O modelo é considerado aleatório quando os genitores utilizados representam a população, sendo possível estimar parâmetros populacionais como componentes de variância genética, herdabilidade e grau médio de dominância. O modelo fixo considera os efeitos genéticos fixos, situação em que os genitores possuem propriedades genéticas particulares, não sendo considerados como uma amostra da população.

O método proposto por Hayman (1954) é utilizado apenas em linhagens puras. Este método apresenta informações sobre o mecanismo de herança dos caracteres em estudo, os valores genéticos dos progenitores testados, estima o grau médio de dominância dos genes controladores do caráter, determina o número de genes envolvidos no controle do caráter, dentre outras (Cruz e Regazzi, 2001). O seu uso requer algumas restrições a serem consideradas: a) segregação diplóide; b) os genitores devem ser homocigotos; c) ausência de efeito

materno; d) ausência de alelismo múltiplo; e) distribuição independente dos genes entre os genitores; e f) ausência de epistasia.

2.5. Dialelo Circulante

De acordo com Russel e Eberhart (1973), o estudo da capacidade combinatória de um conjunto relativamente grande de genitores, por meio de cruzamentos dialélicos, é limitado, na prática, pelo grande número de polinizações manuais exigido, dificuldades das operações de campo no nível desejado de precisão e, também a escassez de recursos. Por outro lado, de acordo com Cruz e Regazzi (2001), quando se avaliam apenas um número reduzido de genitores e combinações híbridas, os estimadores das diferenças dos efeitos da capacidade geral de combinação ficam sujeitos a uma grande variação residual e, ainda, os poucos graus de liberdade associados aos efeitos da capacidade específica de combinação podem dificultar os testes estatísticos.

Nos esquemas de dialelo circulante o grau de precisão das estimativas é menor que o obtido com dialelos completos e, segundo Dhillon (1975) e Dhillon e Singh (1978), dependem do número de combinações híbridas. No entanto, Kempthorne e Curnow (1961), enumeraram várias vantagens associadas ao esquema de cruzamentos dialélico circulante, a saber: a) um grande número de genitores pode ser avaliado quanto à capacidade combinatória, sendo a perda de precisão compensada pelo maior ganho genético obtido por meio de uma seleção mais intensa, que pode ser aplicada aos genitores; b) a seleção pode ser feita entre os cruzamentos de uma amplitude maior de genitores; e c) a variância devida à capacidade geral de combinação da população em que os genitores são incluídos, pode ser estimada mais precisamente.

De acordo com Dhillon (1975) a idéia de amostragem de cruzamentos iniciou-se com Kudrjanzew, em 1934, que propôs um esquema de testes de cruzamentos parciais. Posteriormente, Yates (1934) propôs a análise de um grupo de cruzamentos incompletos. No entanto, Kempthorne e Curnow (1961) atestaram

que o primeiro trabalho sobre o esquema de cruzamento dialélico circulante foi apresentado em 1948, por Brown, que sugeriu uma amostragem de cruzamentos de uma forma circulante. A primeira metodologia de análise na condução de um esquema foi proposta por Gilbert (1958), que apresentou a análise de um dialelo com 15 a 20 genitores (p), com oito cruzamentos por genitor ($s=8$), que seria equivalente a um dialelo completo com dez genitores.

Posteriormente, Kempthorne e Curnow (1961), baseando-se no método de Brown (1948), desenvolveram um método completo com $ps/2$ cruzamentos. Neste método, denominado de dialelo circulante, p representa o número de genitores e s um número inteiro igual ou maior que 2, com a condição de p e s não poderem ser ímpares e pares simultaneamente.

Federer (1967) propôs uma metodologia de dialelo circulante que envolve todos os genitores, exceto quando p e s apresentam valores ímpares.

Vários trabalhos têm sido realizados por diversos autores para comparar a eficiência dos esquemas de dialelos circulantes em relação aos dialelos completos. Por meio de estudos teóricos, Kempthorne e Curnow (1961) compararam os delineamentos I e II de Comstock e Robison (1948) e o delineamento III de Robinson *et al.* (1949) com o esquema dialelo circulante, obtendo o último superioridade sobre os delineamentos I e II e inferioridade em relação ao delineamento III.

Veiga *et al.* (2000) compararam a eficiência dos dialelos circulantes com dialelos completos e concluíram que os dialelos circulantes possuem eficiência comparável à dos completos, tanto na classificação dos pais quanto na capacidade geral e a capacidade específica de combinação, assim como na magnitude das estimativas desses parâmetros.

Singh *et al.* (1984), citados por Gonçalves (1987), compararam a eficiência da metodologia de um dialelo completo de Griffing (1956) em relação às dos dialelos circulantes de Kempthorne e Curnow (1961), Fyee e Gilbert (1963) e Federer (1967). Obtiveram quadrados médios significativos para capacidade geral de combinação tanto para a metodologia de dialelo completo quanto para as de dialelos circulantes. Por outro lado, observaram-se certa discrepância em relação

à significância de quadrados médios para capacidade específica de combinação, quando comparados aos esquemas dialélicos.

Utilizando um esquema análogo ao proposto por Kempthorne e Curnow (1961), Gonçalves (1987) e Dantas (1988), em milho, concluíram ser esta metodologia eficiente do ponto de vista prático, por permitir a estimação da capacidade combinatória de genitores em cruzamento a partir de um número reduzido de combinações híbridas, ao mesmo tempo que possibilita detectar combinações específicas promissoras.

3. MATERIAL E MÉTODOS

3.1. Obtenção e Multiplicação de Populações Introduzidas

Inicialmente, foram obtidas doze populações de milho pipoca. As populações PR023, PA038, Produtor e SE013 foram cedidas pela Universidade Estadual de Maringá; as populações Viçosa, Beija-flor, Amarelo, Branco, Rosa Claro e Roxo, foram cedidas pela Universidade Federal de Viçosa, (UFV); o híbrido triplo IAC-112, foi cedido pelo Instituto Agrônomo de Campinas (IAC); e a variedade ANGELA, pela EMBRAPA/CNPMS.

As populações foram multiplicadas, por duas gerações, no Colégio Estadual Agrícola Antônio Sarlo, no Município de Campos dos Goytacazes, RJ., com plantios em 23/05/02 e 12/10/02. Para tanto, cada população foi cultivada em quatro fileiras de 5,00 m 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 kg.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 (Fancelli e Dourado Neto, 2000).

O procedimento de multiplicação das populações 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 misturados para então serem utilizados para polinizar as espigas de mesma fileira, pelo encobrimento da espiga receptiva com o saco de papel que continham os pendões.

A colheita das populações, 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, então, reunidas e identificadas pela designação da população original introduzida.

3.2. Pré-Seleção das Populações Introduzidas

As populações introduzidas, quando multiplicadas, foram também avaliadas quanto ao porte, utilizando-se o seguinte critério: considerou-se como 'baixo' a população com plantas com altura média de até 1,50 m; 'médio', a população cujas plantas detinham valores médios para altura variando de 1,51 a 2,30 m; e 'alto', as populações com magnitude média de altura superior a 2,31 m. As populações também foram averiguadas quanto à sanidade a helmintosporiose, sendo classificadas, subjetivamente, por tolerantes e intolerantes, se pouco ou nenhuma infecção da doença ocorria a campo, ou se havia plantas nitidamente exibindo infecção da doença, nas fileiras, respectivamente.

A cor dos grãos também foi avaliada, com as introduções sendo classificadas como de grão alaranjado, amarelo, amarelo-pálido, branco, rosa claro e roxo.

Assim, foram identificadas as seis populações introduzidas, de maior interesse para a inclusão em dialelo circulante, juntamente com quatro populações do germoplasma da UENF, as quais estão contidas na Tabela 1.

Tabela 1 – Populações de milho pipoca selecionadas para composição de dialelo circulante, incluindo introduções e materiais do próprio banco de germoplasma da UENF, com respectivas características e origens.

População	Cor do grão	Porte	Reação a	
			helmintosporiose	Origem
Beija-Flor	Amarela	médio	tolerante	UFV
Braskalb	Amarela	médio	tolerante	UENF
PA038-Maringá	Alaranjada	médio	tolerante	UEM
BRANCO-Viçosa	Branca	médio	tolerante	UFV
ANGELA	Branca	médio	tolerante	EMBRAPA
SE013-Maringá	amarelo-pálido	médio a alto	tolerante	UEM
VIÇOSA-Viçosa	Amarela	médio	tolerante	UFV
Viçosa-UENF	Amarela	médio	tolerante	UENF
UNB2U-C1	Amarela	médio	tolerante	UENF
UNB2U-C2	Amarela	médio a alto	tolerante	UENF

A população Roxo não foi incluída por apresentar grãos roxos, desinteressantes para o mercado consumidor, além de ser intolerante a helmintosporiose. Em razão da elevada segregação para cor do grão e também pelo porte tipicamente alto, que torna o genótipo susceptível ao acamamento, em razão dos fortes ventos que ocorrem em Campos dos Goytacazes e em Itaocara, Rosa Claro foi descartado para participação no dialelo. A população Produtor, proveniente da UEM, revelou-se intolerante a helmintosporiose; já PR 023 mostrou-se medianamente tolerante e com porte caracteristicamente alto. IAC-112, por sua vez, será utilizada como uma das testemunhas nos ensaios de

competição. As demais testemunhas foram: UNB2U-C0, VIÇOSA, PR023-Maringá, Produtor-Maringá e IAC-112.

3.3. Obtenção dos Híbridos Dialélicos

Para a obtenção das populações híbridas, em março de 2003, no Colégio Estadual Agrícola Antônio Sarlo, em Campos dos Goytacazes – RJ, as dez populações a serem cruzadas foram cultivadas em fileiras, aos pares, cada qual contendo 6,00 m de comprimento, espaçada em 1,00 m da outra fileira e com espaçamento entre plantas de 0,40 m.

Os cruzamentos foram realizados, manualmente, entre as plantas dos pares de fileiras. Para tanto, realizou-se a cobertura dos pendões maduros com saco de papel 'kraft', de determinada planta de uma fileira. Depois, o saco foi utilizado para encobrimento de espiga apta para polinização de planta da correspondente fileira-par. Foram realizadas polinizações de aproximadamente 100 espigas por par de fileiras, para a obtenção de suficiente quantidade de sementes para a continuidade do processo.

O algoritmo para estabelecimento dos cruzamentos do dialelo teve como base o proposto por Kempthorne e Curnow (1961), em que:

p = número de genitores a serem estudados;

s = número de combinações híbridas de cada genitor, $s < p-1$ e $s \geq 3$ para dialelos que incluem apenas F_{1s} e $s \geq 2$ quando também são incluídos os genitores;

$ps / 2$ = número total de cruzamentos;

$K = (p+1-s) / 2$: número inteiro;

$K+1$ = ponto de início dos cruzamentos.

Para tanto, utilizaram-se três cruzamentos de cada população com as demais, proporcionando valor de $s = 3$. A Tabela 2 contém as combinações híbridas e as populações genitoras.

Tabela 2 - Esquema de cruzamentos em dialelo circulante entre populações de milho pipoca.

Populações ^{1/}	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10
1	X				X	X	X			
2		X				X	X	X		
3			X				X	X	X	
4				X				X	X	X
5					X				X	X
6						X				X
7							X			
8								X		
9									X	
10										X

^{1/} 1 = UNB2U-C1, 2 = Braskalb; 3 = Viçosa-UENF; 4 = PA038-Maringá; 5 = BRANCO-Viçosa; 6 = ANGELA; 7 = Beija-flor; 8 = UNB2U-C2; 9= SE013-Maringá; e 10 = VIÇOSA-Viçosa.

3.4. Avaliação dos Híbridos, Genitores do Dialelo e Testemunhas

As populações de híbridos, genitores e testemunhas foram avaliadas, em novembro de 2003, juntamente com materiais comerciais com elevada capacidade de expansão e produção, em delineamento em blocos ao acaso, com quatro repetições, em dois ambientes contrastantes, no Estado do Rio de Janeiro: 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; e na Estação Experimental da PESAGRO-RIO de Itaocara, localizada 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).

Cada tratamento foi cultivado em fileiras com 10,00 m de comprimento, com espaçamento de 0,20 m entre plantas.

As seguintes características foram avaliadas:

- a) altura da planta, em cm (ALTP);
- b) altura de inserção da primeira espiga, em cm (ALTE);
- c) proporção de plantas acamadas (NPA);
- d) proporção de plantas quebradas (NPQ);
- e) estande final (NPLANT);
- f) número de espigas (NESP);
- g) produção de grãos (PG);
- h) peso de espiga com grãos (PESP);
- i) proporção de espigas doentes (PESPD);
- j) proporção de espigas atacadas por pragas (PESPP);
- k) empalhamento (EMP);
- l) número de dias para florescimento (FLOR);
- m) peso de 100 grãos, em g (P100G); e
- n) capacidade de expansão dos grãos (CE).

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).

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. O número de espigas foi quantificado pelo número de espigas colhidas em cada parcela. A produção de grãos foi determinada por meio da pesagem dos grãos após a eliminação do sabugo sendo expressa em $\text{kg}\cdot\text{ha}^{-1}$.

O peso de espiga foi obtido por pesagem das espigas despalhadas, após a colheita, em $\text{kg}/\text{parcela}$. A proporção de espigas doentes foi obtida pela relação entre o número de espigas doentes e o número total de espigas por parcela. A proporção de espigas atacadas por pragas foi expressa pela relação entre o número de espigas atacadas por pragas e o número total de espigas por parcela.

O empalhamento foi expresso pela relação entre o número de espigas mal empalhadas e o número total de espigas por parcelas. O número 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.

Quanto ao peso de 100 grãos, foram pesados, em balança com duas casas decimais, 100 grãos tomados aleatoriamente de plantas distintas de cada parcela (Lira, 1983).

A capacidade de expansão foi determinada em laboratório, de acordo com o método recomendado por Andrade (1996) e Pacheco *et al.* (1998), utilizando-se de pipoqueira elétrica adquirida da EMBRAPA/São Carlos/Instrumentação Agropecuária, empregando-se temperatura de 270°C com tempo de pipocamento de 2 minutos e 30 segundos. O instrumento desenvolvido pelos pesquisadores da Embrapa Instrumentação Agropecuária e adotado pelo Ministério da Agricultura, possibilita a avaliação quantitativa da expansão do milho por meio de controles automáticos de leitura da temperatura e de seu ajuste na câmara pipocadora, associados a um controlador da velocidade de mistura dos grãos do milho pipoca.

As espigas foram colhidas manualmente com umidade próxima de 17 %, depois foram levadas ao secador, sendo que as espigas colhidas no ambiente de Campos dos Goytacazes não foram submetidas à secagem. 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.

3.5. Análise Estatística

3.5.1. Análise de variância

A partir das quatorze características mensuradas dos 10 genitores, 15 F_1 's e 5 testemunhas, foi realizada a análise de variância, utilizando-se os recursos computacionais do Programa GENES (Cruz, 2001), 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.

Em seguida procedeu-se a análise conjunta para as características avaliadas, considerando-se como fixo os genótipos e os ambientes, onde utilizaram-se os recursos computacionais do Programa GENES (Cruz, 2001), empregando-se o modelo genético-estatístico $Y_{ijk} = \mu + (b/a)_{jk} + g_i + a_j + ga_{ij} + \xi_{ij}$, 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;
 ga_{ij} = efeito da interação entre o genótipo i e o ambiente j; e
 ξ_{ijk} = erro experimental associado à observação ijk.

3.5.2. Análise Dialélica de Kempthorne e Curnow (1961)

Para a análise genético-estatística dos resultados, utilizaram-se os recursos computacionais do Programa GENES (Cruz, 2001), empregando-se o modelo genético-estatístico $Y_{ij} = \mu + g_i + g_j + s_{ij} + \xi_{ij}$, em que:

Y_{ij} = média da observação associada à combinação híbrida ij ($i \neq j$) ou ao i-ésimo genitor ($i = j$);

μ = média geral;

g_i e g_j = efeitos da capacidade geral de combinação;

s_{ij} = efeito da capacidade específica de combinação; e

ξ_{ij} = erro experimental médio.

3.6. Esperanças dos Quadrados médios

No Quadro 1, é apresentado o esquema da análise de variância individual, com as respectivas esperanças dos quadrados médios, considerando-se como fixo as fontes de variação genótipo e ambiente.

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

FV	GL	QM	E (QM) ^{1/}
Blocos	b - 1	QM ₃	$\sigma^2 + b \sigma^2_b$
Tratamentos (T)	T - 1	QM ₂	$\sigma^2 + b \phi_T$
Genótipos (pais + $F_{1's}$)	g - 1	QM _{2.1}	$\sigma^2 + b \phi_g$
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 vs $F_{1's}$	1	QM _{2.1.3}	$\sigma^2 + b \phi_{PF_1}$
Testemunhas (Te)	Te - 1	QM _{2.2}	$\sigma^2 + b \phi_{Te}$
G vs Test.	1	QM _{2.3}	$\sigma^2 + b \phi_{gTe}$
Erro	(b - 1) (T - 1)	QM ₁	σ^2

Em que:

b = número de blocos;

g = número de genótipos (pais + $F_{1's}$);

p = número de pais;

F_1 = número de $F_{1's}$;

T = número de tratamentos (pais + $F_{1's}$ + testemunhas); e

Te = número de testemunhas.

No Quadro 2, é apresentado o esquema de análise de variância conjunta, com as respectivas esperanças dos quadrados médios, considerando-se como fixas as fontes de variação: ambiente, genótipo e a interação genótipo x ambiente.

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

FV	GL	QM	E (QM) ^{1/}
Amb (a)	a - 1	QM ₅	$\sigma^2 + bg \phi_a$
Bloco/Ambiente	a (b-1)	QM ₄	$\sigma^2 + g \sigma^2_{b/a}$
Tratamentos (T)	T - 1	QM ₃	$\sigma^2 + ba \phi_T$
Genótipos (pais + $F_{1's}$)	g - 1	QM _{3.1}	$\sigma^2 + ba \phi_g$
Testemunhas (Te)	Te - 1	QM _{3.2}	$\sigma^2 + ba \phi_{Te}$
Grupos	1	QM _{3.3}	$\sigma^2 + ba \phi_{\text{Grupos}}$
Tratamentos(T)XAmb(a)	(a - 1) (T - 1)	QM ₂	$\sigma^2 + b \phi_{Ta}$
Amb(a) x Genótipos(g)	(a-1) (g-1)	QM _{2.1}	$\sigma^2 + b \phi_{ag}$
Amb(a) x Test (Te)	(a-1) (Te-1)	QM _{2.2}	$\sigma^2 + b \phi_{a Te}$
Amb (a) x Grupo	1	QM _{2.3}	$\sigma^2 + b \phi_{a \text{ Grupos}}$
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 = número de genótipos (pais + $F_{1's}$); e

Te = número de testemunhas.

No Quadro 3 há o desdobramento da fonte de variação genótipos em capacidade geral e específica de combinação.

Quadro 3 - Análise de variância individual e esperança de quadrados médios, utilizando F_{1s} e genitores.

FV	GL	QM	E (QM) ^{1/}
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;

s_i = capacidade específica de combinação; e

g_i = capacidade geral de combinação.

No Quadro 4 há o desdobramento da fonte de variação em capacidade geral e específica de combinação, para dois ambientes.

Quadro 4 – Análise de variância conjunta e esperança dos quadrados médios, utilizando F_{1s} e genitores.

FV	GL	QM	E (QM) ^{1/}
Bloco / Ambientes	a (b-1)	QM ₅	$\sigma^2 + g \sigma^2_{b/a}$
Genótipos	g -1	QM ₄	$\sigma^2 + ba \phi_g$
CGC	p-1	QM _{4.1}	$\sigma^2 + ba s(p+2) / (p-1) \phi_{gi}$
CEC	ps / 2	QM _{4.2}	$\sigma^2 + ba \phi_{si}$
Ambientes (a)	a -1	QM ₃	$\sigma^2 + g \sigma^2_{b/a} + gb \phi_a$
Genótipos x Amb	(a - 1) (g-1)	QM ₂	$\sigma^2 + b \phi_{g a}$
CGC x Amb	(p-1) (a-1)	QM _{2.1}	$\sigma^2 + b s (p+2) / (p-1) \phi_{gi a}$
CEC X Amb	(ps / 2) (a-1)	QM _{2.2}	$\sigma^2 + b \phi_{si a}$
Resíduo	a (b -1) (g-1)	QM ₁	σ^2

Em que:

a = número de ambientes;

b = número de blocos;

s = número de cruzamentos;

p = número de progenitores;

s_i = capacidade específica de combinação; e

g_i = capacidade geral de combinação.

3.7. Estimativa dos Parâmetros Genéticos Para Cada Ambiente

De posse das esperanças de quadrados médios, apresentadas no Quadro 5, foram obtidas as estimativas dos componentes de variância, para cada ambiente, a saber:

Quadro 5 – Análise de variância individual e esperança de quadrados médios, utilizando $F_{1's}$ e genitores.

FV	GL	QM	E (QM) ^{1/}
Blocos	b – 1	QM ₃	$\sigma^2 + b \sigma^2_b$
Genótipos (g)	g – 1	QM ₂	$\sigma^2 + b \phi_g$
Erro	(b – 1) (g – 1)	QM ₁	σ^2

Em que:

b = número de blocos; e

g = número de genótipos (pais + $F_{1's}$).

3.7.1. Variabilidade Genotípica entre Genótipos

$$\phi_G = \frac{QM_2 - QM_1}{b},$$

Em que:

QM₂ = quadrado médio de genótipos (pais + $F_{1's}$);

QM₁ = quadrado médio do resíduo; e

b = número de blocos.

3.7.2. Variância fenotípica entre Genótipos

$$\sigma^2_f = \frac{QM_2}{b},$$

Em que:

QM₂ = quadrado médio de genótipos (pais + $F_{1's}$); e

b = número de blocos.

3.7.3. Variabilidade de Ambiente

$$\phi_a = \frac{QM_1}{b},$$

Em que:

QM₁ = quadrado médio do resíduo; e

b = número de blocos.

3.7.4. Coeficiente de Determinação Genotípica

$$H_x^2 = \frac{\phi_G}{\sigma_p^2} * 100$$

3.8. Estimativa de Parâmetros Genéticos em Dois Ambientes

Analisando as esperanças de quadrados médios, apresentados no Quadro 6, foram obtidas as estimativas dos componentes de variância, para dois ambientes, a saber:

Quadro 6 – Análise de variância conjunta e esperança de quadrados médios, utilizando F₁'s e genitores.

FV	GL	QM	E (QM) ^{1/}
Bloco/Ambiente	a (b-1)	QM ₄	$\sigma^2 + T \phi_{b/a}$
Genótipos (g)	g - 1	QM ₃	$\sigma^2 + ba \phi_g$
Amb (a)	a - 1	QM ₂	$\sigma^2 + bg \phi_a$
Genótipos (g) X Amb(a)	(a - 1) (g - 1)	QM _{2.1}	$\sigma^2 + b \phi_{ga}$
Erro	a (b - 1) (T - 1)	QM ₁	σ^2

Em que:

a = número de ambientes;

b = número de blocos; e

g = número de genótipos (pais + F₁'s).

3.8.1. Variabilidade Genotípica entre Genótipos

$$\phi_G = \frac{QM_3 - QM_1}{ab},$$

Em que:

QM₃ = quadrado médio dos genótipos (pais + F₁'s);

QM₁ = quadrado médio do resíduo;

b = número de blocos; e

a = número de ambientes.

3.8.2. Variabilidade Atribuída à Interação Genótipos por Ambientes

$$\phi_{GA} = \frac{QM_{2.1} - QM_1}{b},$$

Em que:

QM_{2.1} = quadrado médio da interação genótipos (pais + F₁'s) x ambiente;

QM₁ = quadrado médio do resíduo; e

b = número de blocos.

3.8.3. Variância Fenotípica

$$\sigma^2_f = \frac{QM_1}{ab},$$

Em que:

QM₁ = quadrado médio do resíduo;

b = número de blocos; e

a = número de ambientes.

3.8.4. Coeficiente de determinação Genotípica

$$H^2_x = \frac{\phi_G}{QM_3 / ab} * 100$$

Em que:

QM₃ = quadrado médio dos genótipos (pais + F₁'s);

φ_G = variância genotípica (pais + F₁'s);

b = número de blocos; e

a = número de ambientes.

3.9. Estimativa das Médias dos Quadrados dos Efeitos do Dialelo Circulante Para Cada Ambiente

Com base nas esperanças de quadrados médios, apresentadas no Quadro 3, foram obtidas as estimativas dos componentes de variância do dialelo circulante, respectivamente φ_{gi} e φ_{si}, que são os efeitos da capacidade geral de combinação e da capacidade específica de combinação cujas expressões são a seguir apresentadas:

$$\phi_{gi} = \frac{QM_{2.1} - QM_1}{bs(p+2)/(p-1)},$$

Em que:

$QM_{2.1}$ = quadrado médio da capacidade geral de combinação;

QM_1 = quadrado médio do resíduo;

b = número de blocos;

s = número de cruzamentos; e

p = número de genitores.

$$\phi_{si} = \frac{QM_{2.2} - QM_1}{b},$$

Em que:

$QM_{2.2}$ = quadrado médio da capacidade específica de combinação;

QM_1 = quadrado médio do resíduo; e

b = número de blocos.

3.10. Estimativa das Médias dos Quadrados dos efeitos do Dialelo Circulante Para Dois Ambientes

Com base nas esperanças de quadrados médios, apresentadas no Quadro 4, foram obtidas as estimativas dos componentes de variância do dialelo, respectivamente ϕ_{gi} , ϕ_{si} , $\phi_{gi a}$ e $\phi_{si a}$ que são os efeitos da capacidade geral de combinação, capacidade específica de combinação, e capacidade geral e específica de combinação interagindo com o ambiente, cujas expressões são a seguir apresentadas:

$$\phi_{gi} = \frac{QM_{4.1} - QM_1}{b a s(p+2)/(p-1)},$$

Em que:

$QM_{4.1}$ = quadrado médio da capacidade geral de combinação;

QM_1 = quadrado médio do resíduo;

b = número de blocos;

a = número de ambientes;

s = número de cruzamentos; e

p = número de genitores.

$$\phi_{si} = \frac{QM_{4.2} - QM_1}{ab},$$

Em que:

$QM_{4.2}$ = quadrado médio da capacidade específica de combinação;

QM_1 = quadrado médio do resíduo;

b = número de blocos; e

a = número de ambientes.

$$\phi_{gi a} = \frac{QM_{2.1} - QM_1}{b s(p+2)/(p-1)},$$

Em que:

$QM_{2.1}$ = quadrado médio da interação capacidade geral de combinação com ambiente;

QM_1 = quadrado médio do resíduo;

b = número de blocos;

s = número de cruzamentos; e

p = número de genitores.

$$\phi_{si} = \frac{QM_{2.2} - QM_1}{b},$$

Em que:

$QM_{2.2}$ = quadrado médio da interação capacidade específica de combinação com ambiente;

QM_1 = quadrado médio do resíduo; e

b = número de blocos.

3.11. Predição de Compostos

Para a predição dos compostos, utilizaram-se os recursos computacionais do Programa GENES (Cruz, 2001), este procedimento estima os valores preditos para cada composto, utilizando-se as expressões abaixo.

3.11.1. Composto Biparental

3.11.1.1. Número de Compostos

$n = C_p^2$, sendo p o número de genitores envolvidos no dialelo.

3.11.1.2. Valor Predito

$$VP = m + p_g (\hat{G}_i + \hat{G}_j) + p_s/4(\hat{S}_{ii} + \hat{S}_{jj} + 2 \hat{S}_{ij})$$

Em que:

m = media geral do dialelo;

\hat{G}_i e \hat{G}_j = efeitos da capacidade geral de combinação dos progenitores i e j , respectivamente;

\hat{S}_{ij} = efeito da capacidade específica de combinação, associado ao progenitor i , quando $i = j$, e ao híbrido ij , quando $i \neq j$; e

p_g e p_s = pesos, na expressão de predição, dos efeitos da capacidade geral e específica de combinação, respectivamente.

3.11.2. Composto de Três Pais Tipo A x B x C

3.11.2.1. Número de Compostos

$n = C_p^3$, sendo p o número de genitores envolvidos no dialelo.

3.11.2.2. Valor Predito

Para p_g e $p_s = 1$, e, adotando-se i, j, k para os pais A, B e C, tem-se:

$$VP = Y_{ii} + Y_{jj} + Y_{kk} + 2 (Y_{ik} + Y_{ij} + Y_{jk}) / 9$$

3.11.3. Composto de Quatro Pais do Tipo A x B x C x D

3.11.3.1. Número de Compostos

$n = C_p^4$, sendo p o número de genitores envolvidos no dialelo.

3.11.3.2. Valor Predito

Para p_g e $p_s = 1$, e, adotando-se i, j, k e m para os pais A, B, C e D tem-se:

$$VP = Y_{ii} + Y_{jj} + Y_{kk} + Y_{mm} + 2 (Y_{ij} + Y_{ik} + Y_{im} + Y_{jk} + Y_{jm} + Y_{km}) / 16$$

4. RESULTADOS E DISCUSSÃO

4.1. Ambiente de Campos dos Goytacazes

4.1.1. Análise de Variância Univariada

No Quadro 7 são apresentadas as médias dos genótipos (pais + $F_{1's}$), as médias 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 vs $F_{1's}$, 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 as 14 características avaliadas.

Constataram-se diferenças significativas pelo teste F em 1 e 5 % de probabilidade, entre os tratamentos, para quase todas as características avaliadas, indicando a existência de variabilidade genética entre os materiais utilizados, o que é uma situação favorável para se praticar o melhoramento genético. As características que revelaram ausência de significância foram: NESPP, ALTP, FLOR, NPA, NPLANT e EMP. Por um raciocínio imediato, deduz-se que a população possui reduzida diversidade para essas características.

Quadro 7 - Valores e significâncias dos quadrados médios (QM) e coeficientes percentuais da variação experimental, com base na média dos tratamentos para as 14 características avaliadas em combinações híbridas e respectivos genitores. Campos dos Goytacazes, RJ.

FV	GL	Quadrado Médios ^{1/}				
		NESP	NESPD	NESPP	PESP	PG
Blocos	3	592,8972	74,9666	6,2000	835836,9444	361663,8888
Tratamentos	29	331,2186 **	41,4022 *	15,9206 n.s	455051,5517 **	220207,2126 **
Genótipos	24	362,5733 **	40,1058 n.s	12,7183 n.s	526387,5000 **	260767,7083 **
Pais	9	435,4138 **	34,6250 n.s	7,9027 n.s	602141,7361 **	350473,8888 **
F ₁ 's	14	134,5309 **	32,1595 n.s	12,9928 n.s	273411,7857 **	134618,2738 **
Pais vs F ₁ 's	1	2899,6016 *	200,6816 **	52,2150 n.s	3386259,3750 **	1219504,1666 **
Testemunhas	4	223,4250 *	59,4250 n.s	38,5750 n.s	140198,7500 n.s	29691,8750 n.s
G vs Test.	1	9,8816 n.s	0,1566 n.s	2,1600 n.s	2400,0000 n.s	8816,6666 n.s
Resíduo	87	80,8454	25,0068	15,9873	81296,8582	46178,6877
Média Geral		51,69	16,58	10,70	1219,25	743,16
Médias dos Genótipos		51,82	16,41	10,76	1221,25	747,00
Média das Testemunhas		51,05	16,45	10,40	1209,25	724,00
Cve (%)		17,39	30,15	37,36	23,38	28,91

Continua...

^{1/} NESP = número de espigas; NESPD = número de espigas doentes; NESPP = número de espigas com praga; PESP = peso de espigas com grãos; e PG = produção de grãos.

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

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

* = Significativo em nível de 0,05.

Quadro 7 – Continuação.

FV	GL	Quadrado Médios ^{1/}				
		P100G	ALTP	ALTE	FLOR	CE
Blocos	3	6,9565	1718,5036	851,1784	15,8305	2,0080
Tratamentos	29	8,6816 *	364,2064 ^{n.s.}	332,3289 **	49,6841 ^{n.s.}	78,5303 **
Genótipos	24	8,5919 *	221,2511 ^{n.s.}	199,1428 ^{n.s.}	29,4900 ^{n.s.}	70,3612 **
Pais	9	12,5057 **	144,1928 *	94,8313 ^{n.s.}	37,6555 **	89,7311 **
F ₁ 's	14	5,1455 ^{n.s.}	98,4313 ^{n.s.}	188,3807 **	23,8095 **	61,5335 **
Pais vs F ₁ 's	1	21,6182 *	2634,2530 **	1288,6141 **	35,5266 *	19,6204 ^{n.s.}
Testemunhas	4	6,9334 ^{n.s.}	1209,6132 **	1200,9680 **	155,7500 **	146,1170 **
G vs Test.	1	17,8261 ^{n.s.}	413,5060 ^{n.s.}	54,2402 ^{n.s.}	110,0816 ^{n.s.}	4,2504 ^{n.s.}
Resíduo	87	4,5761	309,4780	164,9388	36,3707	10,3416
Média Geral		10,89	161,64	104,62	56,39	18,53
Médias dos Genótipos		11,07	162,47	104,92	56,82	18,61
Média das Testemunhas		10,03	157,49	103,12	54,25	18,11
Cve (%)		19,63	10,88	12,27	10,69	17,35

Continua...

^{1/} P100G = peso de 100 grãos; ALTP = altura de planta; ALTE = altura de inserção da primeira espiga; FLOR = número 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.

Quadro 7 – Continuação.

FV	GL	Quadrado Médios ^{1/}			
		NPA	NPQ	NPLANT	EMP
Blocos	3	0,3861	15,5861	32,2527	11,3638
Tratamentos	29	17,8232 ^{n.s}	98,0887 ^{**}	35,1979 ^{n.s}	2,1784 ^{n.s}
Genótipos	24	14,9433 ^{n.s}	105,2500 ^{**}	28,9066 ^{n.s}	2,3225 ^{n.s}
Pais	9	13,8916 ^{n.s}	183,2361 ^{**}	48,2472 ^{**}	1,6555 ^{n.s}
F ₁ 's	14	15,5666 ^{n.s}	58,9880 ^{n.s}	14,6380 ^{n.s}	2,7071 ^{n.s}
Pais vs F ₁ 's	1	15,6816 ^{n.s}	51,0416 ^{n.s}	54,6016 ^{n.s}	2,9400 ^{n.s}
Testemunhas	4	24,6750 ^{n.s}	30,0500 ^{n.s}	55,0750 ^{n.s}	1,6749 ^{n.s}
G vs Test.	1	59,5349 ^{n.s}	198,3750 [*]	106,6816 ^{n.s}	0,7350 ^{n.s}
Resíduo	87	15,9665	34,4941	43,5228	2,9500
Média Geral		2,87	12,92	48,50	2,72
Médias dos Genótipos		2,56	13,50	48,93	2,76
Média das Testemunhas		4,45	10,05	46,40	2,55
Cve (%)		138,98	45,44	13,60	63,03

^{1/} NPA = proporção de plantas acamadas; NPQ = proporção de plantas quebradas; NPLANT = estande final; e EMP = empalhamento.

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

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

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

Isso é confirmado quando se analisa o Quadro 7 e verifica-se que as médias dessas características possuem pouca variação quando comparam-se os genótipos com as testemunhas.

Por uma percepção mais criteriosa, cumpre destacar que a ausência de significância para NESPP, ALTP, FLOR, NPA, NPLANT e EMP revela um resultado valioso, pois permite constatar que as populações não apresentaram variações indesejáveis quanto à altura de plantas, ao período de floração, que houve estande tendendo à uniformidade e tampouco houve problemas quanto a diferenças no empalhamento das espigas dos genótipos, bem como reduzida variabilidade para espigas atacadas por pragas.

De acordo com o Quadro 7, os quadrados médios evidenciaram diferenças significativas, pelo teste F em 1 % de probabilidade, entre os genótipos (pais + $F_{1's}$), para as principais características, como produção de grãos, capacidade de expansão, número de espigas, peso de espigas com grãos, sendo que a característica peso de 100 grãos apresentou significância pelo teste F em 5 % de probabilidade, fato que pressupõe a existência de diferenças genéticas entre os genótipos utilizados nos cruzamentos dialélicos o que é um alento quanto à possibilidade de ganhos genéticos em futuros trabalhos de melhoramento genético com as populações.

Ao analisar o desdobramento da fonte de variação genótipos (pais e $F_{1's}$) em Pais, $F_{1's}$ e no contraste Pais vs $F_{1's}$, de acordo com o Quadro 7, nota-se que para a fonte de variação Pais houve significância para as características mais importantes, como NESP, PESP, PG, P100G, ALTP, FLOR, CE, NPQ e NPLANT indicando a existência de variabilidade genética entre os Pais utilizados no dialelo, o que é uma situação favorável para se praticar o melhoramento genético. Analisando-se a fonte de variação $F_{1's}$ resultante do desdobramento de genótipos, nota-se que a maioria das características (NESP, NESPP, P100G, ALTP, NPA, NPQ, NPLANT e EMP) foram não significativas demonstrando que para essas características os híbridos oriundos do dialelo foram bem uniformes; já para as características NESP, PESP, PG, ALTE, FLOR e CE que apresentaram significância pode-se concluir que os híbridos possuem variabilidade.

Considerando-se que houve significância para as principais características relacionadas com a cultura (PG e CE) tanto para o conjunto de genitores quanto para os $F_{1's}$, conclui-se que há variação entre os genitores para a formação de compostos e, não obstante, a ocorrência de diversidade entre os híbridos denota a possibilidade de detecção de pares superiores para a indicação em plantios experimentais pelos agricultores.

Em relação ao contraste Pais vs $F_{1's}$ a característica produção de grãos revelou significância, o que indica que houve distinção entre a produtividade dos híbridos e seus genitores; já em relação à capacidade de expansão, não houve significância; portanto, os híbridos não diferiram estatisticamente dos genitores para CE. É possível que tal resultado possa ser explicado por CE ser uma característica menos influenciada pelo ambiente do que a produção.

Com relação às testemunhas, apenas as características NESP, ALTP, ALTE, FLOR e CE revelaram significância. Tratam-se, pois, de materiais com maior uniformidade.

Quando se averigua o quadrado médio do contraste genótipos vs testemunhas, nota-se que houve significância em nível de 5 % de probabilidade, apenas para NPQ, demonstrando o potencial dos genótipos utilizados. Analisando as médias dos genótipos e das testemunhas presentes no Quadro 7, pode-se notar que estas possuem poucas diferenças, o que é ratificado pela análise das principais características. Por exemplo, para peso de espiga pode-se notar que a média dos genótipos foi um pouco superior a das testemunhas, vez que houve valor de 1221 kg.ha^{-1} para os genótipos e 1209 kg.ha^{-1} para as testemunhas. Outrossim, para capacidade de expansão, também verifica-se um valor superior para os genótipos em relação às testemunhas, expresso por $18,61 \text{ mL.g}^{-1}$ para os genótipos e $18,11 \text{ mL.g}^{-1}$ para as testemunhas.

Segundo Gomes (1990), os coeficientes de variação encontrados em 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 %. Garcia (1989), citado por Scapim *et al.* (1995), enfatiza que tal classificação é muito abrangente, não levando em

consideração as particularidades da cultura estudada e, principalmente, não faz distinção entre a natureza da característica avaliada.

Para o presente trabalho, houve valores desses coeficientes oscilando de 10,69 % para FLOR, a 138,98 % para NPA, embora a maioria (dez) das características revelaram valores variando entre 10,69 % e 30,15 %. Neste rol estão as principais características para o melhoramento da cultura, exemplificando-se peso de grãos, com 28,91 %; peso de cem grãos, com 19,63 %; e capacidade de expansão com 17,35 %. Os maiores valores do coeficiente de variação foram expressos para as características número de plantas quebradas, empalhamento e número de plantas acamadas, com magnitudes percentuais respectivas de 45,44 %, 63,03 % e 138,98 %. Isso denota a maior sensibilidade dessas características em relação à influência ambiental.

Arnhold (2004), em estudo de seleção recorrente com milho pipoca também obteve valores elevados de Cve (%) para as características número de espigas mal empalhadas e proporção de plantas acamadas. Isso, de certa forma, corrobora a suscetibilidade das mencionadas características quanto à influência do ambiente.

4.1.2. Teste entre Médias

Os valores referentes às médias das quatorze características avaliadas no ambiente de Campos dos Goytacazes, bem como o teste Tukey em 5 % de probabilidade, estão presentes no Quadro 8.

A característica número de espigas (NESP) proporcionou a formação de quatro grupos, sendo que os híbridos VIÇOSA-UENF X BEIJA-FLOR, PA038-Maringá X UNB2U-C2, BRASKALB X UNB2U-C2, PA038-Maringá X VIÇOSA-Viçosa, BRANCO-Viçosa X VIÇOSA-Viçosa e os genitores UNB2U-C1 e VIÇOSA-Viçosa apresentaram um número maior que sessenta espigas; já o genitor Braskalb revelou menor magnitude para NESP, com apenas 28 espigas, o que pode ser explicado pelo elevado número de plantas quebradas que ocorreu com esta variedade, no ensaio de Campos dos Goytacazes.

Quadro 8 – Valores médios de quatorze características avaliadas em 10 genitores, 15 híbridos e 5 testemunhas, seguidas pelo teste de comparação entre médias. Campos dos Goytacazes, RJ.

Genótipos	NESP	NESPD	NESPP	PESP	PG	P100G	ALTP
UNB2U-C1	61,00 ab	19,25 a	10,75 ab	1546,25 abcd	997,50 abc	13,37 ab	165,62 a
BEIJA-FLOR	44,25 abcd	16,50 a	11,00 ab	953,75 bcdefg	561,25 bcde	12,38 ab	161,87 a
SE013-Maringá	39,75 abcd	17,25 a	9,50 ab	600,00 fg	233,75 de	10,28 ab	155,75 a
BRASKALB	28,25 d	14,50 a	7,25 ab	372,50 g	221,25 e	9,52 ab	147,92 a
VIÇOSA-UENF	45,25 abcd	12,75 a	11,50 ab	1146,25 abcdefg	763,75 abcde	10,65 ab	159,05 a
UNB2U-C2	41,50 abcd	9,50 a	10,00 ab	1445,00 abcde	953,75 abc	12,44 ab	157,67 a
PA038-Maringá	49,00 abcd	15,50 a	8,50 ab	786,25 defg	472,50 bcde	9,23 ab	150,50 a
BRANCO-Viçosa	34,25 cd	12,50 a	8,50 ab	687,50 efg	407,50 cde	8,60 ab	148,87 a
ANGELA	47,75 abcd	13,25 a	10,50 ab	1053,75 abcdefg	528,75 bcde	7,99 b	153,05 a
VIÇOSA-Viçosa	61,25 ab	17,75 a	11,25 ab	1367,5 abcdef	977,50 abc	10,50 ab	161,52 a
VIÇOSA-UENF X UNB2U-C2	54,75 abc	16,50 a	11,75 ab	1600,00 abc	1015,00 ab	13,94 a	163,97 a
VIÇOSA-UENF X BEIJA-FLOR	60,75 ab	19,00 a	10,00 ab	1092,50 abcdefg	651,25 abcde	12,35 ab	168,10 a
PA038-Maringá X UNB2U-C2	64,50 a	23,25 a	11,00 ab	1645,00 ab	1042,50 ab	12,62 ab	169,62 a
PA038-Maringá X SE013-Maringá	55,25 abc	15,75 a	8,50 ab	1105,00 abcdefg	666,25 abcde	9,57 ab	173,55 a
UNB2U-C1 X BRANCO-Viçosa	55,75 abc	18,75 a	12,50 ab	1510,00 abcd	822,50 abcd	11,70 ab	165,30 a
BRASKALB X ANGELA	45,50 abcd	11,75 a	10,50 ab	1175,00 abcdef	747,50 abcde	10,56 ab	167,00 a
BRASKALB X UNB2U-C2	63,50 ab	18,25 a	16,50 a	1495,00 abcd	905,00 abc	10,70 ab	157,25 a
UNB2U-C1 X BEIJA-FLOR	56,00 abc	16,75 a	10,00 ab	1617,50 abc	1026,25 ab	12,22 ab	166,67 a
PA038-Maringá X VIÇOSA-Viçosa	61,50 ab	18,75 a	11,50 ab	1538,75 abcd	988,75 abc	10,58 ab	171,37 a
ANGELA X VIÇOSA-Viçosa	57,50 abc	17,00 a	11,25 ab	1386,25 abcdef	727,50 abcde	10,55 ab	168,25 a
UNB2U-C1 X ANGELA	57,00 abc	21,50 a	11,75 ab	1781,25 a	1167,50 a	11,67 ab	172,45 a
VIÇOSA-UENF X SE013-Maringá	47,00 abcd	14,25 a	12,00 ab	1197,50 abcdef	637,50 abcde	11,21 ab	169,25 a
BRANCO-Viçosa X SE013-Maringá	57,00 abc	20,25 a	12,50 ab	1400,00 abcde	858,75 abc	10,53 ab	165,87 a
BRANCO-Viçosa X VIÇOSA-Viçosa	60,00 ab	16,25 a	9,75 ab	1195,00 abcdef	775,00 abcde	12,58 ab	165,62 a
BRASKALB X BEIJA-FLOR	47,25 abcd	18,50 a	10,75 ab	833,75 cdefg	526,25 bcde	10,92 ab	155,62 a
UNB2U-C0	50,50 abcd	18,75 a	11,25 ab	1156,25 abcdefg	698,75 abcde	10,70 ab	159,25 a
VIÇOSA	38,75 bcd	13,25 a	5,00 b	975,00 bcdefg	585,00 abcde	9,38 ab	129,05 a
PR023-Maringá	56,75 abc	16,00 a	13,00 ab	1432,50 abcde	783,75 abcde	9,24 ab	172,25 a
PRODUTOR-Maringá	57,25 abc	21,75 a	11,50 ab	1365,00 abcdef	757,50 abcde	12,02 ab	170,82 a
IAC-112	52,00 abcd	12,50 a	11,25 ab	1117,50 abcdefg	795,00 abcde	8,81 ab	156,07 a

Continua...

^{1/} NESP = número de espigas; NESPD = número de espigas doentes; NESPP = número de espigas com praga; PESP = peso de espiga com grãos; PG = produção de grãos; P100G = Peso de 100 grãos; e ALTP = altura de planta.

As médias seguidas pela mesma letra não diferem entre si pelo teste Tukey no nível de 5 % de probabilidade.

Quadro 8 – Continuação.

Genótipos	ALTE	FLOR	CE	NPA	NPQ	NPLANT	EMP
UNB2U-C1	102,25 abc	52,50 ab	23,15 abcd	4,25 a	17,50 ab	51,75 a	2,25 a
BEIJA-FLOR	104,62 abc	55,50 ab	18,90 bcdefgh	2,50 a	16,25 ab	53,50 a	1,50 a
SE013-Maringá	104,12 abc	61,00 a	17,17 bcdefgh	0,50 a	6,50 b	46,75 a	2,50 a
BRASKALB	96,025 abc	60,50 ab	16,90 bcdefgh	0,00 a	28,50 a	43,50 a	2,50 a
VIÇOSA-UENF	102,45 abc	56,00 ab	14,32 defgh	3,50 a	15,25 ab	51,00 a	3,25 a
UNB2U-C2	98,00 abc	55,50 ab	21,92 abcde	4,50 a	8,50 b	48,25 a	1,75 a
PA038-Maringá	106,70 abc	60,50 ab	12,47 fgh	4,00 a	11,50 b	50,25 a	3,00 a
BRANCO-Viçosa	91,10 abc	54,50 ab	17,35 bcdefgh	0,00 a	0,50 ab	43,75 a	3,00 a
ANGELA	96,62 abc	59,50 ab	28,97 a	0,50 a	7,25 b	46,00 a	2,25 a
VIÇOSA-Viçosa	103,37 abc	60,00 ab	20,40 abcdefgh	1,00 a	12,00 b	45,50 a	3,50 a
VIÇOSA-UENF X UNB2U-C2	106,42 abc	55,00 ab	16,97 bcdefgh	4,75 a	10,25 b	49,25 a	3,00 a
VIÇOSA-UENF X BEIJA-FLOR	105,50 abc	57,00 ab	12,00 gh	4,75 a	17,75 ab	48,75 a	2,50 a
PA038-Maringá X UNB2U-C2	113,50 abc	54,50 ab	18,00 bcdefgh	2,25 a	9,50 b	48,25 a	3,00 a
PA038-Maringá X SE013-Maringá	122,50 ab	61,50 a	16,40 bcdefgh	3,00 a	7,25 b	50,25 a	3,00 a
UNB2U-C1 X BRANCO-Viçosa	99,125 abc	53,50 ab	21,85 abcde	2,50 a	8,00 b	48,50 a	2,50 a
BRASKALB X ANGELA	108,35 abc	56,00 ab	24,17 ab	7,50 a	16,75 ab	49,00 a	2,50 a
BRASKALB X UNB2U-C2	97,12 abc	52,50 ab	20,75 abcdefg	1,25 a	17,75 ab	51,50 a	1,75 a
UNB2U-C1 X BEIJA-FLOR	100,00 abc	53,50 ab	21,35 abcdef	2,50 a	13,25 ab	49,50 a	3,75 a
PA038-Maringá X VIÇOSA-Viçosa	114,12 abc	58,50 ab	16,50 bcdefgh	0,50 a	15,75 ab	52,75 a	3,75 a
ANGELA X VIÇOSA-Viçosa	114,00 abc	56,00 ab	21,67 abcde	0,75 a	10,25 b	50,75 a	2,25 a
UNB2U-C1 X ANGELA	111,80 abc	57,50 ab	23,40 abc	3,75 a	9,00 b	48,75 a	2,00 a
VIÇOSA-UENF X SE013-Maringá	110,80 abc	59,00 ab	13,75 efgh	5,25 a	10,00 b	48,25 a	5,00 a
BRANCO-Viçosa X SE013-Maringá	107,50 abc	58,50 ab	11,82 h	2,00 a	16,75 ab	47,50 a	3,00 a
BRANCO-Viçosa X VIÇOSA-Viçosa	106,12 abc	55,00 ab	18,90 bcdefgh	1,50 a	16,00 ab	53,50 a	2,25 a
BRASKALB X BEIJA-FLOR	100,95 abc	57,00 ab	16,25 bcdefgh	1,00 a	15,50 ab	46,50 a	3,25 a
UNB2U-C0	101,35 abc	53,50 ab	19,07 bcdefgh	5,75 a	14,50 ab	46,50 a	1,50 a
VIÇOSA	87,75 bc	44,25 b	13,10 efgh	6,50 a	10,00 b	40,50 a	2,75 a
PR023-Maringá	125,50 a	59,50 ab	15,67 bcdefgh	4,25 a	8,50 b	47,50 a	2,75 a
PRODUTOR-Maringá	115,45 abc	59,50 ab	14,52 cdefgh	0,25 a	7,25 b	50,75 a	2,50 a
IAC-112	85,55 c	54,50 ab	28,17 a	5,50 a	10,00 b	46,75 a	3,25 a

¹/ALTE = altura de inserção da primeira espiga; FLOR = número de dias para florescimento; CE = capacidade de expansão dos grãos; NPA = proporção de plantas acamadas; NPQ = proporção de plantas quebradas; NPLANT = estande final; e EMP = empalhamento.

As médias seguidas pela mesma letra não diferem entre si pelo teste Tukey no nível de 5 % de probabilidade.

A característica número de espigas doentes (NESPĐ) constituiu apenas um grupo, demonstrando que os genitores e os híbridos utilizados possuem nível de sanidade semelhante às testemunhas avaliadas no presente trabalho. A característica número de espiga com praga (NESPP) formou dois grupos com destaque para a variedade Viçosa, usada como testemunha, que revelou-se menos atacada por pragas.

Para a característica altura de planta (ALTP), a qual é de absoluta importância para o Norte Fluminense, em razão dos fortes ventos que ocorrem na região, houve a formação de apenas um grupo. Tal resultado é favorável para a continuidade do presente trabalho já que as plantas expressaram uma altura adequada para a região.

As características número de plantas (NPLANT) e número de espigas mal empalhadas (EMP) formaram apenas um grupo, evidenciando a ausência de significância revelada por estas características neste ambiente (Quadro 7).

A característica produção de grãos (PG), formou cinco grupos, sendo que Braskalb revelou-se como o de pior desempenho, produzindo apenas 221 kg.ha⁻¹. Já os híbridos VIÇOSA-UENF X UNB2U-C2; PA038-Maringá X UNB2U-C2; UNB2U-C1 X ANGELA; PA038-Maringá X VIÇOSA-Viçosa, e os genitores UNB2U-C1; UNB2U-C2 e VIÇOSA-Viçosa produziram acima de 950 kg.ha⁻¹; portanto, os que detiveram as melhores performances (Quadro 8).

Quanto à característica que está relacionada diretamente com a qualidade do produto para o consumidor, capacidade de expansão (CE), pela análise das médias, a variedade ANGELA, adquirida da EMBRAPA, e o híbrido IAC-112, adquirido do Instituto agrônomo de Campinas, detiveram os maiores valores de CE. Contudo, alguns híbridos como UNB2U-C1 X BRANCO-Viçosa; BRASKALB X ANGELA; BRASKALB X UNB2U-C2; UNB2U-C1 X BEIJA-FLOR; ANGELA X VIÇOSA-Viçosa; e os genitores UNB2U-C1, UNB2U-C2 e VIÇOSA-Viçosa, apesar de possuírem valores de CE inferiores não diferiram estatisticamente pelo teste

Tukey em nível de 5 % de probabilidade destas variedades comerciais. Isto denota o potencial dos híbridos produzidos pelo dialelo, bem como dos genitores.

Fato curioso em relação a PG e CE é o ciclo C2, da UNB-2U haver expressado produtividade e capacidade de expansão inferiores ao ciclo C1, embora C0 tenha proporcionado performance inferior a C1 e C2.

Um argumento que poderia justificar tal situação é o fato de que C1 foi composto por famílias de irmãos completos, ao passo que C2, foi constituído por famílias S_1 , o que pode ter provocado efeito endogâmico em C2. Não obstante, tal resultado pressupõe que a depressão por endogamia em milho pipoca pode ser mais evidente do que em milho comum. Todavia, o que se conhece até o presente de efeito de depressão endogâmica em milho pipoca é que este fenômeno é menos evidente em populações melhoradas e que os resultados das estimativas de depressão por endogamia têm sido semelhantes entre grupos de milho pipoca em relação ao milho normal (Simon *et al.*, 2004)

Porém, Santos (2005), ao analisar a performance de seleções de famílias de meios-irmãos da geração C2 (designada C3, apenas para fins didáticos, vez que as seleções ainda não tinham sido recombinadas), em Campos dos Goytacazes e em Itaocara, no mesmo ano agrícola do presente trabalho, constatou, em análise comparativa aos resultados obtidos por Daros (2003), para os ciclos C1 (composto por famílias de irmãos completos) e C2 (composto por famílias S_1), que houve incremento nas médias de CE, em mL.g⁻¹ (com valores de 15,02; 19,56; e 23,80; respectivamente em relação a C1, C2 e C3), o mesmo ocorrendo com a produtividade, que evoluiu de 1.140,00 kg.ha⁻¹ para 1.361,00 kg.ha⁻¹ de C1 para C3, embora em C2 a média tenha sido de 950,70 kg.ha⁻¹. A redução da média de produtividade de C1 para C2 justifica a pressuposição de efeito endogâmico.

De qualquer forma, há que se ter acuidade ao enfatizar os resultados comparativos dos ciclos C1 e C2 do presente trabalho, sobretudo para produção de grãos. Neste aspecto, por uma análise lógica, percebe-se que o estande foi menor na geração C2 em relação a C1, embora não tenha sido verificada diferença estatística (Quadro 7), o que pode ser um argumento mais plausível

para justificar a redução, embora em diminuta magnitude, da produção de grãos de C1 para C2.

Todavia, isso não explica a redução nas médias de CE entre os ciclos C1 e C2, as quais, proporcionaram diferenças estatísticas pelo teste Tukey, em 5 % de probabilidade (Quadro 8). A esse respeito, há que se destacar um fator relevante: no ambiente de Campos dos Goytacazes não se procedeu ao teste de padronização da umidade dos grãos em base úmida, ao contrário do que foi efetuado para o ensaio de Itaocara. Por esse pressuposto, provavelmente isso provocou erros na aferição de CE para o ambiente de Campos dos Goytacazes.

A performance de UNB2U-C2 para produção de grãos, em relação às testemunhas ANGELA e IAC-112, pode ser considerada bastante satisfatória, vez que enquanto a população UNB2U-C2 produziu 953,75 kg.ha⁻¹ as mencionadas testemunhas exibiram produtividade de 528,75 kg.ha⁻¹ e 795,00 kg.ha⁻¹, respectivamente (Quadro 8).

O contrário ocorreu em relação à capacidade de expansão, com a população UNB2U-C2 tendo revelado estimativa de média de 21,92 mL.g⁻¹, ao passo que ANGELA e IAC-112, se destacaram, com a expressão dos valores respectivos de 28,97 mL.g⁻¹ e 28,17 mL.g⁻¹.

4.1.3. Parâmetros Genéticos

O Quadro 9 contém as estimativas de alguns parâmetros genéticos importantes na inferência sobre as estratégias de seleção e melhoramento da espécie. Constatam-se grandes possibilidades de identificação de genótipos superiores para as características de maiores interesses econômicos, NESP, PESP, PG e CE, por apresentarem elevada variabilidade genotípica (ϕ_G), com valores para coeficiente de determinação genotípica (H^2) superiores a 84 %, e magnitudes superiores a um para o índice de variação (I_v). Para essas características, métodos simples de seleção seriam suficientes para se obterem ganhos satisfatórios.

Quadro 9 - Estimativas das variâncias fenotípica (σ^2_F), da variabilidade ambiental (ϕ_A), da variabilidade genotípica (ϕ_G), do coeficiente de determinação genotípica (H^2), e do índice de variação (I_v) para 14 características avaliadas, em combinações híbridas, e respectivos genitores resultantes dos cruzamentos dialélicos entre 10 variedades de milho pipoca. Campos dos Goytacazes, RJ.

Característica	σ^2_F	ϕ_A	ϕ_G	H^2	I_v
NESP	90,6433	14,4730	76,1702	84,0330	1,1471
NESPD	10,0264	5,728403	4,2980	42,8671	0,4331
NESPP	3,1795	3,9520	-	-	-
PESP	131596,8750	17113,7986	114483,0763	86,9953	1,2932
PG	65191,9270	10344,4340	54847,4930	84,1323	1,1513
P100G	2,1479	0,8191	1,3288	61,8657	0,6369
ALTP	55,3127	17,7653	37,5474	67,882	0,7269
ALTE	49,7857	14,5856	35,20000	70,7031	0,7767
FLOR	7,3725	1,6213	5,7511	78,0076	0,9417
CE	17,5903	1,9958	15,5944	88,6538	1,3976
NPA	3,7358	2,6313	1,1044	29,5635	0,3239
NPQ	26,3125	8,7569	17,5555	66,7195	0,7079
NPLANT	7,2266	4,4686	2,7580	38,1650	0,3928
EMP	0,5806	0,6225	-	-	-

^{1/} NESP = número de espigas; NESPD = número de espigas doentes; NESPP = número de espigas com praga; PESP = peso de espiga com grão; PG = produção de grãos; P100G = peso de 100 grãos; ALTP = altura de planta; ALTE = altura de inserção da primeira espiga; FLOR = número de dias para florescimento; CE = capacidade de expansão dos grãos; NPA = proporção de plantas acamadas; NPQ = proporção de plantas quebradas; NPLANT = estande final; e EMP = empalhamento.

Em específico a CE, que possui predominância de efeitos gênicos aditivos no controle genético da capacidade de expansão (Doffing *et al.*, 1991; Pacheco *et al.*, 1998; Larish e Brewbaker, 1999; Pereira e Amaral Júnior, 2001), Sawazaki (1995) preconizou que o método de seleção massal pode proporcionar progresso significativo. Há de se atentar, todavia, que tal estratégia de melhoramento fundamenta-se na seleção de plantas individuais e não com base em médias das parcelas. Desta forma, não obstante tratar-se de um método simplista de melhoramento, com perspectivas de ganhos pouco relevantes, há que se ter acuidade em extrapolar a recomendação da aludida estratégia para as populações avaliadas no presente trabalho, vez que os dados experimentais provieram de médias de parcelas.

As características P100G, ALTP, ALTE, FLOR, NPQ, apesar de apresentarem baixa variabilidade genotípica (ϕ_G), revelaram coeficiente de determinação genotípica acima de 61 % que pode ser considerado alto, o que também denota a possibilidade de ganhos genéticos.

A variabilidade genotípica (ϕ_G), o coeficiente de determinação genotípica (H^2) e o índice de variação (lv) das características NESPP e EMP, não foram possíveis de serem estimadas, provavelmente por se tratar de características com forte influência do meio ambiente, o que é ratificado pelas magnitudes de ϕ_A serem superiores à σ_F^2 para ambas as características (Quadro 9).

Para se ter uma idéia real da situação de cada característica visando ao melhoramento, é importante analisar a relação CV_g/Cv_e , conhecida como lv . As características com situações mais favoráveis ao melhoramento apresentam $lv \geq 1$. Todavia, as características P100G, ALTP, ALTE, FLOR e NPQ, com valores de lv de 0,6369; 0,7269; 0,7767; 0,9417 e 0,7079; respectivamente, podem proporcionar ganhos satisfatórios em gerações avançadas, vez que a menor magnitude do lv suplantou o valor de 0,5. Por outro lado, NESPD, NPA, e NPLANT, com valores de lv inferior a 0,5 não são promissoras para obtenção de ganhos nos processos seletivos.

Uma análise que merece destaque é que a relação entre ϕ_A e σ_F^2 para CE e PG não expressou valores discrepantes, sendo 0,1134 para CE e 0,1586 para PG.

Isso consubstancia que o ambiente não será empecilho para obtenção de segregantes com superioridade genotípica para capacidade de expansão e produção de grãos em gerações futuras, o que é de cabal importância para atendimento do mercado consumidor e produtor de grãos.

4.2. Ambiente de Itaocara

4.2.1. Análise de Variância Univariada

No Quadro 10 encontram-se as médias dos genótipos (pais + $F_{1's}$), médias 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 vs $F_{1's}$, bem como os quadrados médios para as testemunhas e interação genótipos vs testemunhas, além do resíduo, provenientes da análise de variância no delineamento em blocos casualizados com testemunhas adicionais para as 14 características avaliadas, no ambiente de Itaocara, Noroeste Fluminense.

As características NESP, NESPD, NPA, NPLANT e EMP, não apresentaram significância em 5 % de probabilidade pelo teste F, em nenhuma das fontes de variações estudadas, indicando que as variedades cultivadas em Itaocara mostraram-se mais uniforme para essas características. A ausência de significância para número de espigas doentes, estande e espiga mal empalhadas, denota que em Itaocara o ambiente foi favorável à obtenção de materiais superiores, de forma semelhante a Campos dos Goytacazes, em que número de espigas com praga, número de plantas acamadas e espigas mal empalhadas não revelaram quaisquer significâncias (Quadro 7).

Constataram-se diferenças significativas pelo teste F, em 1 % de probabilidade, entre os tratamentos, para as características de maior importância econômica como PESP, PG, P100G, ALTP, ALTE e CE, indicando a existência de variabilidade genética entre as variedades utilizadas, o que é uma situação

Quadro 10 - Valores e significâncias dos quadrados médios (QM) e coeficientes percentuais da variação experimental, com base na média dos tratamentos para as 14 características avaliadas em combinações híbridas, respectivos genitores e testemunhas. Itaocara, RJ.

FV	GL	Quadrado Médios ^{1/}				
		NESP	NESPD	NESPP	PESP	PG
Blocos	3	592,8972	83,6666	24,6083	1063417,8083	597040,7638
Tratamentos	29	123,2428 ^{n.s}	40,0816 ^{n.s}	11,3474 ^{n.s}	473986,3186 ^{**}	298857,6221 ^{**}
Genótipos	24	116,1666 ^{n.s}	40,8066 ^{n.s}	11,6108 ^{n.s}	531200,5058 ^{**}	333607,3541 ^{**}
Pais	9	105,3027 ^{n.s}	46,4472 ^{n.s}	8,3027 ^{n.s}	254400,6694 ^{n.s}	90645,0694 ^{n.s}
F ₁ 's	14	83,4452 ^{n.s}	38,4095 ^{n.s}	11,8523 ^{n.s}	307776,8642 ^{n.s}	214159,3452 [*]
Pais vs F ₁ 's	1	672,0416 ^{n.s}	23,6016 ^{n.s}	38,0016 [*]	6150330,0150 ^{**}	4192540,0416 ^{**}
Testemunhas	4	193,5000 ^{n.s}	39,9500 ^{n.s}	12,3000 ^{n.s}	244406,5750 ^{n.s}	54384,3750 ^{n.s}
G vs Test.	1	12,0416 ^{n.s}	23,2066 ^{n.s}	1,2149 ^{n.s}	19194,8016 ^{n.s}	42757,0416 ^{n.s}
Resíduo	87	108,0359	26,5114	8,4531	191491,3945	97401,1087
Média Geral		46,79	10,86	4,07	1477,91	993,46
Médias dos Genótipos		46,65	10,67	4,03	1483,56	1001,90
Média das Testemunhas		47,50	11,85	4,30	1449,65	951,25
Cve (%)		22,21	47,38	71,35	29,61	31,41

Continua...

^{1/} NESP = número de espigas; NESPD = número de espigas doentes; NESPP = número de espigas com praga; PESP = peso de espigas com grãos; e PG = produção de grão.

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

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

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

Quadro 10 – Continuação.

FV	GL	Quadrado Médios ^{1/}				
		P100G	ALTP	ALTE	FLOR	CE
Blocos	3	0,7682	754,4909	902,2083	18,8083	9,6072
Tratamentos	29	9,6526 **	440,6840 **	687,6482 **	16,6784 *	63,4504 **
Genótipos	24	9,4437 **	400,4214 *	630,0995 **	16,4058 n.s	68,4504 **
Pais	9	12,3968 **	249,2368 n.s	458,6590 **	20,7333 n.s	68,3411 **
F ₁ 's	14	6,5600 *	484,1380 *	775,3410 **	14,7023 n.s	72,2016 **
Pais vs F ₁ 's	1	23,2381 *	589,0504 n.s	139,6837 n.s	1,3066 n.s	16,3020 n.s
Testemunhas	4	11,4881 **	87,2500 **	1188,0187 **	22,4500 n.s	48,6892 **
G vs Test.	1	7,3239 n.s	20,7204 n.s	67,3350 n.s	0,1350 n.s	3,1104 n.s
Resíduo	87	3,2903	215,7251	181,0689	10,2853	7,5488
Média Geral		12,12	177,44	112,47	63,22	18,98
Médias dos Genótipos		12,23	177,26	112,81	63,24	18,91
Média das Testemunhas		11,56	178,37	110,80	63,15	19,34
Cve (%)		14,96	8,27	11,96	5,07	14,47

continua...

^{1/} P100G = peso de 100 grãos; ALTP = altura de Planta; ALTE = altura de inserção da primeira espiga; FLOR = número 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.

Quadro 10 – Continuação.

FV	GL	Quadrado Médios ^{1/}			
		NPA	NPQ	NPLANT	EMP
Blocos	3	241,4777	785,6333	90,4972	10,1638
Tratamentos	29	42,6540 ^{n.s}	123,5448 [*]	75,9255 ^{n.s}	3,2083 ^{n.s}
Genótipos	24	43,8808 ^{n.s}	100,1875 ^{n.s}	68,5725 ^{n.s}	3,3558 ^{n.s}
Pais	9	21,2361 ^{n.s}	178,3027 [*]	55,0444 ^{n.s}	3,8777 ^{n.s}
F ₁ 's	14	61,1000 ^{n.s}	56,6238 ^{n.s}	81,2452 ^{n.s}	3,1380 ^{n.s}
Pais vs F ₁ 's	1	6,6150 ^{n.s}	7,0416 ^{n.s}	12,9066 ^{n.s}	1,7066 ^{n.s}
Testemunhas	4	39,5500 ^{n.s}	240,5750 [*]	111,0750 ^{n.s}	2,4249 ^{n.s}
G vs Test.	1	25,6266 ^{n.s}	216,0000 ^{n.s}	111,8016 ^{n.s}	2,8016 ^{n.s}
Resíduo	87	45,9605	69,9264	85,7271	2,2903
Média Geral		5,98	15,15	41,31	2,29
Médias dos Genótipos		6,19	14,55	41,74	2,36
Média das Testemunhas		4,95	18,15	39,15	1,95
Cve (%)		113,30	55,19	22,41	66,04

^{1/} NPA = proporção de plantas acamadas; NPQ = proporção de plantas quebradas; NPLANT = estande final; e EMP = empalhamento.

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

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

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

favorável para se praticar o melhoramento genético. Para essa mesma fonte de variação, FLOR e NPQ revelaram significância em 5 % de probabilidade.

Com relação à fonte de variação genótipos, constata-se que houve significância em 1 % de probabilidade para PESP, PG, P100G, ALTE e CE. Isso ratifica a existência de diversidade entre os genitores e seus $F_{1's}$ para as características de maior interesse no melhoramento da cultura.

Em alusão ao desdobramento de genótipos em Pais e $F_{1's}$, verifica-se que para os genitores as características NESP, NESPD, NESPP, PESP, PG, ALTP, FLOR, NPA, NPLANT e EMP não expressaram significância pelo teste F; em relação aos híbridos, houve ausência de significância para NESP, NESPD, NESPP, PESP, FLOR, NPA, NPQ, NPLANT, e EMP. Isto posto, considerando-se as características de maior importância – CE e PG – percebe-se maior variabilidade entre os híbridos para ambas as características, ao passo que nos genitores apenas CE revelou diversidade. A maior diversidade dos híbridos torna-os mais interessantes quando se intenciona a indicação de materiais para utilização experimental pelos produtores.

Tal pressuposição torna-se mais evidente na análise do desdobramento de genótipos no contraste Pais vs $F_{1's}$, em que ao contrário de CE, que não revelou significância, PG expressou significância em 1 % de probabilidade pelo teste F.

Analisando os quadrados médios do contraste genótipos x testemunhas, nota-se que todas as características foram não significativas em nível de 5 % de probabilidade, demonstrando o potencial dos genótipos utilizados nesse trabalho. Com base nas médias dos genótipos e das testemunhas expressas no Quadro 10, observa-se que houve poucas dessemelhanças. Tomando-se como exemplo as principais características para a cultura – produção de grãos e capacidade de expansão -, verifica-se que os genótipos expressaram média de $1001,90 \text{ Kg.ha}^{-1}$, enquanto as testemunhas proporcionaram média de $951,25 \text{ Kg.ha}^{-1}$. Em relação à capacidade de expansão, a média dos genótipos foi um pouco inferior à das testemunhas, com valores respectivos de 18,91 e 19,34.

Com relação aos coeficientes de variação (Cve %), houve valores classificados como baixos para ALTP, ALTE e FLOR; ao passo que as

características NESP, PESP, PG, P100G, CE e NPLANT, apresentaram coeficiente de variação médio. As demais características (NESP, NESPP, NPA, NPQ e EMP) apresentaram coeficiente de variação muito alto. Em estudos com seleção entre famílias de meios-irmãos de milho pipoca, Coimbra (2000), também detectou valores considerados muito altos de coeficiente de variação para algumas características, como: número de plantas acamadas, peso de espigas doentes, espigas mal empalhadas e plantas afetadas por lagarta do cartucho.

Segundo o autor, os valores elevados dos coeficientes de variação para essas características estão de acordo com os encontrados na literatura para milho comum, destacando-se que para as características número de plantas acamadas e quebradas, os valores de Cve (%) comumente são muito elevados. De forma análoga, Daros (2003), trabalhando com seleção recorrente de famílias S₁, também encontrou valores elevados para Cve para número de espigas doentes (55,10 %), número de plantas quebradas (43,80 %) e espigas mal empalhadas (123,11 %).

Por uma análise comparativa entre os valores de Cve para as características avaliadas em Campos dos Goytacazes (Quadro 7) e em Itaocara (Quadro 10) apenas cinco revelaram valores considerados suficientemente discrepantes entre os dois ambientes, a saber: NESP, NESPP, FLOR, NPQ e NPLANT. Adotando-se como hierarquia as maiores diferenças absolutas tem-se a seguinte ordem decrescente: NESPP, NESP, NPQ, NPLANT e FLOR. À exceção de FLOR, as demais características revelaram magnitudes superiores para Itaocara. Isso traduz que houve maiores discrepâncias entre médias em Itaocara para número de espigas doentes, número de espigas com pragas, número de plantas quebradas e número de plantas acamadas.

4.2.2. Teste entre Médias

No Quadro 11 há os valores referentes às médias das quatorze características avaliadas no ambiente de Itaocara, e os resultados do teste Tukey em 5 % de probabilidade, para efeito de comparação.

Em consonância com a análise de variância (Quadro 10) a ausência de significância para tratamentos para as características número de espigas (NESP), número de espigas doentes (NESPd), número de espigas com praga (NESPP), número de plantas acamadas (NPA), número de plantas (NPLANT) e espigas mal empalhadas (EMP), proporcionou o agrupamento dos genótipos em apenas um grupo (Quadro 11).

Ademais, houve formação de apenas um grupo para altura de plantas, número de dias para florescimento e número de plantas quebradas (Quadro 11), a despeito da significância para tratamentos para essas características, conforme o Quadro 10. Isso denota que as significâncias não foram absolutas para permitir a diferenciação de grupos entre as médias dos materiais avaliados.

Pelos resultados obtidos, torna-se frágil a afirmação de ocorrência de maiores discrepâncias entre médias para NESPd, NESPP, NPQ e NPLANT, para Itaocara, com base nas magnitudes dos coeficientes de variação. Outrossim, tais resultados demonstram que para as citadas características há uma performance semelhante dos genitores e híbridos em relação às testemunhas, o que denota a possibilidade de sucesso na obtenção de segregantes superiores.

A característica produção de grãos (PG), formou três grupos. De forma análoga ao que ocorreu com o ensaio em Campos dos Goytacazes (Quadro 8), Braskalb deteve a pior performance, produzindo apenas 565 kg.ha^{-1} . Já o híbrido VIÇOSA-UENF X SE013-Maringá obteve a melhor produtividade com valor de 1722 kg.ha^{-1} . Os híbridos VIÇOSA-UENF X UNB2U-C2; PA038-Maringá X UNB2U-C2; BRASKALB X ANGELA; ANGELA X VIÇOSA-Viçosa, UNB2U-C1 X ANGELA e BRANCO-Viçosa X SE013-Maringá revelaram magnitudes de produtividade superiores a 1200 kg.ha^{-1} , sendo, portanto, promissores para serem utilizados em programas de melhoramento visando ao aumento da produtividade.

Quadro 11 – Valores médios de quatorze características avaliadas em 10 genitores, 15 híbridos e 5 testemunhas, seguidas pelo teste de comparação entre médias. Itaocara, RJ.

Genótipos	NESP	NESPD	NESPP	PESP	PG	P100G	ALTP
UNB2U-C1	40,00 a	9,00 a	4,75 a	1630,00 abc	826,25 bc	13,38 abc	175,12 a
BEIJA-FLOR	46,00 a	8,00 a	4,25 a	1197,00 abc	751,25 bc	13,48 abc	175,37 a
SE013-Maringá	41,25 a	11,00 a	3,25 a	1069,50 bc	693,75 bc	10,60 abc	179,75 a
BRASKALB	41,25 a	10,50 a	2,50 a	889,75 c	565,00 c	10,45 abc	159,12 a
VIÇOSA-UENF	49,25 a	15,50 a	6,25 a	1470,25 abc	983,75 abc	11,02 abc	185,00 a
UNB2U-C2	46,75 a	7,00 a	3,25 a	1378,00 abc	992,50 abc	15,19 a	167,12 a
PA038-Maringá	50,75 a	6,50 a	1,50 a	931,75 bc	665,00 bc	16,92 abc	167,37 a
BRANCO-Viçosa	36,50 a	10,50 a	2,75 a	898,25 bc	558,75 c	9,875 bc	173,37 a
ANGELA	36,25 a	6,75 a	2,00 a	1102,25 bc	697,50 bc	10,27 abc	182,75 a
VIÇOSA-Viçosa	46,75 a	16,00 a	2,25 a	1231,50 abc	777,50 bc	11,41 abc	177,87 a
VIÇOSA-UENF X UNB2U-C2	50,50 a	18,50 a	2,50 a	1840,00 abc	1246,25 abc	14,30 ab	180,25 a
VIÇOSA-UENF X BEIJA-FLOR	44,75 a	9,25 a	4,00 a	1479,75 abc	1011,25 abc	13,21 abc	161,75 a
PA038-Maringá X UNB2U-C2	52,25 a	12,25 a	5,75 a	2091,75 ab	1477,50 ab	13,95 ab	178,25 a
PA038-Maringá X SE013-Maringá	48,75 a	10,50 a	6,75 a	1634,50 abc	1176,25 abc	11,71 abc	197,12 a
UNB2U-C1 X BRANCO-Viçosa	38,75 a	6,75 a	7,50 a	1394,75 abc	973,75 abc	10,95 abc	172,62 a
BRASKALB X ANGELA	53,00 a	10,50 a	4,75 a	1818,50 abc	1267,50 abc	14,01 ab	177,00 a
BRASKALB X UNB2U-C2	40,75 a	7,50 a	5,75 a	1425,75 abc	975,00 abc	12,67 abc	160,12 a
UNB2U-C1 X BEIJA-FLOR	47,25 a	12,50 a	5,50 a	1399,00 abc	900,00 abc	13,48 abc	187,12 a
PA038-Maringá X VIÇOSA-Viçosa	51,00 a	13,75 a	2,25 a	1492,25 abc	988,75 abc	12,91 abc	188,62 a
ANGELA X VIÇOSA-Viçosa	53,25 a	11,5 a	3,75 a	1800,50 abc	1237,50 abc	10,07 bc	167,12 a
UNB2U-C1 X ANGELA	50,00 a	8,25 a	5,00 a	1823,50 abc	1375,00 abc	10,98 abc	192,00 a
VIÇOSA-UENF X SE013-Maringá	53,25 a	8,25 a	2,00 a	2315,50 ab	1722,50 a	13,53 abc	192,25 a
BRANCO-Viçosa X SE013-Maringá	51,25 a	13,00 a	3,25 a	1847,00 abc	1235,00 abc	11,74 abc	180,00 a
BRANCO-Viçosa X VIÇOSA-Viçosa	45,00 a	9,25 a	6,25 a	1443,00 abc	970,00 abc	13,48 abc	179,87 a
BRASKALB X BEIJA-FLOR	51,75 a	14,25 a	3,00 a	1485,00 abc	980,00 abc	12,32 abc	174,50 a
UNB2U-C0	41,00 a	13,00 a	4,75 a	1153,00 abc	726,25 bc	11,85 abc	160,62 a
VIÇOSA	58,75 a	16,50 a	4,75 a	1616,25 abc	986,25 abc	11,54 abc	175,50 a
PR023-Maringá	49,25 a	8,00 a	2,25 a	1722,25 abc	1188,75 abc	12,75 abc	196,00 a
PRODUTOR-Maringá	44,75 a	10,50 a	3,00 a	1527,00 abc	1077,50 abc	12,96 abc	188,50 a
IAC-112	43,75 a	11,25 a	6,75 a	1229,75 abc	777,50 bc	8,73 c	171,25 a

Continua...

^{1/} NESP = número de espigas; NESPD = número de espigas doentes; NESPP = número de espigas com praga; PESP = peso de espigas com grãos; PG = produção de grãos; P100G = peso de 100 grãos; e ALTP = altura de planta.

As médias seguidas pela mesma letra não diferem entre si pelo teste Tukey ao nível de 5 % de probabilidade.

Quadro 11 – Continuação.

Genótipos	ALTE	FLOR	CE	NPA	NPQ	NPLANT	EMP
UNB2U-C1	104,62 bcde	60,50 a	21,57 abcdef	5,50 a	9,50 a	33,25 a	1,50 a
BEIJA-FLOR	115,37 abcde	66,00 a	18,35 bcdefg	10,50 a	6,50 a	40,00 a	1,50 a
SE013-Maringá	130,87 abcd	64,75 a	16,42 defg	4,75 a	13,50 a	43,50 a	3,50 a
BRASKALB	94,12 de	63,00 a	17,15 defg	8,25 a	14,25 a	42,50 a	1,50 a
VIÇOSA-UENF	113,50 abcde	61,00 a	17,42 defg	5,25 a	18,00 a	41,50 a	2,00 a
UNB2U-C2	98,75 bcde	61,25 a	23,10 abcde	4,25 a	12,25 a	45,25 a	1,50 a
PA038-Maringá	118,00 abcde	66,50 a	14,82 fg	4,75 a	10,75 a	46,25 a	1,25 a
BRANCO-Viçosa	106,87 bcde	60,25 a	18,00 cdefg	6,00 a	28,50 a	41,50 a	3,50 a
ANGELA	119,37 abcde	63,75 a	29,00 a	7,25 a	8,00 a	38,00 a	2,00 a
VIÇOSA-Viçosa	112,12 abcde	64,00 a	18,22 cdefg	2,25 a	21,00 a	41,25 a	3,75 a
VIÇOSA-UENF X UNB2U-C2	111,75 abcde	61,25 a	18,57 bcdefg	11,75 a	14,75 a	46,00 a	4,00 a
VIÇOSA-UENF X BEIJA-FLOR	96,00 cde	63,00 a	15,82 efg	6,50 a	12,75 a	46,25 a	3,25 a
PA038-Maringá X UNB2U-C2	114,25 abcde	62,75 a	18,32 bcdefg	3,75 a	17,25 a	41,00 a	2,50 a
PA038-Maringá X SE013-Maringá	146,37 a	68,25 a	14,50 fg	13,50 a	9,25 a	39,00 a	2,75 a
UNB2U-C1 X BRANCO-Viçosa	99,87 bcde	64,00 a	18,85 bcdefg	2,50 a	17,75 a	40,25 a	2,00 a
BRASKALB X ANGELA	114,37 abcde	62,00 a	25,25 abc	3,50 a	14,75 a	48,75 a	2,00 a
BRASKALB X UNB2U-C2	90,25 e	62,75 a	19,75 bcdefg	5,50 a	9,00 a	32,25 a	0,50 a
UNB2U-C1 X BEIJA-FLOR	113,62 abcde	62,00 a	18,67 bcdefg	4,50 a	22,25 a	42,25 a	2,25 a
PA038-Maringá X VIÇOSA-Viçosa	120,00 abcde	64,75 a	13,27 g	2,50 a	16,75 a	37,75 a	3,00 a
ANGELA X VIÇOSA-Viçosa	103,75 bcde	66,00 a	25,82 ab	6,25 a	12,75 a	49,25 a	1,50 a
UNB2U-C1 X ANGELA	122,37 abcde	61,75 a	25,82 ab	3,00 a	11,00 a	44,50 a	1,50 a
VIÇOSA-UENF X SE013-Maringá	131,50 abc	62,25 a	14,42 fg	9,50 a	13,25 a	41,00 a	3,50 a
BRANCO-Viçosa X SE013-Maringá	119,75 abcde	63,75 a	13,25 g	13,00 a	20,50 a	41,75 a	2,50 a
BRANCO-Viçosa X VIÇOSA-Viçosa	113,5 abcde	61,25 a	16,90 defg	8,00 a	13,75 a	42,75 a	3,00 a
BRASKALB X BEIJA-FLOR	109,25 abcde	64,25 a	19,50 bcdefg	2,25 a	15,75 a	37,75 a	2,75 a
UNB2U-C0	97,37 bcde	62,75 a	19,90 bcdefg	2,00 a	24,75 a	36,75 a	0,75 a
VIÇOSA	106,87 bcde	63,00 a	20,17 bcdefg	1,50 a	23,50 a	42,00 a	2,00 a
PR023-Maringá	133,75 ab	65,50 a	18,47 bcdefg	8,75 a	6,75 a	35,75 a	1,75 a
PRODUTOR-Maringá	123,00 abcde	65,00 a	14,25 fg	7,00 a	22,25 a	47,00 a	2,75 a
IAC-112	93,00 e	59,50 a	23,92 abcd	5,50 a	13,50 a	34,25 a	2,50 a

^{1/}ALTE = altura de inserção da primeira espiga; FLOR = número de dias para florescimento; CE = capacidade de expansão dos grãos; NPA = proporção de plantas acamadas; NPQ = proporção de plantas quebradas; NPLANT = estande final; e EMP = empalhamento.

As médias seguidas pela mesma letra não diferem entre si pelo teste Tukey ao nível de 5 % de probabilidade.

Ainda em relação a PG, nota-se que o ciclo C2 de UNB-2U foi superior ao ciclo precedente, bem como ao ciclo C0. Isto torna mais prudente preconizar que a situação revelada no ensaio de Campos dos Goytacazes (Quadro 8) está vinculada ao efeito ambiental e não à expressão de depressão por endogamia.

Quanto à característica que está relacionada diretamente com a qualidade do produto para o consumidor, capacidade de expansão (CE), pela análise das médias, a variedade ANGELA, adquirida na EMBRAPA, foi a que teve o maior valor de CE (29 mL.g^{-1}), contudo, alguns híbridos como BRASKALB X ANGELA; UNB2U-C1 X ANGELA; ANGELA X VIÇOSA-Viçosa; se destacaram e apesar de possuírem valores de CE inferiores não diferiram estatisticamente pelo teste Tukey em nível de 5 % de probabilidade desta variedade comercial, o que ratifica o potencial destes híbridos para utilização em plantios experimentais, já que também possuem boa produtividade.

É oportuno destacar que houve incremento no valor de CE do ciclo C0 para C1 e para C2, de UNB-2U, com valores respectivos de 19,90; 21,57 e 23,10 mL.g^{-1} , ratificando que a seleção recorrente na população UNB-2U tem proporcionado o aumento na concentração de alelos favoráveis.

A análise comparativa da produção de grãos de UNB2U-C2 para com ANGELA e IAC-112, revela que UNB2U-C2 superou a variedade da EMBRAPA/CNPMS e híbrido triplo do IAC, por apresentarem performances respectivas de $992,50 \text{ kg.ha}^{-1}$; $697,50 \text{ kg.ha}^{-1}$; e $777,50 \text{ kg.ha}^{-1}$.

Já, em relação à capacidade de expansão, UNB2U-C2, ao expressar valor médio de $23,10 \text{ mL.g}^{-1}$, mostrou-se inferior à performance de ANGELA e IAC-112, que detiveram valores respectivos de CE de $29,00 \text{ mL.g}^{-1}$ e $23,92 \text{ mL.g}^{-1}$.

Assim, pode-se antever a perspectiva de lançamento de UNB2U como uma nova variedade aos produtores do Norte Fluminense, vez que o procedimento de melhoramento adotado – seleção recorrente intrapopulacional – irá proporcionar ganhos satisfatórios para CE, por ser característica que sofre influência de genes aditivos e, também, para produção de grãos, via recombinação dos segregantes superiores, momento em que se explora o efeito da heterose.

4.2.3. Parâmetros Genéticos

No Quadro 12 estão presentes as estimativas de parâmetros genéticos para as quatorze características avaliadas no ensaio em Itaocara. Constatam-se grandes possibilidades de identificação de genótipos superiores para as características de maiores interesses econômicos, PG e CE, por apresentarem ampla variabilidade genotípica (ϕ_G), com valores para o coeficiente de determinação genotípica (H^2) de 71,85 % e 89,46 %, respectivamente, e índice de variação (I_v), com valores respectivos de 0,79 e 1,45. Isso demonstra que é possível implementar um único programa de melhoramento para os dois ambientes avaliados.

Para as características NPA e NPLANT não foi possível obter a totalidade das estimativas, vez que o componente ambiental foi superior ao fenotípico.

Apesar de se propor um único programa de melhoramento para ambas localidades, tal propositura deve ser analisada com certo ceticismo, considerando-se que o número de espigas e o estande foram sobremaneira influenciados pelo ambiente, no ensaio em Itaocara (Quadro 12), ao contrário do que ocorreu no experimento em Campos dos Goytacazes (Quadro 9).

Por outro lado, há que se ressaltar que no período de implementação de experimento em Itaocara houve excesso de chuva, o que certamente afetou características mais sensíveis ao efeito de água excedente. Isso é consubstanciado não apenas pelo fato de CE e PG revelarem estimativas favoráveis dos parâmetros genéticos, mais também por NESPD e NPQ proporcionarem valores de H^2 inferiores em Itaocara (Quadro 12) em comparação com Campos dos Goytacazes (Quadro 9). Não obstante, a magnitude de H^2 para NESPP em Itaocara foi ínfima (Quadro 12).

Quadro 12 – Estimativas das variâncias fenotípica (σ^2_F), da variabilidade ambiental (ϕ_A), da variabilidade genotípica (ϕ_G), do coeficiente de determinação genotípica (H^2), e do índice de variação (IV) para 14 características avaliadas, em combinações híbridas, e respectivos genitores resultantes dos cruzamentos dialélicos entre 10 variedades de milho pipoca. Itaocara, RJ.

Característica ^{1/}	σ^2_F	ϕ_A	ϕ_G	H^2	IV
NESP	29,0416	24,6780	4,3636	15,0253	0,2103
NESPD	10,2016	7,1811	3,0205	29,6085	0,3243
NESPP	2,9027	2,1196	0,7830	26,9767	0,3039
PESP	132800,1264	45566,3200	87233,8063	65,6880	0,6918
PG	83401,8385	23473,9149	59927,9236	71,8544	0,7989
P100G	2,3609	0,8831	1,4777	62,5924	0,6468
ALTP	100,1053	48,9738	51,1315	51,0777	0,5109
ALTE	157,5248	37,6549	119,8699	76,0959	0,8921
FLOR	4,1014	2,7553	1,3461	32,8203	0,3495
CE	17,1062	1,8017	15,3044	89,4673	1,4572
NPA	10,9702	12,2899	–	–	–
NPQ	25,0468	14,2396	10,8072	43,1480	0,4356
NPLANT	17,1431	20,7686	–	–	–
EMP	0,8389	0,5634	0,2755	32,8450	0,3497

^{1/} NESP = número de espiga; NESPD = número de espiga doente; NESPP = número de espiga com praga; PESP = peso de espiga com grão; PG = produção de grãos; P100G = peso de 100 grãos; ALTP = altura de planta; ALTE = altura de inserção da primeira espiga; FLOR = número de dias para florescimento; CE = capacidade de expansão dos grãos; NPA = proporção de plantas acamadas; NPQ = proporção de plantas quebradas; NPLANT = estande final; e EMP = empalhamento.

4.3. Análise Conjunta

4.3.1. Análise de Variância Conjunta

No Quadro 13 encontram-se as médias dos genótipos (pais + F_{1s}), as médias das testemunhas, os coeficientes de variação e os quadrados médios para os efeitos de blocos, tratamentos (pais + F_{1s} + testemunhas), genótipos (pais + F_{1s}), testemunhas, grupos, ambientes, interação tratamentos vs ambientes, genótipos vs ambientes, testemunhas vs ambientes, grupos vs ambientes e resíduo, provenientes das análises de variância do delineamento em blocos casualizados com testemunhas adicionais para as 14 características avaliadas.

Constataram-se diferenças significativas pelo teste F em 1 % de probabilidade, entre os tratamentos, para quase todas as características avaliadas, indicando a existência de considerável variabilidade genética entre as variedades utilizadas, o que é de fundamental importância para obtenção de ganhos genéticos em programas de melhoramento. Apenas NESPP, NPA e NPLANT não revelaram significância em 5 % de probabilidade, conforme Quadro 13. Por conseguinte, deduz-se que os genótipos possuem reduzida diversidade para essas características, quando se consideram ambos os ambientes avaliados.

No desdobramento da fonte de variação tratamentos, verifica-se no Quadro 13 que para genótipos não houve significância pelo teste F, para as características NESPP, FLOR, NPA e NPLANT. Por sua vez, para testemunhas não se detectou diferenças significativas pelo teste F, para as características NESP, NESPD, NESPP, PESP, PG, NPA, NPLANT e EMP. Tais resultados demonstram que para características indesejáveis ao melhoramento, como número de espigas atacadas por pragas e estande, tanto para os genótipos quanto para as testemunhas houve variabilidade reduzida em ambos ambientes, o que pressupõe tratar-se de materiais resistentes a doenças e pragas e que o número de plantas por parcelas foi suficiente para a obtenção dos dados experimentais.

Outrossim, as testemunhas, ao exibirem ausência de significância para PG e EMP revelam uma maior uniformidade desses materiais em produtividade e na

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

FV	GL	Quadrados Médios ^{1/}				
		NESP	NESPD	NESPP	PESP	PG
Blocos/Amb	06	648,8861	79,3166	15,4041	949627,0708	479352,3263
Tratamentos	29	250,2925 **	43,8913 *	15,0892 n.s	752810,7196 **	385617,2737 **
genótipos	24	291,9304 **	46,9408 *	15,1112 n.s	865324,4195 **	447581,0729 **
testemunhas	04	63,0250 n.s	34,4000 n.s	18,7125 n.s	262080,1000 n.s	98938,1250 n.s
Grupos	01	0,5333 n.s	8,6700 n.s	0,0675 n.s	17564,4008 n.s	45202,6875 n.s
Ambientes	01	1440,6000 n.s	1960,8166 **	2633,4375 **	4014248,0041 n.s	3758755,1041 *
Trat x Amb	29	204,1689 **	37,5925 n.s	12,1788 n.s	176227,1507 n.s	33447,5610 **
Gen x Amb	24	186,8095 **	33,9716 n.s	9,2179 n.s	192353,5862 n.s	146793,9895 **
Test x Amb	04	353,9000 **	64,9750 *	32,1325 *	122525,2250 n.s	85138,1250 n.s
Grupo x Amb	01	21,8700 n.s	14,9633 n.s	3,3075 n.s	4000,4008 n.s	6371,0208 n.s
Resíduo	174	94,4407	25,7591	12,2202	136394,1263	71789,8982
Média Geral		49,24	13,72	7,38	1348,57	868,31
Média dos Genótipos		49,23	13,64	7,39	1352,40	874,45
Média das Testemunhas		49,27	14,15	7,35	1329,45	837,62
Cve (%)		19,73	36,97	47,31	27,38	30,85

Continua...

^{1/} NESP = número de espiga; NESPD = número de espiga doente; NESPP = número de espiga com praga; PESP = peso de espigas com grãos; e PG = produção de grãos.

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

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

* = Significativo em nível de 0,05.

Quadro 13 – Continuação.

FV	GL	Quadrados Médios ^{1/}				
		P100G	ALTP	ALTE	FLOR	CE
Blocos/Amb	06	3,8623	1236,4973	876,6933	17,3194	5,8076
Tratamentos	29	15,9291 **	596,0880 **	843,5237 **	46,8856 **	129,1968 **
genótipos	24	15,7946 **	472,7078 *	638,3110 **	35,5237 ^{n.s}	129,4006 **
testemunhas	04	14,7178 **	1454,2003 **	2255,3758 **	112,0375 **	160,2621 **
Grupos	01	24,0012 *	124,5496 ^{n.s}	121,2216 ^{n.s}	58,9633 ^{n.s}	0,0444 ^{n.s}
Ambientes	01	89,6826 **	14987,8815 *	3698,9201 ^{n.s}	2801,6666 **	12,3760 ^{n.s}
Trat x Amb	29	2,4051 ^{n.s}	208,8097 ^{n.s}	176,4534 ^{n.s}	19,4770 ^{n.s}	12,7842 ^{n.s}
Gen x Amb	24	2,2410 ^{n.s}	148,9648 ^{n.s}	190,9313 ^{n.s}	10,3720 ^{n.s}	9,3854 ^{n.s}
Test x Amb	04	3,7037 ^{n.s}	542,6628 ^{n.s}	133,6108 ^{n.s}	66,1625 *	34,5441 **
Grupo x Amb	01	1,1488 ^{n.s}	309,6768 ^{n.s}	0,3536 ^{n.s}	51,2533 ^{n.s}	7,3164 ^{n.s}
Resíduo	174	3,9332	262,6016	173,0039	23,3280	8,9452
Média Geral		11,50	169,54	108,54	59,80	18,75
Média dos Genótipos		11,65	169,86	108,86	60,03	18,76
Média das Testemunhas		10,80	167,93	106,96	58,70	18,72
Cve (%)		17,12	9,55	12,11	8,07	15,94

Continua...

^{1/} P100G = Peso de 100 grãos; ALTP = altura de Planta; ALT E = altura de inserção da primeira espiga; FLOR = número 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.

Quadro 13 – Continuação.

FV	GL	Quadrados Médios ^{1/}			
		NPA	NPQ	NPLANT	EMP
Blocos/Amb	06	120,9319	400,6097	61,3750	10,7638
Tratamentos	29	27,7989 ^{n.s}	127,5012 ^{**}	56,0080 ^{n.s}	4,3097 ^{**}
genótipos	24	31,3750 ^{n.s}	125,5833 ^{**}	42,7887 ^{n.s}	4,4700 [*]
testemunhas	04	12,1412 ^{n.s}	170,8375 [*]	94,7125 ^{n.s}	3,6250 ^{n.s}
grupos	01	3,5208 ^{n.s}	0,1875 ^{n.s}	218,4533 ^{n.s}	3,2033 ^{n.s}
Ambientes	01	579,7041 ^{n.s}	297,0375 ^{n.s}	3110,4000 ^{**}	11,2666 ^{n.s}
Trat x Amb	29	32,6783 ^{n.s}	94,1323 [*]	55,1155 ^{n.s}	1,0467 ^{n.s}
Gen x Amb	24	27,4491 ^{n.s}	79,8541 ^{n.s}	54,6904 ^{n.s}	1,2083 ^{n.s}
Test x Amb	04	51,8125 ^{n.s}	99,7875 ^{n.s}	71,4375 ^{n.s}	0,4749 ^{n.s}
Grupo x Amb	01	81,6408 ^{n.s}	414,1875 ^{**}	0,0300 ^{n.s}	0,3333 ^{n.s}
Resíduo	174	30,9635	52,2102	64,6250	2,6202
Média Geral		4,42	14,03	44,90	2,51
Média dos Genótipos		4,37	14,02	45,33	2,56
Média das Testemunhas		4,70	14,10	42,77	2,25
Cve (%)		125,63	51,47	17,90	64,53

^{1/} NPA = proporção de plantas acamadas; NPQ = proporção de plantas quebradas; NPLANT = estande final; e EMP = empalhamento.

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

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

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

proporção de espigas mal empalhadas. Isso suporta o fato de que dentre as testemunhas há híbridos e populações melhoradas; estes, provavelmente contribuíram para que houvesse uma proporção menor de espigas mal empalhadas em ambos os ambientes, bem como, maior uniformidade na produção de grãos.

O efeito do ambiente não proporcionou diferenças significativas entre os materiais avaliados para NESP, PESP, ALTE, CE, NPA, NPQ e EMP. Dentre estas características, merece destaque CE, por sua importância na qualidade dos grãos. Tal característica tem sido reportada por ser fortemente influenciada pelo ambiente, contribuindo para a suposição de herança quantitativa, conforme inicialmente sugerido por Brunson (1937) e Lima *et al.* (1971). De acordo com esses autores, se um grande número de anos são testados separadamente, uma distribuição normal é obtida para capacidade de expansão (Daros *et al.*, 2003).

Por sua vez, Alexander e Creech (1977) concordam que a capacidade de expansão é uma característica poligênica; todavia, sujeita a baixa influência ambiental.

Segundo Robbins e Ashman (1984) e Linares (1987), nem todos os genes que contribuem para dureza do endosperma contribuem para a capacidade de expansão, o que remonta à influência do ambiente na capacidade de expansão do milho pipoca.

No presente trabalho há que se considerar que, embora não tenha sido detectada diferença significativa na interação genótipos por ambiente para CE, houve significância em 1 % de probabilidade para o contraste testemunha por ambientes (Quadro 13). Por conseguinte, este último resultado é um argumento favorável às evidências da influência ambiental sobre CE, que também foi constatada por Vendrusculo *et al.* (2001), na avaliação de quinze genótipos (variedades e híbridos inter-varietais) em quinze ambientes na região Centro-Sul do Brasil.

De acordo com o Quadro 13, os quadrados médios evidenciaram diferenças significativas, pelo teste F em 1 % de probabilidade, entre os genótipos (pais + F₁s), para as principais características como peso de grãos (PG), capacidade de

expansão (CE), número de espigas (NESP), peso de espigas (PESP) e peso de 100 grãos (P100G), fato que pressupõe a existência de diferenças genéticas entre os genótipos utilizados nos cruzamentos dialélicos o que é um alento, pois demonstra a possibilidade de ganhos genéticos quando se pretender desenvolver futuros trabalhos de melhoramento genético com essa população.

Ainda em relação ao efeito do ambiente nota-se, no Quadro 13, que para as características NESPD, NESPP, PG, P100G, ALTP, FLOR e NPLANT, ocorreram diferenças significativas. Essas diferenças nos ambientes podem ser explicadas pelas intempéries que ocorreram durante os ensaios nas duas localidades. Em Itaocara, por exemplo, houve fortes chuvas que inundaram parte da área do experimento, o que explica a menor média de plantas por linha em Itaocara (41,31 plantas, conforme Quadro 10), quando comparada com Campos dos Goytacazes (48,50 plantas, conforme Quadro 7) onde não ocorreu excesso de chuvas. Há também que se considerar que no ensaio em Campos do Goytacazes houve maior incidência de espigas atacadas por doenças (16,58, conforme Quadro 7), provavelmente por ser uma localidade em que extensivamente se cultiva a cana-de-açúcar, que, como o milho pipoca, é uma gramínea, o que provoca disseminação de doenças comuns ao milho. Em Itaocara ocorreu menor incidência de espigas doentes (10,86, conforme Quadro 10), possivelmente por esta região não ser um pólo produtor de cana-de-açúcar. Apesar de no ensaio em Itaocara, o estande ter sido menor, devido às intempéries, por outro lado, esse ensaio deteve maior média de produção (993,46 kg.ha⁻¹), quando comparada a Campos dos Goytacazes (793,00 kg.ha⁻¹), conforme Quadros 10 e 7, respectivamente; possivelmente por Itaocara ser uma ilha onde constantemente ocorrem alagamentos, permitindo maior acúmulo de matéria orgânica e, conseqüentemente, maior fertilidade do solo, o que redundou em maior produtividade. A característica altura de planta também apresentou maior média em Itaocara (177,4 cm) do que em Campos dos Goytacazes (161,5 cm), provavelmente devido ao solo de Itaocara ser mais fértil, o que proporcionou às plantas maior vigor.

A análise da interação tratamentos por ambiente (Quadro 13) revelou significância em 5 % de probabilidade pelo teste F, para a característica NPQ; e em 1 % para NESP e PG. No desdobramento da interação houve significância para genótipos por ambiente e testemunhas por ambiente para NESP; enquanto genótipos por ambientes foi significativo para PG, embora o mesmo não tenha ocorrido para o contraste testemunha por ambiente, ao passo que para NPQ esses desdobramentos da fonte de variação em interação tratamentos por ambiente não foram significativos.

Por uma interpretação lógica desses resultados, pode-se inferir que a prolificidade é uma característica que apresenta variabilidade genética tanto para os genótipos (genitores + $F_{1's}$) quanto para as testemunhas. Para produção de grãos, a variabilidade genética é mais proeminente entre os genótipos (genitores + $F_{1's}$), o que é uma situação favorável para a prática do melhoramento e obtenção de ganhos nos segregantes do dialelo. Com relação ao número de plantas quebradas, embora o conjunto de materiais, nos dois ambientes, contenham diferenças genéticas, tais dessemelhanças estão mais associadas a grupos particulares de genótipos, vez que houve significância para NPQ, em relação ao contraste grupo por ambiente (Quadro 13).

4.3.2. Parâmetros Genéticos

As estimativas dos parâmetros genéticos para a análise conjunta dos genitores e $F_{1's}$, presentes no Quadro 14, revelam que o efeito residual foi superior à interação genótipos por ambientes para as características NESPP, P100G, NPLANT e EMP, por apresentarem o componente ϕ_{GA} com valores negativos. Isso pressupõe que o efeito ambiental teve forte influência na expressão dessas características. Em decorrência há que se ter acuidade na expectativa de ganhos superiores, particularmente para a obtenção de adequada proporção de empalhamento de espigas que, dentre as características citadas é a de maior interesse ao melhorista.

Quadro 14 - Estimativas das variâncias fenotípica (σ^2_F), da variabilidade ambiental (ϕ_A), da variabilidade genotípica (ϕ_G), do coeficiente de determinação genotípica (H^2), e do índice de variação (I_V) para 14 características avaliadas, em combinações híbridas, e respectivos genitores resultantes dos cruzamentos dialélicos entre 10 variedades de milho pipoca.

Característica	ϕ_{GA}	ϕ_A	σ^2_F	ϕ_G	H^2	I_V
NESP	27,1268	9,7877	36,4913	26,7035	78,3022	0,5840
NESPD	2,0381	3,2273	5,8685	2,6402	44,9967	0,3198
NESPP	-0,7313	1,5179	1,8889	0,3709	19,6395	0,1748
PESP	16748,3372	15670,0296	108154,3024	92,484,2727	85,5114	0,8589
PG	19789,3229	8454,5872	55947,6341	47493,0468	84,8884	0,8380
P100G	-0,2908	0,4255	8,4201	1,5487	78,4447	0,6745
ALTP	3,8716	16,6847	59,0884	42,4036	71,7630	0,5636
ALTE	21,6125	13,0601	79,7888	66,7287	83,6316	0,7992
FLOR	0,4046	1,0941	4,4404	3,3462	75,3588	0,6183
CE	0,4475	0,9493	16,1750	15,2556	94,1305	1,4159
NPA	-0,5983	3,7303	3,9118	0,1915	4,8840	0,0801
NPQ	8,4652	5,7491	15,6979	9,9487	63,3764	0,4651
NPLANT	1,0553	6,3093	5,3485	-	-	-
EMP	-0,2909	0,2964	0,5587	0,2622	46,9364	0,3325

^{1/} NESP = número de espiga; NESPD = número de espiga doente; NESPP = número de espiga com praga; PESP = peso de espiga com grãos; PG = produção de grãos; P100G = peso de 100 grãos; ALTP = altura de planta; ALTE = altura de inserção da primeira espiga; FLOR = número de dias para florescimento; CE = capacidade de expansão dos grãos; NPA = proporção de plantas acamadas; NPQ = proporção de plantas quebradas; NPLANT = estande final; e EMP = empalhamento.

Em relação ao empalhamento, o valor do coeficiente de determinação genotípica foi de baixa magnitude (46,9364), com I_v de 0,3325, o que consubstancia a necessidade de se ter maior acuidade na perspectiva de ganhos em segregantes do dialelo.

A característica NPLANT não possibilitou a obtenção de estimativas de alguns parâmetros, vez que o componente de ambiente, ϕ_A , foi superior à variância fenotípica (σ^2_F), com valores respectivos de 6,3093 e 5,3485.

Com relação às principais características para o melhoramento do milho pipoca, CE e PG, percebe-se, no Quadro 14, uma situação favorável à obtenção de ganhos genéticos, vez que para CE os valores de H^2 e I_v foram, respectivamente, 94,1305 e 1,4159; enquanto para PG as magnitudes respectivas foram de 84,8884 e 0,8380. Isto posto, a seleção de segregantes superiores pode ser implementada por um único programa de melhoramento para as duas localidades.

4.4. Análise do Dialelo Circulante para Campos dos Goytacazes

4.4.1. Análise de Variância para Capacidade de Combinação

O Quadro 15 contém os quadrados médios atribuídos aos efeitos dos genótipos, desdobrados em quadrados médios da capacidade geral de combinação (CGC) e da capacidade específica de combinação (CEC), assim como as médias dos quadrados dos efeitos para as 14 características avaliadas.

Por esta análise é possível observar que os valores dos quadrados médios para a capacidade geral de combinação foram significativos pelo teste F em 1 % de probabilidade, para nove características, quais sejam: NESP, PESP, PG, P100G, ALTP, ALTE, FLOR, CE e NPQ. Para a capacidade específica de combinação, oito características foram significativas, a saber: NESP, NESPD, PESP, PG, ALTP, ALTE, FLOR e CE, sendo que apenas para FLOR houve significância em 5 %. As características NESP, PESP, PG, ALTP, ALTE, FLOR e CE, que apresentaram significância para a capacidade geral e específica de

Quadro 15 - Estimativas dos quadrados médios de genótipos de milho pipoca (genitores e F_{1s}), 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 circulante. Campos dos Goytacazes, RJ.

FV	GL	Quadrado médios ^{1/}				
		NESP	NESPD	NESPP	PESP	PG
Genótipos	24	372,5416 **	40,5058 *	13,4391 ^{n.s}	524440,5833 **	260252,5625 **
CGC	09	412,5575 **	23,4186 ^{n.s}	7,8649 ^{n.s}	847128,4926 **	439847,0515 **
CEC	15	348,5347 **	50,7579 **	16,7834 ^{n.s}	330827,8657 **	152495,8682 **
Resíduo	87	80,8454	25,0068	15,9873	81296,8582	46178,6877
Médias dos quadrados dos efeitos						
CGC		22,1665	0,0315	-0,4964	48667,0811	24904,3322
CEC		72,6606	6,9610	0,2437	65593,1678	27779,5330

^{1/} NESP = número de espigas; NESPD = número de espigas doente; NESPP = número de espigas com praga; PESP = Peso de espigas com grãos; e PG = produção de grãos.

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

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

* = Significativo em nível de 0,05.

Quadro 15 - continuação.

FV	GL	Quadrado médios ^{1/}				
		P100G	ALTP	ALTE	FLOR	CE
Genótipos	24	8,3953 **	228,9467 **	198,5768 **	29,8333 **	70,3661 **
CGC	09	14,6439 **	213,6008 **	254,4985 **	58,6500 **	38,5875 **
CEC	15	4,6468 ^{n.s}	238,1524 **	165,0248 **	12,5428 *	29,4343 **
Resíduo	87	4,5761	309,4780	164,9388	36,3707	10,3416
Médias dos quadrados dos efeitos						
CGC		0,7104	8,9008	12,2597	3,2602	8,1627
CEC		0,3425	41,7727	26,6705	1,5143	5,3627

^{1/} P100G = peso de 100 grãos; ALTP = altura de Planta; ALTE = altura de inserção da primeira espiga; FLOR = número 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.

Quadro 15 - continuação.

FV	GL	Quadrado médios ^{1/}			
		NPA	NPQ	NPLANT	EMP
Genótipos	24	15,1808 ^{n.s}	104,3600 ^{**}	27,3191 ^{n.s}	2,6666 ^{n.s}
CGC	09	19,5332 ^{n.s}	209,8695 ^{**}	34,0720 ^{n.s}	2,3585 ^{n.s}
CEC	15	12,5694 ^{n.s}	41,0534 ^{n.s}	23,2695 ^{n.s}	2,8516 ^{n.s}
Resíduo	87	15,9665	34,4941	43,5228	2,9500
Médias dos quadrados dos efeitos					
CGC		0,5629	10,9276	1,0123	-0,0082
CEC		0,5109	1,5064	1,3487	0,0903

^{1/} NPA = proporção de plantas acamadas; NPQ = proporção de plantas quebradas; NPLANT = estande final; e EMP = empalhamento.

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

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

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

combinação, denotam, por conseguinte, a existência de variabilidade, resultante da ação de efeitos gênicos aditivos e não-aditivos no controle da expressão. Para a característica NESPD, que exibiu significância apenas para capacidade específica de combinação, deve predominar os efeitos gênicos de dominância. Para as características P100G e NPQ, que apresentaram significância apenas para capacidade geral de combinação (Quadro 15), predominam os efeitos gênicos aditivos.

De acordo com Griffing (1956) e Kempthorne e Curnow (1961), a capacidade geral de combinação decorre, principalmente, da variância genética aditiva e da variância epistática aditiva x aditiva e a capacidade específica de combinação resulta da variância genética de dominância.

A existência de variabilidade entre os genótipos, devido à ação aditiva e não aditiva, para a grande maioria das características, revela a possibilidade de obtenção de novas variedades ou híbridos oriundos de cruzamentos entre os genitores.

A variância aditiva, no controle genético das características, é um indicativo de maior facilidade na seleção de populações, obtidas por meio da combinação de genitores superiores. Já a variância dos efeitos não-aditivos indica a viabilidade do uso “per se” de combinações híbridas, entre os genitores avaliados.

Para quase todas as características avaliadas, exceto NESPD, NESPP, ALTP, NPA e EMP, os quadrados médios da capacidade geral de combinação foram superiores aos da capacidade específica de combinação. Tal superioridade é esperada quando se trabalha com material heterogêneo; entretanto, as magnitudes dos quadrados médios não são indicadores da importância relativa dos componentes de variância genética, embora valores de F significativos, para ambas as capacidades combinatórias, revelem a existência de variabilidade resultante de efeitos gênicos aditivos e não-aditivos.

Por meio da análise das médias dos quadrados dos efeitos (Quadro 15), observa-se a superioridade dos efeitos genéticos aditivos, em relação aos não aditivos, para as características P100G, FLOR, CE, NPA e NPQ, expressos pelos respectivos valores de CGC e CEC: 0,71 e 0,34; 3,26 e 1,51; 8,16 e 5,36; 0,56 e

0,51; e 10,92 e 1,50. Neste caso, indica-se, como melhor opção a ser adotada, a utilização dos genitores em programas de melhoramento visando ao uso “per se” via melhoramento intrapopulacional.

Para as características NESP, NESPD, NESPP, PESP, PG, ALTP, ALTE, NPLANT e EMP, as médias dos quadrados dos efeitos de dominância foram superiores aos da aditividade, o que indica que o melhoramento envolvendo hibridações, por meio do aproveitamento da heterose, poderá fornecer ganhos superiores.

Estudos mais recentes também demonstraram a maior importância dos efeitos de dominância para produção de grãos (Pereira e Amaral Júnior, 2001; Simon *et al.*, 2004).

A predominância dos efeitos gênicos aditivos para CE consubstancia os resultados obtidos por Doffing *et al.* (1991), Pacheco *et al.* (1998), Larish e Brewbaker (1999), Pereira e Amaral Júnior (2001) e Simon *et al.* (2004).

4.4.2. Efeitos da Capacidade Geral de Combinação

No Quadro 16, há as estimativas dos efeitos da capacidade geral de combinação (\hat{g}_i) de cada genitor, para as 14 características avaliadas.

Referindo-se aos efeitos da \hat{g}_i , Venkovsky (1970) preconizou que elevadas estimativas de \hat{g}_i , em valores absolutos, ocorrem, normalmente, em cultivares cujas freqüências dos alelos favoráveis são consistentemente maiores ou menores do que a freqüência médias dos alelos favoráveis em todas as cultivares testadas. Para Cruz e Regazzi (2001), altas estimativas de \hat{g}_i , positivas ou negativas, evidenciam genitores muito superiores ou inferiores aos demais genitores inclusos no dialelo circulante em relação à média geral dos cruzamentos, enquanto baixas estimativas de \hat{g}_i , positivas ou negativas, indicam genitores em que as combinações não diferem muito da média geral dos cruzamentos dialélicos.

Ramalho *et al.* (1993), em suas considerações, afirmaram que o conhecimento da capacidade geral de combinação dos genitores é a mais importante informação para os melhoristas, pois os híbridos provenientes de

Quadro 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 circulante. Campos dos Goytacazes, RJ.

Genótipos	Características Avaliadas ^{1/}						
	NESP	NESPD	NESPP	PESP	PG	P100G	ALTP
UNB2U-C1	5,1413	1,9190	0,2645	294,4023	207,5460	1,1732	3,7997
Braskalb	- 6,4333	- 0,6613	- 0,4717	- 294,1429	- 172,0382	- 0,5249	- 5,4920
Viçosa-UENF	- 0,7093	- 1,0416	0,2913	- 3,0326	10,5656	0,3208	0,5007
PA038-Maringá	1,9182	0,6888	- 1,1029	- 77,0982	- 40,2498	- 0,6873	- 0,2459
BRANCO-Viçosa	- 3,4902	- 0,5891	- 0,0135	-120,9205	- 91,2008	- 0,8311	- 3,4865
ANGELA	- 0,9276	- 0,3417	-0,1190	-21,4705	- 59,9324	- 0,7989	- 1,9272
Beija-Flor	- 1,0712	- 0,4523	- 0,2691	- 47,9252	- 34,6890	0,5272	2,0376
UNB2U-C2	1,5320	- 0,7765	0,8904	267,6462	189,6389	1,1159	- 0,1444
SE 013-Maringá	- 2,7455	0,3203	- 0,2106	-146,7426	- 141,9093	- 0,3089	1,5633
VIÇOSA-Viçosa	6,7856	0,9345	0,7408	149,2842	132,2690	0,0139	3,3945

Continua...

^{1/} NESP = número de espigas; NESPD = número de espigas doentes; NESPP = número de espigas com praga; PESP = peso de espigas com grãos; PG = produção de grãos; P100G = peso de 100 grãos; e ALTP = altura de Planta.

Quadro 16 – Continuação.

Genótipos	Características Avaliadas ^{1/}						
	ALTE	FLOR	CE	NPA	NPQ	NPLANT	EMP
UNB2U-C1	- 0,6659	- 1,8989	2,4626	0,7846	- 0,2493	1,0413	- 0,0416
Braskalb	- 3,3616	0,5980	- 0,3076	- 0,5305	6,4484	- 1,7022	0,0423
Viçosa-UENF	0,1208	- 0,1221	- 3,2137	1,1412	0,9213	0,4634	0,5545
PA038-Maringá	4,9345	1,4782	- 2,5535	0,2505	- 0,7974	1,1189	0,3078
BRANCO-Viçosa	- 4,8854	- 1,3719	- 1,3943	- 0,9292	2,3806	- 1,4590	- 0,1485
ANGELA	- 0,3573	0,8898	3,6584	- 0,8209	- 3,4325	- 0,9867	- 0,1947
Beija-Flor	0,2804	- 0,7253	0,4952	0,8078	0,8471	1,5068	- 0,3650
UNB2U-C2	- 1,9553	- 1,8506	1,8175	0,5270	- 2,7532	0,2457	- 0,4864
SE 013-Maringá	3,4051	2,4308	- 1,3486	- 0,2732	- 3,2435	- 0,6462	0,2194
VIÇOSA-Viçosa	2,4849	0,5720	0,3839	- 0,9572	- 0,1215	0,4181	0,1122

^{1/} ALTE = altura de inserção da primeira espiga; FLOR = número de dias para florescimento; CE = capacidade de expansão dos grãos; NPA = proporção de plantas acamadas; NPQ = proporção de plantas quebradas; NPLANT = estande final; e EMP = empalhamento.

parentais que apresentam maiores valores de \hat{g}_i para a característica desejada são, potencialmente, superiores para a seleção de novas linhagens.

Analisando a característica NESP (Quadro 16), pode-se notar que apenas os genitores UNB2U-C1, PA038-Maringá, UNB2U-C2 e VIÇOSA-Viçosa apresentaram efeitos da capacidade geral de combinação positivos, sendo que a variedade VIÇOSA-Viçosa revelou o maior efeito de \hat{g}_i , com valor de 6,7856, seguida por UNB2U-C1, com magnitude de 5,1413, o que permite pressupor que nos cruzamentos em que esses dois genitores participem, haverá contribuição para o aumento do número médio de espigas em programas de melhoramento. Por outro lado, os genitores Braskalb, Viçosa-UENF, BRANCO-Viçosa, ANGELA, Beija-Flor e SE013-Maringá, que apresentaram valores negativos de \hat{g}_i , tendem a reduzir o número de espigas quando em combinações, o que as tornam indesejáveis para o melhoramento de milho pipoca.

No que se refere à característica NESPD, os valores negativos de \hat{g}_i caracterizam os melhores resultados, vez que indicam genitores que contribuem para a redução de espigas doentes. Os genitores Viçosa-UENF (- 1,0416) seguido por UNB2U-C2 (- 0,7765), apresentaram os maiores valores negativos de \hat{g}_i . Por conseguinte, são valiosos em programas que intencionem a redução do número de espigas atacadas por doenças. Em relação a NESPP, os valores negativos de \hat{g}_i também caracterizam os melhores genitores, que tenderão a contribuir para a redução de espigas atacadas por pragas. Para essa característica, destacam-se os genitores PA038-Maringá e Braskalb, por revelarem os maiores valores negativos, de \hat{g}_i respectivamente, -1,1029 e -0,4717.

Para a característica peso de espiga (PESP), apenas os genitores UNB2U-C1, UNB2U-C2 e VIÇOSA-Viçosa apresentaram efeitos positivos para capacidade geral de combinação, indicando que esses genitores contribuem para o aumento da produção. Este genitores também tiveram valores de \hat{g}_i positivos e em maiores magnitudes para produção de grãos. Como também revelaram valores de \hat{g}_i positivos para peso de cem grãos, isso implica em que tais genótipos são de interesse em programas de melhoramento que visem não apenas ganhos para produtividade, mas também para peso de espiga e densidade dos grãos.

Quando se intencionam ganhos apenas para produtividade e densidade dos grãos, o genitor Viçosa-UENF não deve ser descartado, pois apresenta a quarta maior magnitude de \hat{g}_i para PG e P100G, com valores respectivos de 10,5656 e 0,3208.

Em alusão a característica ALTP, verifica-se que os genitores UNB2U-C1, Viçosa-UENF, Beija-Flor, SE013-Maringá e VIÇOSA-Viçosa, apresentaram magnitudes de \hat{g}_i positivas, o que significa que esses genitores detêm contribuição genética para porte mais alto, produzindo aumento de tamanho nas plantas da população.

Para a característica ALTE, os genitores Viçosa-UENF, PA038-Maringá, Beija-Flor, SE013-Maringá e VIÇOSA-Viçosa, são de interesse para obterem populações com altura mais alta de espigas, por apresentarem valores positivos para \hat{g}_i , conforme Quadro 16. O genitor BRANCO-Viçosa (-4,8854) apresentou o mais elevado valor negativo de \hat{g}_i , o que significa que poderá contribuir para a redução da altura de espiga quando utilizado em programas de melhoramento.

Referido-se à característica FLOR, os genitores UNB2U-C1, Viçosa-UENF, BRANCO-Viçosa, Beija-Flor e UNB2U-C2 apresentaram valores de \hat{g}_i negativos, favorecendo, assim, uma possível redução na época de florescimento nos programas em que participem. É importante salientar que para esta característica, os genitores usados apresentam baixos valores de \hat{g}_i , positivos ou negativos, indicando que, possivelmente, estes não diferem muito da média geral dos cruzamentos dialélicos, não contribuindo muito para afetar a época de florescimento.

Os efeitos de \hat{g}_i , para a característica capacidade de expansão (CE) mostraram que os genitores UNB2U-C1, ANGELA, Beija-Flor, UNB2U-C2 e VIÇOSA-Viçosa, apresentaram valores positivos para \hat{g}_i . O genitor ANGELA foi o que apresentou a maior magnitude de \hat{g}_i indicando que esse genitor contribuirá para o aumento da capacidade de expansão em programas de melhoramento. Os genitores UNB2U-C1 e UNB2U-C2, que são materiais oriundos do programa de melhoramento da UENF, foram os que apresentaram a segunda e a terceira maiores magnitudes de \hat{g}_i , 2,4626 e 1,8175, respectivamente; isso é um forte

indício de que esses genitores contribuirão para aumentos na capacidade de expansão em programas de melhoramento. Já os genitores Viçosa-UENF e PA038-Maringá, por expressarem os maiores valores negativos de \hat{g}_i , tenderão a contribuir para a redução da capacidade de expansão.

Para a característica NPA, os genitores com valores de \hat{g}_i negativos foram Braskalb, BRANCO-Viçosa, ANGELA, SE013-Maringá e VIÇOSA-Viçosa, porém as maiores magnitudes negativas foram expressos por BRANCO-Viçosa e VIÇOSA-Viçosa indicando que esses genitores são os que tendem a proporcionar maior redução de ocorrência de plantas acamadas.

Quanto à característica NPQ, os genitores UNB2U-C1, PA038-Maringá, UNB2U-C2, ANGELA, UNB2U-C2, SE013-Maringá e VIÇOSA-Viçosa, apresentaram valores negativos de \hat{g}_i , sendo que os genitores UNB2U-C2, ANGELA e SE013-Maringá foram os que expressaram as maiores magnitudes, o que indica sê-los de interesse para a redução da ocorrência de plantas quebradas. Há que se destacar que os genitores SE013-Maringá e VIÇOSA-Viçosa, apesar de apresentarem valores de \hat{g}_i positivos para altura de planta, fazem parte do grupo de genitores com efeitos de \hat{g}_i negativos para plantas acamadas e plantas quebradas o que denota que, apesar de proporcionarem maior porte, apresentam certa resistência ao acamamento e quebramento do colmo.

Com relação à característica espiga mal empalhada, os genitores UNB2U-C1, BRANCO-Viçosa, ANGELA, Beija-Flor e UNB2U-C2 apresentaram valores negativos de \hat{g}_i o que indica tratar-se de materiais que poderão contribuir para a redução da ocorrência de espigas mal empalhadas. Porém, é importante salientar que para esta característica, os genitores utilizados no dialelo expressam baixos valores de \hat{g}_i , positivos ou negativos, o que pressupõe que não diferem suficientemente da média geral dos cruzamentos dialélicos; portanto, tendem a não afetar, de forma absoluta, o número de espigas mal empalhadas.

É importante esclarecer que os valores obtidos de \hat{g}_i estão relacionados com os genitores utilizados neste trabalho, sendo que estes resultados não devem ser extrapolados para outros experimentos, caso sejam utilizados outros indivíduos em combinações com alguns destes genótipos em outras análises

dialélicas. De acordo com Vencovsky e Barriga (1992), a estimativa de \hat{g}_i é relativa ao indivíduo utilizado no estudo, pois a combinação com outros genótipos pode alterar sua CGC, dependendo da estrutura genética dos demais genitores envolvidos no dialelo.

Diante do exposto, destacaram-se para maior produtividade os genitores UNB2U-C1, Viçosa-UENF, UNB2U-C2 e VIÇOSA-Viçosa, por apresentarem valores de \hat{g}_i positivos para a característica produção de grãos, sendo que os genitores UNB2U-C1, UNB2U-C2 e VIÇOSA-Viçosa ainda se destacaram por apresentarem maiores magnitudes positivas de \hat{g}_i para capacidade de expansão. Deve-se também destacar o genitor ANGELA, que apesar de apresentar magnitude negativa de \hat{g}_i para produção apresentou a maior magnitude positiva de \hat{g}_i para capacidade de expansão. Isto posto, os genitores UNB2U-C1, ANGELA, UNB2U-C2 e VIÇOSA-Viçosa poderão ser incluídos em programas de melhoramento intrapopulacionais para obtenção de gerações com superioridade genotípica para produtividade e capacidade de expansão.

4.4.3. Efeitos da Capacidade Específica de Combinação

As estimativas dos efeitos da capacidade específica de combinação (\hat{s}_{ij}) referentes aos 15 híbridos simples resultantes dos cruzamentos dialélicos entre os dez genitores utilizados encontram-se no Quadro 17.

Cruz e Regazzi (2001) fizeram algumas considerações a respeito da capacidade específica de combinação (\hat{s}_{ij}), sugerindo que suas estimativas são medidas dos efeitos gênicos não-aditivos e dependem de genes que apresentem efeitos de dominância e, ou de epistasia.

Os efeitos da CEC (\hat{s}_{ij}) são interpretados como os desvios das combinações híbridas em relação ao que seria esperado com base na CGC de seus genitores. Assim, baixos valores de \hat{s}_{ij} indicam que os híbridos envolvendo os genitores em questão se comportam como o que seria esperado com base na capacidade geral de combinação, enquanto altos valores (positivos ou negativos) de \hat{s}_{ij} indicam que

Quadro 17 – Estimativas dos efeitos da capacidade específica de combinação ($\hat{\sigma}_{ij}$) para 14 características avaliadas em dialelo circulante em milho pipoca. Campos dos Goytacazes, RJ.

Efeitos ($\hat{\sigma}_{ij}$) ^{1/}	Características avaliadas ^{2/}													
	NESP	NESPD	NESPP	PESP	PG	P100G	ALTP	ALTE	FLOR	CE	NPA	NPQ	NPLANT	EMP
1x5	2,0489	0,7301	1,3890	110,3682	- 42,6952	0,3179	2,4932	- 0,3294	-0,0291	2,1832	0,1046	-7,5713	0,1378	- 0,0598
1x6	0,7363	3,2327	0,7445	282,1682	271,0364	0,2456	8,0839	7,8125	1,7091	-1,2895	1,2464	-0,7581	- 0,0845	0,5136
1x7	- 0,1200	- 1,4067	- 0,8553	144,8729	104,5430	0,5305	- 1,6510	- 4,6252	-0,6758	-0,2063	- 1,6324	-0,7878	- 1,8281	1,4067
2x6	4,5610	2,5631	- 0,2691	- 55,5365	23,1206	2,3838	- 1,1994	0,6582	-1,2878	-3,9392	- 0,4385	-0,9559	- 0,8410	1,1524
2X7	0,9545	- 3,8264	0,3809	290,918	205,3773	- 0,4824	7,9607	6,4205	-0,6727	5,3940	4,6827	-3,9855	0,4154	0,0724
2x8	16,3513	2,9979	5,2213	295,3466	138,5492	- 0,9410	0,3928	- 2,5638	-3,0474	0,6516	- 1,2864	0,6148	4,1765	- 0,5559
3x7	10,4806	3,8039	- 0,8821	- 82,6921	- 73,4766	0,4619	3,0680	0,0880	1,0474	-3,8699	0,2610	2,5415	- 2,0002	- 0,4395
3x8	1,8773	1,6282	- 0,2918	109,2363	65,9454	1,4533	1,1300	3,2537	0,1727	-0,1922	0,5418	-1,3582	- 0,2391	0,1818
3x9	- 1,5951	- 1,7186	1,0593	121,1253	19,9937	0,1481	4,6922	2,2632	-0,1086	-0,2760	1,8420	-1,1178	- 0,3472	1,4759
4x8	8,9990	6,6477	0,3524	228,3020	144,2609	1,1514	7,5267	5,5101	-1,9277	0,1475	- 1,0675	-0,3894	- 1,8946	0,4285
4x9	4,0273	- 1,9491	- 1,0464	102,6909	99,5591	- 0,4838	9,7889	9,1496	0,7909	1,7338	0,4827	-2,1491	0,9973	- 0,2772
4x10	0,7461	0,4366	1,0021	240,4141	147,8808	0,2034	5,7378	1,6998	-0,3502	0,0812	- 1,3333	3,2289	2,4330	0,5800
5x9	11,1857	3,8288	1,8642	441,5132	343,0101	0,6201	5,3095	3,9695	0,6411	- 4,0155	0,6623	4,1729	0,8252	0,1791
5x10	8,4045	1,4645	1,4127	41,7364	17,5818	0,6373	5,4784	4,6397	-1,5000	- 1,2480	0,5964	-1,1991	3,2609	- 1,2136
6x10	- 0,4080	- 0,2828	- 0,2317	32,2863	-93,6866	0,2950	4,5248	6,8616	-2,2618	-0,9607	- 0,0118	0,3640	2,5386	- 0,4175

^{1/}(1) UNB2U-C1, (2) BRASKALB, (3) VIÇOSA-UENF, (4) PA038-Maringá, (5) BRANCO-Viçosa, (6) ANGELA, (7) BEIJA-FLOR, (8) UNB2U-C2, (9) SE013-Maringá, (10) VIÇOSA-Viçosa.

^{2/} NESP = número de espigas; NESPD = número de espigas doentes; NESPP = número de espigas com praga; PESP = Peso de espigas com grãos; PG = produção de grão; P100G = peso de 100 grãos; ALTP = altura de Planta; ALTE = altura de inserção da primeira espiga; FLOR = número de dias para florescimento; CE = capacidade de expansão dos grãos; NPA = proporção de plantas acamadas; NPQ = proporção de plantas quebradas; NPLANT = estande final; e EMP = empalhamento.

o comportamento de um cruzamento particular é relativamente melhor ou pior do que o esperado, com base na capacidade geral de combinação.

Os resultados de \hat{s}_{ij} (Quadro 17) denotam que para a característica NESP, os efeitos positivos de CEC, de interesse para aumentar o número de espigas, estiveram presentes em quase todas as combinações híbridas; apenas os pares 1x7, 3x9 e 6x10, apresentaram valores negativos de \hat{s}_{ij} , sendo pois, desinteressantes para contribuir para o aumento do número de espigas. Já as combinações 2x8, 5x9 e 3x7, contiveram os maiores valores de \hat{s}_{ij} , o que não era esperado ocorrer, já que para a característica NESP pelo menos um, senão todos os genitores apresentaram valores negativos de \hat{g}_i (Quadro 16).

De acordo com Griffing (1956), isso indica que tais híbridos são melhores do que o esperado com base na capacidade geral de combinação.

Segundo Griffing (1956), a melhor combinação deve ser aquela com maior valor de \hat{s}_{ij} , cujos os genitores apresentem alto valor de \hat{g}_i . Utilizando essa premissa de forma apropriada para a análise da característica NESP, pode-se inferir que as melhores combinações híbridas são 5x10, 4x8 e 4x9.

Para as características NESPD, NESPP, NPA, NPQ e EMP, são desejáveis os valores negativos de \hat{s}_{ij} , em razão do interesse em reduzir o número de espigas doentes, o número de espigas com praga, o número de plantas acamadas e quebradas bem como o reduzir o número de espigas mal empalhadas.

Com relação a NESPD, os híbridos que apresentaram valores negativos de \hat{s}_{ij} foram 1x7 (-1,4067), 2x7 (-3,8264), 3x9 (-1,7186), 4x9 (-1,9491), 6x10 (-0,2828), logo, esses híbridos são de interesse quando se deseja reduzir o número de espigas doentes. Pode-se inferir que os pares 2x7, 3x7 e 3x9 são as melhores combinações pois ambos os genitores apresentam valores de \hat{g}_i negativos conforme Quadro 16.

Quanto à característica NESPP, destacaram-se os híbridos 1x7, 2x6, 3x7, 3x8, 4x9 e 6x10, por revelarem valores negativos de \hat{s}_{ij} . Por conseguinte, são desejáveis para a redução do número de espigas com pragas. As combinações 2x6 e 4x9 possivelmente são as melhores, pois ambos genitores apresentaram valores de \hat{g}_i negativos (Quadro 16).

Para a característica NPA, os híbridos que expressaram valores negativos de \hat{s}_{ij} foram 1x7, 2x6, 2x8, 4x8, 4x10 e 6x10, portanto tratam-se de combinações de interesse quando se deseja reduzir o número de plantas acamadas. As combinações híbridas mais promissora foram 2x6 e 6x10, pois ambos genitores apresentaram valores de \hat{g}_i negativos (Quadro 16). Já para a característica NPQ, o híbrido 1x5, com valor de \hat{s}_{ij} de - 7,5713 (Quadro 17), destacou-se como a melhor combinação, o que é ratificado quando se observam os valores de \hat{g}_i dos genitores e constata-se, no Quadro 16, que UNB2U-C1 (genitor 1) expressou valor negativo para \hat{g}_i . Todavia, o melhor híbrido é a combinação 6x10, vez que ambos genitores apresentam valores de \hat{g}_i negativos (Quadro 16).

Com o mesmo critério adotado para as características NESPD, NESPP, NPA e NPQ, foi interpretada a análise para EMP e, com base nos valores de \hat{s}_{ij} destacaram-se os híbridos 1x5, 2x8, 3x7, 4x9, 5x10 e 6x10, pois todos apresentaram valores de \hat{s}_{ij} negativos. Porém, o híbrido 1x5 foi o de melhor performance pois ambos os genitores apresentaram valores de \hat{g}_i negativos (Quadro 16). Ressalta-se que a combinação 4x9 não era esperada se destacar, pois ambos os genitores expressaram valores positivos de \hat{g}_i (Quadro 16), o que indica que o comportamento do híbrido foi melhor do que o suposto com base na CGC parental.

Os resultados de \hat{s}_{ij} denotam que para a característica PG, os efeitos positivos de CEC, de interesse para aumentar a produção, estiveram presentes em quase todas as combinações híbridas. Somente as combinações 1x5, 3x7 e 6x10, revelaram valores negativos de \hat{s}_{ij} , indicando que esses híbridos não contribuem para o aumento de produção. Já as combinações 5x9, 1x6, 2x7, 4x10, 4x8 e 2x8, exibiram os maiores valores de \hat{s}_{ij} . Sabendo-se que a melhor combinação deve ser aquela com maior valor de \hat{s}_{ij} , cujos genitores apresentem alto valor de \hat{g}_i destacaram-se como promissores os pares 1x6, 2x8, 4x8 e 4x10, em que há pelo menos um genitor com valor de \hat{g}_i elevado (Quadro 16). As combinações 2x7 e 5x9, apesar de revelarem valores positivos elevados de \hat{s}_{ij} , não eram esperadas se destacarem, já que para PG os quatro genitores apresentaram valores negativos de \hat{g}_i (Quadro 16).

As combinações híbridas com valores positivos de \hat{s}_{ij} para capacidade de expansão foram 2x7, 1x5, 4x9, 2x8, 4x8 e 4x10. Destas, as mais promissoras são 1x5, 2x7, 2x8, 4x8 e 4x10, vez que pelo menos um dos genitores teve valor positivo e elevado para \hat{g}_i . Isto demonstra que o desejável efeito de acumulação gênica dos genitores 8 (UNB2U-C2), 1 (UNB2U-C1), 2 (Braskalb) e 4 (PA038-Maringá), traduziu-se em satisfatório efeito de complementação gênica nas combinações 1x5, 2x8 e 4x10. A combinação 4x9, apesar de revelar magnitude positiva de \hat{s}_{ij} , para CE, não era esperada destacar-se vez que os genitores que a compuseram expressaram valores de \hat{g}_i negativos, conforme Quadro 16. A justificativa para tanto é o preconizado por Griffing (1956), de que este híbrido é melhor do que seria esperado com base na CGC parental.

Com base no conjunto de características avaliadas, pode-se concluir que as combinações 2x8, 4x8, 1x5 e 4x10 destacam-se das demais, apresentando resultados satisfatórios para a maioria das características avaliadas sobretudo para PG, porém menos evidente para CE.

4.5. Análise do Dialelo Circulante para Itaocara

4.5.1. Análise de Variância para Capacidade Combinatória

A decomposição dos quadrados médios para genótipos em capacidades geral e específica de combinação, respectivamente, CGC e CEC, bem como as médias dos quadrados dos efeitos para as quatorze características avaliadas encontram-se no Quadro 18.

Verifica-se que os valores dos quadrados médios para a capacidade geral de combinação foram significativos pelo teste F em nível de 1 % de probabilidade, para P100G, ALTP, ALTE, CE e em nível de 5 % para as características FLOR e NPQ. Já para a capacidade específica houve significância em nível de 1 % de probabilidade para as características PESP, PG, ALTP, ALTE e CE. ALTP, ALTE, e CE, que apresentaram significância para a capacidade geral e específica de

Quadro 18 - Estimativas dos quadrados médios de genótipos de milho pipoca (genitores e F_{1s}), 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 circulante. Itaocara, RJ.

FV	GL	Quadrado médios ^{1/}				
		NESP	NESPD	NESPP	PESP	PG
Genótipos	24	116,1666 ^{n.s}	40,8066 ^{n.s}	11,6108 ^{n.s}	531200,5058 ^{**}	333607,3541 ^{**}
CGC	09	101,6545 ^{n.s}	36,4149 ^{n.s}	6,6867 ^{n.s}	291307,6519 ^{n.s}	169856,2266 ^{n.s}
CEC	15	124,8739 ^{n.s}	43,4421 ^{n.s}	14,5653 ^{n.s}	675136,1077 ^{**}	431858,0579 ^{**}
Resíduo	87	108,0359	26,5114	8,4531	191491,3945	97401,1087
Médias dos quadrados dos efeitos						
CGC		0,1838	0,4806	-0,1119	6815,1482	4747,5354
CEC		6,5404	3,6794	1,5216	123217,7068	84490,5995

Continua...

^{1/} NESP = número de espigas; NESPD = número de espigas doentes; NESPP = número de espigas com praga; PESP = peso espigas com grãos; e PG = produção de grãos.

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

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

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

Quadro 18 - continuação.

FV	GL	Quadrado médios ^{1/}				
		P100G	ALTP	ALTE	FLOR	CE
Genótipos	24	9,4541 **	400,3654 **	630,1434 **	16,4058 ^{n.s}	68,4579 **
CGC	09	15,7130 **	436,8849 **	1169,9913 **	30,1543 *	140,0855 **
CEC	15	5,6995 ^{n.s}	378,4549 **	306,2412 **	8,1574 ^{n.s}	25,4816 **
Resíduo	87	3,2903	215,7251	181,0689	10,2853	7,5488
Médias dos quadrados dos efeitos						
CGC		0,7612	15,0618	63,7107	1,1958	8,3049
CEC		0,5417	45,6398	38,9053	-0,7159	4,5686

Continua...

^{1/} P100G = peso de 100 grãos; ALTP = altura de Planta; ALTE = altura de inserção da primeira espiga; FLOR = número 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.

Quadro 18 - continuação.

FV	GL	Quadrado médios ^{1/}			
		NPA	NPQ	NPLANT	EMP
Genótipos	24	43,8808 ^{n.s}	100,1875 [*]	68,5725 ^{n.s}	3,3558 ^{n.s}
CGC	09	32,8230 ^{n.s}	130,2629 [*]	28,3609 ^{n.s}	4,2909 ^{n.s}
CEC	15	50,5153 ^{n.s}	82,1417 ^{n.s}	92,6988 ^{n.s}	2,7946 ^{n.s}
Resíduo	87	45,9605	69,9264	85,7271	2,2903
Médias dos quadrados dos efeitos					
CGC		-1,0210	4,5815	-3,4196	0,1273
CEC		0,3389	6,2957	2,4060	0,1352

^{1/} NPA = proporção de plantas acamadas; NPQ = proporção de plantas quebradas; NPLANT = estande final; e EMP = empalhamento.

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

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

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

combinação, possuem expressão de efeitos gênicos aditivos e não-aditivos no controle dessas características. Para PESP e PG, que exibiram significância apenas para capacidade específica de combinação, houve predominância dos efeitos gênicos de dominância. Já as características P100G e NPQ, que revelaram significância somente para capacidade geral de combinação, predominaram os efeitos gênicos aditivos (Quadro 18).

Apenas sete características exibiram quadrados médios da capacidade geral de combinação superiores aos da capacidade específica de combinação, a saber: P100G, ALTP, ALTE, FLOR, CE, NPQ e EMP.

Isso revela um comportamento mais homogêneo das populações no ambiente de Itaocara do que em Campos dos Goytacazes.

Com base na análise das médias dos quadrados dos efeitos (Quadro 18), constata-se que houve superioridade dos efeitos gênicos aditivos, em relação aos não aditivos, para as características P100G, ALTE, FLOR e CE, donde conclui-se que a melhor alternativa é a utilização dos genitores em programas de melhoramento intrapopulacionais para ganhos nessas características.

Por sua vez, para NESP, NESPD, NESPP, PESP, PG, ALTP, NPA, NPQ, NPLANT e EMP, as médias dos quadrados dos efeitos da CEC foram superiores ao da CGC. Tal superioridade resulta do predomínio dos efeitos gênicos não-aditivos, o que denota que a melhor estratégia na consecução de programas de melhoramento é a utilização em estratégias de cruzamentos, para aproveitamento do efeito de complementação alélica em relação a essas características.

À semelhança do que ocorreu no ambiente de Campos dos Goytacazes, as principais características para o melhoramento da espécie – PG e CE – revelaram proeminência dos efeitos de dominância e aditividade, respectivamente. Portanto, em programas de seleção recorrente intrapopulacional, a expectativa de maiores ganhos ocorre para CE, enquanto o contrário deverá ocorrer em estratégias interpopulacionais. Isto consubstancia os ganhos preditos de 10,39 % para CE e 4,69 % para PG por Daros *et al.* (2003) em programas de seleção recorrente intrapopulacional com famílias de irmãos completos para o ciclo C1 de UNB-2U.

4.5.2. Efeitos da Capacidade Geral de Combinação

As estimativas dos efeitos da capacidade geral de combinação (\hat{g}_i) dos genitores, para as 14 características avaliadas encontram-se no Quadro 19.

Venkovsky (1970) preconizou que altas estimativas de \hat{g}_i , em valores absolutos, ocorrem em geral para genótipos cujas freqüências dos alelos favoráveis são consistentemente maiores ou menores do que a freqüência média dos alelos favoráveis em todos os genótipos testados.

Segundo Cruz e Regazzi (2001), altas estimativas de \hat{g}_i , positivas ou negativas, evidenciam genitores muito superiores ou inferiores aos demais genitores inclusos no dialelo circulante em relação a média geral dos cruzamentos, enquanto baixas estimativas de \hat{g}_i , positivas ou negativas, indicam genitores em que as combinações não diferem muito da média geral dos cruzamentos dialélicos.

Ramalho *et al.* (1993) afirmaram que o conhecimento da capacidade geral de combinação dos genitores é uma informação relevante para os melhoristas, pois os híbridos provenientes de parentais que apresentam maiores valores de \hat{g}_i para a característica desejada são, potencialmente, superiores para a seleção de novas linhagens.

Considerando-se a característica NESP (Quadro 19), constatou-se que os genitores Viçosa-UENF, PA038-Maringá, Beija-Flor, UNB2U-C2, SE013-Maringá e VIÇOSA-Viçosa apresentaram valores positivos de \hat{g}_i sendo que PA038-Maringá, Viçosa-UENF e VIÇOSA-Viçosa revelaram as maiores magnitudes de \hat{g}_i respectivamente 2,6322; 1,8364; e 1,5883. Por conseguinte, esses genitores, sobretudo PA038-Maringá, Viçosa-UENF e VIÇOSA-Viçosa tendem a aumentar a contribuição genética para número de espigas nos cruzamentos em que participem.

Quadro 19 - 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 circulante. Itaocara, RJ.

Genótipos	Características Avaliadas ^{1/}						
	NESP	NESPD	NESPP	PESP	PG	P100G	ALTP
UNB2U-C1	- 1,9512	- 0,7250	1,0787	99,0261	5,5345	0,2674	2,3424
Braskalb	- 0,7502	0,3401	-0,1820	- 134,9957	- 102,7437	- 0,3927	- 7,6759
Viçosa-UENF	1,8364	2,1520	0,1110	146,3767	116,1395	- 0,0431	2,4739
PA038-Maringá	2,6322	- 0,8095	- 0,2655	- 76,5209	- 27,5102	- 0,3637	1,4842
BRANCO-Viçosa	- 3,5883	- 0,6913	0,2729	- 160,9616	- 110,8597	- 0,7537	- 2,2423
ANGELA	- 0,6624	- 1,1022	- 0,7014	- 10,3488	13,4655	- 1,0218	2,5250
Beija-Flor	0,6593	- 0,9810	0,2274	- 62,4224	- 49,5972	0,9575	- 0,9734
UNB2U-C2	0,0045	- 0,3975	0,0980	108,6914	98,3377	1,5676	- 4,2437
SE 013-Maringá	0,2314	- 0,0358	- 0,2526	87,0436	76,2829	- 0,2593	5,8357
VIÇOSA-Viçosa	1,5883	2,2504	- 0,3865	4,1116	- 19,0493	0,0419	0,4741

Continua...

^{1/} NESP = número de espigas; NESPD = número de espigas doentes; NESPP = número de espigas com praga; PESP = peso de espigas com grãos ; PG = produção de grãos; P100G = peso de 100 grãos; e ALTP = altura de Planta.

Quadro 19 – continuação.

Genótipos	Características Avaliadas ^{1/}						
	ALTE	FLOR	CE	NPA	NPQ	NPLANT	EMP
UNB2U-C1	- 2,6652	- 1,1165	1,1144	- 1,6334	- 0,5441	- 2,4620	- 0,4278
Braskalb	- 8,3704	- 0,2208	- 0,4093	- 0,5257	0,0626	- 0,9931	- 0,4246
Viçosa-UENF	-0,6536	- 1,2265	- 1,5856	0,6742	1,1015	0,8534	0,3980
PA038-Maringá	6,7705	1,7252	- 2,5970	- 0,2834	- 1,0535	0,1638	- 0,2599
BRANCO-Viçosa	- 3,7923	- 1,0127	- 1,1694	0,8159	5,1954	0,1793	0,3060
ANGELA	3,1942	0,6119	4,9062	- 0,1938	- 2,6195	0,2620	- 0,2403
Beija-Flor	0,3424	0,7662	0,3914	0,8621	- 1,5171	1,5931	- 0,1207
UNB2U-C2	- 6,8655	- 1,0325	1,8374	- 0,1878	- 1,0515	0,1465	- 0,2162
SE 013-Maringá	13,2862	1,1519	- 2,0297	1,9061	- 1,1419	- 0,1638	0,5008
VIÇOSA-Viçosa	- 1,2463	0,3536	- 0,4585	- 1,4340	1,5682	0,4207	0,4849

^{1/} ALTE = altura de inserção da primeira espiga; FLOR = número de dias para florescimento; CE = capacidade de expansão dos grãos; NPA = proporção de plantas acamadas; NPQ = proporção de plantas quebradas; NPLANT = estande final; e EMP = empalhamento.

Para a característica NESPD (Quadro 19), destacaram-se os genitores ANGELA e Beija-Flor, por conterem as maiores magnitudes negativas de \hat{g}_i com valores respectivos de -1,1022 e - 0,9810, sendo, portanto, de interesse em programas de melhoramento que intencionem a redução do número de espigas atacadas por doenças, ao passo que Viçosa-UENF e VIÇOSA-Viçosa são menos viáveis para tal finalidade, vez que acusaram as maiores magnitudes positivas de \hat{g}_i , respectivamente, 2,1520 e 2,2504.

Com relação a NESPP (Quadro 19), os genitores ANGELA e VIÇOSA-Viçosa, por exibirem as maiores magnitudes negativas de \hat{g}_i , são promissores para a redução de espigas atacadas por pragas.

Quanto ao peso de espiga (PESP), apenas os genitores UNB2U-C1, Viçosa-UENF, UNB2U-C2, SE013-Maringá e VIÇOSA-Viçosa, apresentaram efeitos para capacidade geral de combinação positivos, denotando sê-los de interesse em contribuir para aumento da produção, o que é ratificado pelo fato de que, à exceção de VIÇOSA-Viçosa, os demais contiveram estimativas positivas de \hat{g}_i para produção de grãos (Quadro 19). Há que se destacar que o genitor UNB2U-C2, revelou valor positivo para produção de grãos, caracterizando que progressos na produtividade poderão ser obtidos nos ciclos de seleção recorrente implementados a partir deste material na Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro.

Nota-se no Quadro 19 que para a característica ALTP, os genitores UNB2U-C1, Viçosa-UENF, PA038-Maringá, ANGELA, SE013-Maringá e VIÇOSA-Viçosa, apresentam estimativas de \hat{g}_i positivas, o que implica que tais genitores são de interesse quando se intenciona aumentos na estatura das plantas. O genitor Braskalb apresentou a maior magnitude negativa de \hat{g}_i , sendo, portanto, viável para contribuir na redução na altura das plantas.

Em alusão a ALTE, os genitores PA038-Maringá, ANGELA, Beija-Flor e SE013-Maringá revelaram estimativas de \hat{g}_i positivas; o que indica que tendem a contribuir para inserções mais altas das espigas nas plantas; enquanto Braskalb tende a proporcionar uma situação inversa, por revelar a maior estimativa negativa de \hat{g}_i para ALTE (Quadro 19).

Para a característica FLOR, os genitores UNB2U-C1, Viçosa-UENF e UNB2U-C2, apresentaram as maiores estimativas de \hat{g}_i negativas; assim, são desejáveis para serem incluídos em programas que objetivem a redução do período de florescimento. Considerando-se que não houve estimativas de \hat{g}_i suficientemente próximas de zero, depreende-se que não há, dentre os genitores utilizados, material de interesse para contribuir para o sincronismo no florescimento.

No que se refere à característica CE, os genitores UNB2U-C1, UNB2U-C2, Beija-Flor e ANGELA registraram valores positivos para as estimativas de \hat{g}_i . Dentre estes, destacam-se ANGELA, UNB2U-C2, UNB2U-C1 e Beija-Flor, por apresentarem as magnitudes mais elevadas de \hat{g}_i , com valores respectivos de 4,9061; 1,8374; 1,1145; e 0,3914. Por conseguinte, tais genitores são promissores para obtenção de populações com maior expressividade para a capacidade de expansão. Já, PA038-Maringá, SE013-Maringá, Viçosa-UENF, BRANCO-Viçosa e VIÇOSA-Viçosa, nesta ordem hierárquica decrescente, revelaram os maiores valores negativos das estimativas de \hat{g}_i ; logo, não são viáveis quando o intento do programa de melhoramento é gerar populações com superioridade para capacidade de expansão.

Em relação a NPA, os genitores que apresentaram \hat{g}_i negativos foram: UNB2U-C1, Braskalb, PA038-Maringá, ANGELA, UNB2U-C2 e VIÇOSA-Viçosa, portanto, tendem a contribuir para a redução da ocorrência de plantas quebradas. Os genitores UNB2U-C1 e ANGELA, apesar de apresentarem um dos maiores \hat{g}_i para altura de planta, fazem parte do grupo que revelou efeitos de \hat{g}_i negativos para NPQ, o que indica que, apesar de proporcionarem maior porte, possuem resistência ao quebramento do colmo.

Para a característica espiga mal empalhada, os genitores UNB2U-C1, Braskalb, PA038-Maringá, ANGELA, Beija-Flor e UNB2U-C2 apresentaram valores negativos de \hat{g}_i indicando que tendem a contribuir para a redução da ocorrência de espigas mal empalhadas.

Em decorrência dos resultados das estimativas de \hat{g}_i , os genitores UNB2U-C1, UNB2U-C2, ANGELA, Viçosa-UENF e VIÇOSA-Viçosa são os preferidos para

a inclusão em programas de melhoramento genético intrapopulacionais, em decorrência das estimativas de \hat{g}_i mais adequadas para a maioria das características avaliadas, sobretudo por reunirem efeitos desejáveis para produção e capacidade de expansão, que são as características mais importantes para o melhoramento do milho pipoca.

4.5.3. Efeitos da Capacidade Específica de Combinação

No Quadro 20 encontram-se as estimativas dos efeitos da capacidade específica de combinação (\hat{s}_{ij}) referentes aos 15 híbridos simples resultantes dos cruzamentos de um dialelo circulante entre 10 genitores.

Segundo Cruz e Regazzi (2001), as estimativas da capacidade específica de combinação (\hat{s}_{ij}), são medidas dos efeitos gênicos não-aditivos e dependem de genes que apresentem efeitos de dominância e, ou de epistasia. Para Griffing (1953) a melhor combinação híbrida, deve ser aquela com maior \hat{s}_{ij} , cujos genitores apresentam alta CGC.

Os efeitos da CEC (\hat{s}_{ij}) são interpretados como os desvios das combinações híbridas em relação ao que seria esperado com base na CGC de seus genitores. Assim, baixos valores de \hat{s}_{ij} indicam que os híbridos envolvendo os genitores em questão se comportam como o que seria esperado com base na capacidade geral de combinação, enquanto altos valores (positivos ou negativos) de \hat{s}_{ij} indicam que o comportamento de um cruzamento particular é relativamente melhor ou pior do que o esperado, com base na capacidade geral de combinação.

Para a característica NESP (Quadro 20), nota-se que os efeitos positivos de CEC, de interesse para aumentar o número de espigas, estiveram presentes em quase todas as combinações híbridas; as exceções são os pares 1x5, 2x8 e 4x9, que não são interessantes para contribuir com o aumento do número de espigas. As combinações com maiores magnitudes positivas de \hat{s}_{ij} , foram, hierarquicamente: 5x9, 2x6, 2x7, 1x6 e 6x10, com valores respectivos de 7,9570; 6,5126; 6,4409; 5,9636 e 5,6741. Com base na premissa de Griffing (1956), a

Quadro 20 – Estimativas dos efeitos da capacidade específica de combinação ($\hat{\sigma}_{ij}$) para 14 características avaliadas em dialelo circulante em milho pipoca. Itaocara, RJ.

Efeitos ($\hat{\sigma}_{ij}$) ^{1/}	Características avaliadas ^{2/}													
	NESP	NESPD	NESPP	PESP	PG	P100G	ALTP	ALTE	FLOR	CE	NPA	NPQ	NPLANT	EMP
1x5	- 2,3604	- 2,5036	2,1184	- 26,8745	77,1752	- 0,7949	- 4,7326	- 6,4748	2,8892	-0,0191	- 2,8724	-1,4513	0,7928	- 0,2381
1x6	5,9636	- 0,5927	0,5928	251,2627	354,0999	- 0,4868	9,8697	9,0385	-0,9855	0,8953	- 1,3627	-0,3863	4,9600	- 0,1918
1x7	1,8919	3,5361	0,1638	- 121,1636	- 57,8373	0,0339	8,4983	3,1403	-0,8897	-1,7500	- 0,9187	9,7612	- 1,3790	0,4386
2x6	6,5126	4,3421	- 0,1465	146,7845	67,3782	1,5034	2,3881	1,6138	0,6189	-3,9109	- 3,2204	3,7569	- 3,2590	1,0550
2x7	6,4409	0,4709	0,6745	532,3582	417,9409	1,2241	8,3866	9,5956	-1,7854	6,3538	- 3,0264	1,6545	6,4100	0,1854
2x8	- 5,1543	- 3,1126	1,8039	- 31,5057	- 22,4940	- 0,7361	- 5,2131	- 7,3264	0,7634	-0,5921	- 0,0236	-4,5610	- 8,6434	- 1,2191
3x7	4,3957	- 2,5910	- 0,3684	- 87,7643	- 57,1923	0,0744	- 17,0132	- 16,5012	0,2202	-1,8899	- 1,2264	-1,3844	2,0634	0,6128
3x8	2,0091	6,0755	- 1,7391	101,3718	29,8727	0,5543	4,7570	6,4567	0,2691	-0,5858	5,0736	0,1500	3,2600	1,4581
3x9	4,5322	- 4,5362	- 1,8883	598,5195	528,1776	1,6013	6,6775	6,0550	-0,9155	-0,8787	0,7296	-1,2596	- 1,4296	0,2411
4x8	2,9632	2,7871	1,8875	576,0195	404,7724	0,5149	3,7467	1,5326	-1,1827	0,1756	- 1,9687	4,8051	- 1,0503	0,6161
4x9	- 0,7636	0,6755	3,2382	140,4173	125,5773	0,1019	12,5472	13,5109	2,1327	0,2127	5,6873	-3,1045	- 2,7400	0,1491
4x10	0,1293	1,6391	- 1,1279	81,0993	33,4096	1,0107	9,4088	1,6634	-0,5689	-2,6084	- 1,9724	1,6853	- 4,5745	0,4150
5x9	7,9570	3,0572	- 0,8003	437,3579	267,6767	0,5219	- 0,8562	- 2,5562	0,3707	-2,4648	4,0879	1,8965	- 0,0055	- 0,6669
5x10	0,3500	- 2,9791	2,3336	116,2899	98,0090	1,9606	4,3854	5,7263	1,3309	-0,3660	2,4281	-7,5636	0,4100	- 0,1509
6x10	5,6741	- 0,3182	0,8080	323,1772	241,1839	- 1,1813	- 13,1320	- 11,0103	1,7944	2,4683	1,6879	-0,7847	6,8272	- 0,1046

^{1/}(1) UNB2U-C1, (2) BRASKALB, (3) VIÇOSA-UENF, (4) PA038-Maringá (5) BRANCO-Viçosa, (6) ANGELA, (7) BEIJA-FLOR, (8) UNB2U-C2, (9) SE013-Maringá, (10) VIÇOSA-Viçosa.

^{2/} NESP = número de espigas; NESPD = número de espigas doentes; NESPP = número de espigas com praga; PESP = peso espigas com grãos; PG = peso de grão; P100G = peso de 100 grãos; ALTP = altura de planta; ALTE = altura de inserção da primeira espiga; FLOR = número de dias para florescimento; CE = capacidade de expansão dos grãos; NPA = proporção de plantas acamadas; NPQ = proporção de plantas quebradas; NPLANT = estande final; e EMP = empalhamento.

melhor combinação deve ser aquela com maior valor de \hat{s}_{ij} , cujos os genitores apresentem alto valor de \hat{g}_i . Por conseguinte, conclui-se que a melhor combinação híbrida para NESP foi 6x10.

Em relação a NESPD, os híbridos superiores, por apresentarem valores negativos para estimativa de \hat{s}_{ij} foram: 1x5, 1x6, 2x8, 3x7, 3x9, 5x10 e 6x10, sendo que destacaram-se as combinações 1x5 e 1x6, pois ambos os genitores apresentaram valores de \hat{g}_i negativos, conforme o Quadro 19.

Para NESPP, os híbridos que apresentaram valores negativos de \hat{s}_{ij} foram: 2x6 (-0,1485), 3x7 (-0,3684), 3x8 (-1,7391), 3x9 (-1,8993), 4x10 (-1,1279) e 5x9 (-0,8003); logo, esses híbridos são de interesse quando se deseja reduzir o número de espigas com pragas. Detecta-se que as melhores combinações híbridas foram 2x6 e 4x10 pois ambos genitores apresentam valores de \hat{g}_i negativos (Quadro 19).

Com relação a característica NPA, nove híbridos acusaram valores negativos de \hat{s}_{ij} (Quadro 20), sendo que os pares 2x6 e 2x7 contiveram as maiores magnitudes negativas de \hat{s}_{ij} ; isto posto, tais híbridos são de interesse quando se deseja reduzir o número de plantas acamadas. Já para a característica NPQ, o híbrido 5x10, com valor de \hat{s}_{ij} de - 7,5636, foi a melhor combinação.

Em referência à característica EMP, as combinações 1x5, 1x6, 2x8, 5x9, 5x10 e 6x10, ao revelarem magnitudes negativas das estimativas de \hat{s}_{ij} (Quadro 20) são promissoras para a redução do número de espigas mal empalhadas. As combinações superiores, todavia, foram 1x6 e 2x8, vez que ambos os genitores apresentaram valores de \hat{g}_i negativos (Quadro 19). Ressalta-se que não se esperava destaque para os pares 5x9, já que ambos os genitores apresentaram valores positivos de \hat{g}_i (Quadro 19), o que pressupõe que o comportamento desse híbrido foi melhor do que o suposto com base na CGC parental.

A análise da característica PG revelou que apenas os pares 1x7, 2x8 e 3x7 expressaram estimativas de \hat{s}_{ij} com valores negativos. As maiores magnitudes positivas de \hat{s}_{ij} foram registradas pelos híbridos 3x9, 2x7, 4x8, 1x6, 5x9 e 6x10, com valores respectivos de 528,1776; 417,9409; 404,7724; 354,0999; 267,6767; e 241,1839 (Quadro 20). Dentre estes, destacam-se 3x9, 4x8, 5x9, 1x6, 5x9 e 6x10,

por apresentarem pelo menos um genitor com elevado valor positivo para a estimativa de \hat{g}_i , o que pode ser constatado observando-se os resultados expressos no Quadro 19. É conveniente enfatizar que a combinação 2x7 não era esperada destacar-se, já que ambos os genitores que a constituíram detiveram valores negativos e em elevada magnitude para \hat{g}_i (Quadro 19), o que favorece o argumento de que o híbrido 2x7 foi melhor do que se esperaria com base na capacidade geral de combinação.

Os resultados de \hat{s}_{ij} para CE expressaram que os efeitos positivos em ordem decrescente, foram manifestados nos híbridos 2x7, 6x10, 1x6, 4x9, e 4x8, com valores respectivos de 6,3538; 2,4683; 0,8953; 0,2127; e 0,1756 (Quadro 20). Contudo, as combinações mais promissoras são 1x6, 4x8, 2x7, 6x10 e 4x10, por apresentarem pelo menos um dos genitores com valor positivo da estimativa de \hat{g}_i (Quadro 19). A combinação 4x9, por advir de genitores com valores de \hat{g}_i negativos para CE (Quadro 19), sobressaiu-se porque foi melhor do que o suposto com base na capacidade geral de combinação dos parentais.

Utilizando-se o conjunto de características avaliadas, conclui-se que as combinações 2x7, 4x8, 1x6 e 6x10 são as de melhor potencial para serem utilizadas em plantios experimentais pelos agricultores de Itaocara.

4.6. Análise Dialélica Conjunta

4.6.1. Análise de Variância para Capacidade Combinatória

O Quadro 21 contém a análise conjunta dos quadrados médios atribuídos aos efeitos dos genótipos, desdobrados em quadrados médios da capacidade geral (CGC) e da capacidade específica de combinação (CEC), os quadrados médios de ambientes, bem como do desdobramento em interações das capacidades de combinação com o ambiente, além das médias dos quadrados dos efeitos da CGC e CEC e suas interações com o ambiente, para as 14 características avaliadas.

Quadro 21 - Estimativas dos quadrados médios de genótipos de milho pipoca (genitores e F_{1s}), 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.

FV	GL	Quadrado médios ^{1/}				
		NESP	NESPD	NESPP	PESP	PG
Genótipos	24	297,5833 **	46,4591 **	16,8029 n.s	863581,6112 **	447100,5208 **
CGC	09	313,5365 **	24,4426 n.s	8,8538 n.s	850830,5191 **	394095,9586 **
CEC	15	288,0111 **	59,6690 **	21,5723 *	871232,2661 **	478903,2581 **
Ambientes	01	1458,0000 **	1812,0200 **	2332,4450 **	3312995,4050 **	3201715,1250 **
G x A	24	191,1250 **	34,8533 n.s	8,2470 n.s	192059,4779 n.s	146759,3958 **
CGC X A	09	200,6755 *	35,3909 n.s	5,6978 n.s	287605,6255 *	215607,3195 *
CEC X A	15	185,3946 *	34,5307 n.s	9,7766 n.s	134731,7893 n.s	105450,6415 n.s
Resíduo	174	94,4407	25,7591	12,2202	136394,1263	71789,8982
Médias dos quadrados dos efeitos						
CGC		7,3510	- 0,0430	- 0,1028	22670,9463	10201,8519
CEC		26,2136	4,2312	1,1786	93234,0036	51408,3203
CGC _{ga}		7,6483	0,5982	- 0,4028	10140,3367	9248,1638
CEC _{sa}		26,7731	2,1779	- 0,5917	2342,8879	9453,4859

Continua...

^{1/} NESP = número de espigas; NESPD = número de espigas doentes; NESPP = número de espigas com praga; PESP = peso de espigas com grãos; e PG = produção de grãos.

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

** = Significativo em nível de 0,01; e * = Significativo em nível de 0,05.

Quadro 21 - continuação.

FV	GL	Quadrado médios ^{1/}				
		P100G	ALTP	ALTE	FLOR	CE
Genótipos	24	15,3653 **	478,2979 **	637,5512 **	35,8612 n.s	130,4637 **
CGC	09	28,1381 **	522,6936 *	1145,4656 **	78,3613 **	269,3797 **
CEC	15	7,7016 *	451,6604 *	332,8025 *	10,3611 n.s	47,1158 **
Ambientes	01	69,7616 **	10906,4634 **	3043,2481 **	2073,6800 **	5,3007 n.s
G x A	24	2,4841 n.s	151,0142 n.s	191,1690 n.s	10,3779 n.s	8,3604 n.s
CGC X A	09	2,2188 n.s	127,7921 n.s	279,0242 n.s	10,4331 n.s	9,2963 n.s
CEC X A	15	2,6434 n.s	164,9474 n.s	138,4559 n.s	10,3388 n.s	7,7988 n.s
Resíduo	174	3,9332	262,6016	173,0039	23,3280	8,9452
Médias dos quadrados dos efeitos						
CGC		0,7729	12,1631	32,5307	2,1752	8,1807
CEC		0,5371	39,7727	28,5401	0,2009	4,9400
CGC _{ga}		- 0,0741	- 0,3553	10,9089	0,1049	0,1063
CEC _{sa}		- 0,1902	7,8672	8,4936	0,3963	0,0509

Continua...

^{1/} P100G = Peso de 100 grãos; ALT P = altura de Planta; ALT E = altura de inserção da primeira espiga; FLOR = número 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.

Quadro 21 - continuação.

FV	GL	Quadrado médios ^{1/}			
		NPA	NPQ	NPLANT	EMP
Genótipos	24	31,5825 ^{n.s}	125,3383 ^{**}	42,4054 ^{n.s}	4,5945 [*]
CGC	09	30,5571 ^{n.s}	234,2969 ^{**}	37,8808 ^{n.s}	5,0419 [*]
CEC	15	32,1977 ^{n.s}	59,9631 ^{n.s}	45,1201 ^{n.s}	4,3261 [*]
Ambientes	01	666,1250 ^{**}	61,6050 ^{n.s}	2478,0800 ^{**}	7,6050 ^{n.s}
G x A	24	27,4791 ^{n.s}	79,2091 ^{n.s}	53,4862 ^{n.s}	1,4270 ^{n.s}
CGC X A	09	21,7991 ^{n.s}	105,8354 [*]	24,5521 ^{n.s}	1,6075 ^{n.s}
CEC X A	15	30,8871 ^{n.s}	63,2333 ^{n.s}	70,8467 ^{n.s}	1,3201 ^{n.s}
Resíduo	174	30,9635	52,2102	64,6250	2,6202
Médias dos quadrados dos efeitos					
CGC		0,0223	5,8844	- 0,3953	0,0834
CEC		0,2943	1,7462	- 0,6693	0,2442
CGC _{ga}		- 0,5027	3,7401	- 1,6201	- 0,0477
CEC _{sa}		0,2611	4,3100	5,0930	-0,2629

^{1/} NPA = proporção de plantas acamadas; NPQ = proporção de plantas quebradas; NPLANT = estande final; e EMP = empalhamento.

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

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

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

Verifica-se que houve significância em 1 % de probabilidade pelo teste F entre os genótipos para as principais características de interesse para o melhoramento da espécie, como NESP, PESP, PG, P100G, ALTP, ALTE e CE. Todavia, as características NPQ, NESPD e EMP, consideradas indesejáveis ao melhoramento do milho pipoca, também exibiram significância, que foi de 1 % para NPQ e NESPD e 5 % para EMP.

De qualquer forma, isso denota que houve suficiente variabilidade genética entre os constituintes do dialelo quando avaliados nos dois ambientes.

Embora a característica espigas mal empalhadas (EMP) não tenha revelado significância nos ambientes particulares (Quadro 15 e 18) e tampouco na interação $G \times A$ da ANOVA conjunta, a detecção de variabilidade genética com base no Quadro 21 pode ser explicada pela influência dos próprios genótipos, quando analisados nos dois ambientes, vez que a capacidade geral e específica de combinação, oriunda dos efeitos destes foram significativas (Quadro 21).

Há que se destacar que para EMP, provavelmente, os híbridos foram os principais responsáveis pela detecção de significância para genótipos, vez que a média dos quadrados dos efeitos da interação CEC_{sa} foi superior a CGC_{ga} , além do que, ambas as magnitudes destes efeitos foram negativas, conforme Quadro 21.

Pode-se constatar, no quadro 21, que os valores dos quadrados médios referentes a CGC e CEC das características NESP, PESP, PG, P100G, ALTP, ALTE e CE foram significativas, em 1 % de probabilidade, pelo teste F. A ocorrência de significância retrata a existência de diferenças reais quanto aos efeitos da CGC e CEC, entre os genótipos, e indica que ambos os efeitos gênicos aditivos e não aditivos estão envolvidos no controle das características avaliadas. Em decorrência da variabilidade aditiva e não aditiva para a maioria das características avaliadas, é possível antever a possibilidade de obtenção de novas variedades ou híbridos, a partir de combinações híbridas obtidas com os genitores utilizados, tendo em vista a ocorrência de variabilidade aditiva e não aditiva para as diversas características avaliadas.

As características FLOR e NPQ, que apresentaram significância apenas para a capacidade geral de combinação devem predominar apenas os efeitos gênicos aditivos. Para as características NESPD e NESPP, que apresentaram apenas significância para a capacidade específica de combinação devem predominar os efeitos gênicos de dominância.

O efeito de ambiente foi significativo em 1 % de probabilidade para onze características avaliadas (NESP, NESPD, NESPP, PESP, PG, P100G, ALTP, ALTE, FLOR, NPA e NPLANT); sendo que as características CE, NPQ e EMP não revelaram significância em nível de 5 % pelo teste F. Em alusão às principais características para o melhoramento da cultura – PG e CE -, tais resultados corroboram a maior influência do ambiente para produção de grãos, por se tratar de uma característica quantitativa. A ausência de significância para capacidade de expansão ratifica sê-la pouco influenciada pelo ambiente, concordando com o preconizado por Alexander e Creech (1977).

Os quadrados médios da fonte de variação genótipos x ambientes foram significativos pelo teste F em 1 % de probabilidade para as características NESP e PG, denotando um reduzido comportamento diferencial dos genótipos nos ambientes, o que é de fundamental importância no aproveitamento dos componentes do dialelo em futuros programas de melhoramento em ambos os ambientes.

Por uma análise superficial, pode-se inferir que a significância da interação G X A para NESP é igualmente atribuída aos efeitos de genitores e F_1 's, vez que ambas as interações CGC X A e CEC X A foram significativas, em 1 % de probabilidade pelo teste F, conforme Quadro 21. Todavia, por uma análise mais acurada, com base na média dos quadrados dos efeitos (Quadro 21), percebe-se uma maior influência da CEC na expressão do número de espigas por planta, com valores de 26,2136 para CEC e 7,3510 para CGC. Tal percepção torna-se ainda mais evidente quando se comparam as magnitudes das médias dos quadrados dos efeitos entre CGC_{ga} e CEC_{sa} , constatando-se a superioridade deste último na expressão da variabilidade em relação aos híbridos, quando avaliados em ambos os ambientes.

Em relação a PG, pode-se aventar que a elevada significância para G X A, advém do efeito significativo, em 5 %, da interação CGC X A, o que pressupõe que os genitores revelaram diferenciações superiores aos híbridos nos ambientes avaliados. Porém, essa assertiva não é verdadeira, posto que a média dos quadrados dos efeitos para CGC_{ga} e CEC_{sa} se equivaleram, com valores respectivos de 9248,1638 e 9453,4859 (Quadro 21).

Considerando-se a média dos quadrados dos efeitos (Quadro 21), nota-se que os efeitos gênicos aditivos foram predominantes para as características P100G, ALTE, FLOR, CE e NPQ, expressas pela comparação entre as magnitudes das médias dos quadrados dos efeitos de CGC e CEC. Isso indica que a melhor opção a ser adotada é a respectiva utilização em programas de melhoramento intrapopulacionais. Já para as características NESP, NESPD, NESPP, PESP, PG, ALTP, NPA, NPLANT e EMP, nota-se que os efeitos gênicos de dominância foram predominantes, o que indica que a estratégia de melhoramento interpopulacional poderá proporcionar maiores ganhos para essas características do que a praticada de forma intrapopulacional.

4.6.2. Efeitos Médios da Capacidade Geral de Combinação

No Quadro 22, há as estimativas dos efeitos médios da capacidade geral de combinação (\hat{g}_i) de cada genitor, para as 14 características avaliadas.

De acordo com Venkovsky (1970) elevadas estimativas de \hat{g}_i , em valores absolutos, ocorrem, normalmente, em cultivares cujas freqüências dos alelos favoráveis são consistentemente maiores ou menores do que a freqüência médias dos alelos favoráveis em todas as cultivares testadas. Para Cruz e Regazzi (2001), altas estimativas de \hat{g}_i , positivas ou negativas, evidenciam genitores muito superiores ou inferiores aos demais genitores inclusos no dialelo circulante em relação à média geral dos cruzamentos, enquanto baixas estimativas de \hat{g}_i , positivas ou negativas, indicam genitores em que as combinações não diferem muito da média geral dos cruzamentos dialélicos.

Quadro 22 - 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 circulante em dois ambientes.

Genótipos	Características Avaliadas ^{1/}						
	NESP	NESPD	NESPP	PESP	PG	P100G	ALTP
UNB2U-C1	1,5950	0,5970	0,6716	196,7142	106,5402	0,7203	3,0710
Braskalb	- 3,5917	- 0,1606	- 0,3269	- 214,5693	- 137,3909	- 0,4588	- 6,5840
Viçosa-UENF	0,5635	0,5552	0,2011	71,6720	63,3525	0,1388	1,4873
PA038-Maringá	2,2752	- 0,0604	- 0,6842	-76,8096	- 33,8799	- 0,5255	0,6197
BRANCO-Viçosa	- 3,5392	- 0,6402	0,1297	-140,9411	- 101,0302	- 0,7924	- 2,8644
ANGELA	- 0,7950	- 0,7219	- 0,4102	-15,9097	- 23,2334	- 0,9103	0,2989
Beija-Flor	- 0,2059	- 0,7166	- 0,0208	- 55,1738	- 42,1431	0,7423	0,5320
UNB2U-C2	0,7683	- 0,5870	0,4942	188,1688	143,9883	1,3417	- 2,1940
SE 013-Maringá	- 1,2570	0,1422	- 0,2316	- 29,8494	- 32,8131	- 0,2841	3,6995
VIÇOSA-Viçosa	4,1870	1,5925	0,1771	76,6979	56,6098	0,0279	1,9343

Continua...

^{1/} NESP = número de espigas; NESPD = número de espigas doentes; NESPP = número de espigas com praga; PESP = peso de espigas com grãos ; PG = produção de grãos; P100G = peso de 100 grãos; e ALTP = altura de Planta.

Quadro 22 – continuação.

Genótipos	Características Avaliadas ^{1/}						
	ALTE	FLOR	CE	NPA	NPQ	NPLANT	EMP
UNB2U-C1	- 1,6655	- 1,5077	1,7886	- 0,4244	- 0,3967	- 0,7104	-0,2347
Braskalb	-5,8660	0,1886	- 0,3584	- 0,5281	3,2554	- 1,3476	-0,1912
Viçosa-UENF	- 0,2663	- 0,6743	- 2,3996	0,9077	1,0114	0,6584	0,4763
PA038-Maringá	5,8524	1,6017	- 2,5752	- 0,0164	- 0,9254	0,641	0,0239
BRANCO-Viçosa	- 4,3389	- 1,1923	- 1,2818	- 0,0566	3,7880	- 0,6398	0,0787
ANGELA	1,4184	0,7509	4,2823	- 0,5073	- 3,0260	- 0,3623	-0,2175
Beija-Flor	0,3114	0,0204	0,4433	0,8349	- 0,3350	1,5499	-0,2429
UNB2U-C2	- 4,4104	- 1,4415	1,8274	0,1695	- 1,9023	0,1961	-0,3512
SE 013-Maringá	8,3456	1,7914	- 1,6891	0,8164	- 2,1927	- 0,4049	0,3601
VIÇOSA-Viçosa	0,6192	0,4628	- 0,0373	- 1,1956	0,7233	0,4194	0,2985

^{1/} ALTE = altura de inserção da primeira espiga; FLOR = número de dias para florescimento; CE = capacidade de expansão dos grãos; NPA = proporção de plantas acamadas; NPQ = proporção de plantas quebradas; NPLANT = estande final; e EMP = empalhamento.

(2001), altas estimativas de \hat{g}_i , positivas ou negativas, evidenciam genitores muito superiores ou inferiores aos demais genitores inclusos no dialelo circulante em relação à média geral dos cruzamentos, enquanto baixas estimativas de \hat{g}_i , positivas ou negativas, indicam genitores em que as combinações não diferem muito da média geral dos cruzamentos dialélicos.

Analisando a característica NESP (Quadro 22), pode-se notar que apenas os genitores UNB2U-C1, Viçosa-UENF, PA038-Maringá, UNB2U-C2 e VIÇOSA-Viçosa apresentaram efeitos médios da capacidade geral de combinação positivos, sendo que a variedade VIÇOSA-Viçosa revelou o maior efeito médio de \hat{g}_i , com valor de 4,1870 seguida por PA038-Maringá, com magnitude de 2,2752 o que permite pressupor que nos cruzamentos em que esses dois genitores participem, haverá contribuição para o aumento do número médio de espigas em programas de melhoramento.

Para a característica NESPD, os valores médios negativos de \hat{g}_i caracterizam os melhores resultados, vez que indicam genitores que contribuem para a redução de espigas doentes. O genitor ANGELA (-0,7219), seguido por Beija-Flor (-0,7166), apresentaram os maiores valores médios negativos de \hat{g}_i ; portanto, são materiais desejáveis em programas que intencionem a redução do número de espigas atacadas por doenças.

Averiguando-se a característica NESPP pode-se destacar os genitores PA038-Maringá e Braskalb, por revelarem os maiores valores negativos de \hat{g}_i , respectivamente, - 0,6842 e - 0,3269, já que para esta característica os valores negativos indicam genitores que contribuem para a redução de espigas atacadas por pragas.

Em relação à característica produção de grãos (PG), apenas os genitores UNB2U-C1, UNB2U-C2, Viçosa-UENF e VIÇOSA-Viçosa apresentaram efeitos médios positivos para capacidade geral de combinação, indicando que esses genitores contribuem para o aumento da produção. Este genitores também tiveram valores de \hat{g}_i positivos para P100G, o que implica que tais genótipos são

de interesse em programas de melhoramento que visem não apenas ganhos para produtividade, mas também para peso de espiga e densidade dos grãos.

Para a característica ALTP, verifica-se que os genitores UNB2U-C1, Viçosa-UENF, PA038-Maringá, ANGELA, Beija-Flor, SE013-Maringá e VIÇOSA-Viçosa, apresentaram magnitudes de \hat{g}_i positivas, o que indica que esses genitores contribuem para porte mais alto, produzindo aumento de tamanho nas plantas da população. Os genótipos Braskalb, BRANCO-Viçosa, UNB2U-C2, apresentaram \hat{g}_i negativos, portanto, contribuem para a redução no tamanho da população.

Referido-se à característica FLOR, os genitores UNB2U-C1, Viçosa-UENF, BRANCO-Viçosa e UNB2U-C2 apresentaram valores de \hat{g}_i negativos, favorecendo, assim, uma possível redução na época de florescimento nos programas em que participem. É importante salientar que para esta característica, os genitores usados apresentam baixos valores de \hat{g}_i , positivos ou negativos, indicando que, possivelmente, estes não diferem muito da média geral dos cruzamentos dialélicos, não contribuindo muito para afetar a época de florescimento.

Os efeitos médios de \hat{g}_i para a característica capacidade de expansão (CE) mostraram que os genitores UNB2U-C1, ANGELA, Beija-Flor e UNB2U-C2, apresentaram valores positivos para \hat{g}_i . O genitor ANGELA foi o que expressou a maior magnitude de \hat{g}_i indicando que esse genitor contribuirá para o aumento da capacidade de expansão em programas de melhoramento. Já os genitores Viçosa-UENF e PA038-Maringá, por expressarem os maiores valores negativos de \hat{g}_i , tenderão a contribuir para a redução da capacidade de expansão.

Em alusão a característica NPA, os genitores com valores de \hat{g}_i negativos foram: UNB2U-C1, Braskalb, PA038-Maringá, BRANCO-Viçosa, ANGELA e VIÇOSA-Viçosa, o que denota que esses genitores são os que tendem a proporcionar maior redução de ocorrência de plantas acamadas.

Quanto à característica NPQ, os genitores UNB2U-C1, PA038-Maringá, ANGELA, Beija-Flor, UNB2U-C2 e SE013-Maringá, revelaram estimativas médias

negativas de \hat{g}_i ; por conseguinte, são de interesse para a redução da ocorrência de plantas quebradas.

Com relação à característica espiga mal empalhada, os genitores UNB2U-C1, Braskalb, ANGELA, Beija-Flor e UNB2U-C2 apresentaram valores negativos de \hat{g}_i ; portanto, tratam-se de materiais que poderão contribuir para a redução da ocorrência de espigas mal empalhadas. Porém, é importante salientar que para esta característica, os genitores utilizados no dialelo expressam baixos valores de \hat{g}_i , positivos ou negativos, o que pressupõe que não diferem suficientemente da média geral dos cruzamentos dialélicos; assim, tendem a não afetar, de forma absoluta, o número de espigas mal empalhadas.

Diante do exposto, destacaram-se para maior produtividade os genitores UNB2U-C1, UNB2U-C2, Viçosa-UENF e VIÇOSA-Viçosa, por apresentarem valores de \hat{g}_i positivos para a característica produção de grãos, sendo que os genitores UNB2U-C1 e UNB2U-C2 expressaram as maiores magnitudes médias positivas de \hat{g}_i para capacidade de expansão. O genitor ANGELA, que apesar de apresentar magnitude média negativa de \hat{g}_i para produção revelou a maior magnitude média positiva de \hat{g}_i para capacidade de expansão. Conclui-se, pois, que os genitores UNB2U-C1, ANGELA, UNB2U-C2 e VIÇOSA-Viçosa poderão ser incluídos em programas de melhoramento intrapopulacionais para obtenção de gerações com superioridade genotípica para produtividade e capacidade de expansão.

4.7. Predição de Compostos

4.7.1. Predição de Compostos para Campos dos Goytacazes

Para obtenção de híbridos de milho pipoca que possam competir com os híbridos americanos é fundamental identificar genitores que quando cruzados expressem o máximo de heterose.

As análises de cruzamentos dialélicos de um conjunto fixo de populações têm sido constantemente usadas no melhoramento de plantas para a avaliação do potencial heterótico das populações e como metodologia para estudos básicos sobre estrutura genética das mesmas (VENCOVSKY e BARRIGA, 1992). Assim, a análise de cruzamentos dialélicos intervartais permite obter informações sobre o valor relativo das populações como tais e em cruzamentos, bem como sobre o potencial heterótico manifestado.

A partir dos 10 parentais foram obtidos compostos, cujos melhores resultados de predição de médias para produtividade e capacidade de expansão são apresentados nos Quadros 23, 24 e 25.

Quadro 23 - Composto Biparental **PG**

Composto Biparental	Valor Predito PG
UNB2U-C1 x ANGELA	965,3125
VIÇOSA-UENF x UNB2U-C2	936,8749
UNB2U-C1 x BEIJA-FLOR	902,8124

Quadro 24 - Composto Biparental **CE**

Composto Biparental	Valor Predito CE
UNB2U-C1 x ANGELA	24,7525
ANGELA x VIÇOSA-Viçosa	23,1899
UNB2U-C1 x BEIJA-FLOR	21,1925
UNB2U-C1 x BRANCO-Viçosa	21,0474
BRASKALB x BEIJA-FLOR	21,0450
BRASKALB x ANGELA	20,4800
BRASKALB x UNB2U-C2	20,0850

Quadro 25- Composto Triplo **CE**

Composto A x B x C	Valor Predito CE
UNB2U-C1 x ANGELA x VIÇOSA-Viçosa	18,0855
UNB2U-C1 x ANGELA x BEIJA-FLOR	17,8455
UNB2U-C1 x BRANCO-VIÇOSA x ANGELA	17,7811

Destacaram-se como compostos mais produtivos (Quadro 23) somente os compostos biparentais pois apenas estes apresentaram produtividade maior que 900 kg.ha⁻¹. Dentre eles pode-se destacar os híbridos resultantes dos seguintes cruzamentos: UNB2U-C1 x ANGELA, VIÇOSA-UENF x UNB2U-C2 e UNB2U-C1 x BEIJA-FLOR.

Quanto à característica que está relacionada diretamente com a qualidade do produto para o consumidor, capacidade de expansão (CE), houve a formação tanto de compostos biparentais com triplos (Quadros 24 e 25), sendo que os compostos biparentais apresentaram os melhores resultados, pode-se destacar os híbridos provenientes dos cruzamentos entre: UNB2U-C1 x ANGELA, ANGELA x VIÇOSA-Viçosa, UNB2U-C1 x BEIJA-FLOR, UNB2U-C1 x BRANCO-Viçosa, BRASKALB x BEIJA –FLOR, BRASKALB x UNB2U-C2 e BRASKALB x UNB2U-C2, estes híbridos apresentaram capacidade de expansão acima de 20 mL.g⁻¹. Para o composto triplo, a CE apresentou valores baixos, a melhor performance foi do híbrido resultante do cruzamento, UNB2U-C1 x ANGELA x VIÇOSA-Viçosa, esse híbrido triplo apresentou CE acima de 18 mL.g⁻¹.

Com base nos resultados de produtividade e capacidade de expansão dos experimentos de avaliação pode-se selecionar para comporem os compostos as populações parentais: UNB2U-C1, ANGELA, VIÇOSA-UENF, UNB2U-C2, BEIJA-FLOR e BRANCO-Viçosa. Sendo recomendado o uso de um composto biparental pois apresentou melhores resultados tanto para produtividade como para capacidade de expansão. Um composto biparental que pode ser indicado é o composto formado pelos genitores UNB2U-C1 e ANGELA, já que estes

apresentaram os maiores valores tanto para produtividade como para capacidade de expansão.

4.7.2. Predição de Compostos para Itaocara

A hibridação dos cultivares e linhagens é um dos métodos mais importantes para aumentar a variabilidade genética e a média dos cultivares e conseqüentemente pode produzir novos cultivares adaptados às diversas finalidades de uso. Diante do grande número de cultivares disponíveis com potencial para ser genitor, uma das dificuldades é a escolha daqueles mais promissores para programa de hibridação. Essa escolha permite que a maioria dos esforços dos melhoristas seja dedicada àquelas populações, potencialmente capazes de fornecer progênies superiores, traduzindo-se em maior eficiência do programa (RAMALHO, 1993).

O comportamento do genitor na combinação híbrida, segundo diversos autores citados por CRUZ (1983), é determinado pela capacidade combinação geral. Segundo GARDNER e EBERHART (1956), por meio de estudos utilizando cruzamentos dialélicos, o melhorista de plantas busca a tomada de decisões concernentes à seleção de genitores que mostrem características superiores.

Para avaliar as capacidades de combinação de uma série de genitores potenciais, comumente são utilizados esquemas de cruzamentos dialélicos, onde a partir do comportamento dos híbridos F_1 é possível estimar a capacidade de combinação dos genitores envolvidos. As metodologias de análise dialélica têm por estimar parâmetros para a seleção de genitores no início do programa de melhoramento e no entendimento dos efeitos genéticos envolvidos no controle genético das características (CRUZ e REGAZZI, 1997).

Nos Quadros 26, 27 e 28 encontram-se as predições dos melhores compostos referentes ao ambiente de Itaocara.

Quadro 26 - Composto Biparental **PG**

Composto Biparental	Valor Predito PG
VIÇOSA-UENF x SE013-Maringá	1280,6249
VIÇOSA-UENF x UNB2U-C2	1117,1874
PA038-Maringá x UNB2U-C2	1153,1249
UNB2U-C1 x ANGELA	1068,4375
ANGELA x VIÇOSA-Viçosa	987,5000

Quadro 27 - Composto Biparental **CE**

Composto Biparental	Valor Predito CE
UNB2U-C1 x ANGELA	25,5600
ANGELA x VIÇOSA-Viçosa	24,7274
BRASKALB x BEIJA -FLOR	21,5025
BRASKALB x ANGELA	21,2925
BRASKALB x UNB2U-C2	19,9399
VIÇOSA-UENF x UNB2U-C2	19,4175
UNB2U-C1 x BEIJA-FLOR	19,3150
UNB2U-C1 x BRANCO-Viçosa	19,3149
PA038-Maringá x UNB2U-C2	18,6449

Quadro 28 - Composto Triplo **CE**

Composto A x B x C	Valor Predito CE
UNB2U-C1 x ANGELA x VIÇOSA-Viçosa	19,1277

Em Itaocara houve um incremento na produção (Quadro 26), no entanto somente os compostos biparentais apresentaram produção superior a 1000 kg.ha⁻¹. Dentre os compostos mais promissores pode-se destacar os híbridos resultantes dos seguintes cruzamentos: VIÇOSA-UENF x SE013-Maringá,

VIÇOSA-UENF x UNB2U-C2, PA038-Maringá x UNB2U-C2, UNB2U-C1 x ANGELA e ANGELA x VIÇOSA-Viçosa.

Analisando-se à característica capacidade de expansão (CE), pode-se observar que houve a formação tanto de compostos biparentais com triplos (Quadros 27 e 28), como ocorreu em Campos dos Goytacazes, os compostos biparentais apresentaram os melhores resultados, pode-se destacar os híbridos provenientes dos cruzamentos entre: UNB2U-C1 x ANGELA, ANGELA x VIÇOSA-Viçosa, BRASKALB x BEIJA-FLOR, BRASKALB x ANGELA, BRASKALB x UNB2U-C2, VIÇOSA-UENF x UNB2U-C2, estes híbridos apresentaram capacidade de expansão acima de 19 mL.g^{-1} . Para o composto triplo, a CE apresentou valores baixos, a melhor performance foi do híbrido resultante do cruzamento, UNB2U-C1 x ANGELA x VIÇOSA-Viçosa, esse híbrido triplo foi o mesmo que apresentou a melhor performance em Campos dos Goytacazes, esse híbrido triplo apresentou CE acima de 19 mL.g^{-1} .

Avaliando os resultados obtidos de produtividade e capacidade de expansão pode-se selecionar para comporem os compostos as populações parentais: UNB2U-C1, ANGELA, VIÇOSA-UENF, UNB2U-C2, BEIJA-FLOR, BRANCO-Viçosa, PA038-Maringá e SE013-Maringá. Como ocorreu em Campos dos Goytacazes é recomendado o uso de um composto biparental pois apresentou melhores resultados tanto para produtividade como para capacidade de expansão. Um composto biparental que pode ser indicado é o composto formado pelos genitores UNB2U-C1 e ANGELA já que estes apresentaram os maiores valores tanto para produtividade como para capacidade de expansão, tanto no ambiente de Campos dos Goytacazes como no ambiente de Itaocara.

5. RESUMO E CONCLUSÕES

Com a finalidade de obter um conjunto de informações genéticas a respeito da herança de características e avaliar a capacidade combinatória, dez variedades divergentes de milho pipoca (UNB2U-C1, BEIJA-FLOR, SE013-Maringá, BRASKALB, VIÇOSA-UENFUNB2U-C2, PA038-Maringá, BRANCO-Viçosa, ANGELA, VIÇOSA-Viçosa), foram submetidas a sistema de cruzamento dialélico circulante, obtendo-se, no total, 15 combinações híbridas, as quais foram analisadas, juntamente com seus genitores, por meio do modelo proposto por Kempton e Curnow (1961).

Para a obtenção das populações híbridas, em março de 2003, no Colégio Estadual Agrícola Antonio Sarlo, em Campos dos Goytacazes – RJ, as dez populações a serem cruzadas foram cultivadas em fileiras, aos pares, cada qual contendo 6,00 m de distância, espaçada em 1,00 da outra fileira e com espaçamento entre plantas de 0,40 m.

Os cruzamentos foram realizados, manualmente, entre as plantas dos pares de fileiras. Para tanto, realizou-se cobertura dos pendões maduros com saco de papel 'Kraft', de determinada planta de uma fileira. Depois, o saco foi utilizado para encobrimento de espiga apta para polinização de planta da correspondente fileira-par, após corte de cerca de 0,05 m dos estiletos. Foram realizadas polinizações em aproximadamente 100 espigas por par de fileiras, para

a obtenção de suficiente quantidade de sementes para a continuidade do processo.

Foram avaliadas as seguintes características: altura da planta, altura de inserção da primeira espiga, proporção de plantas acamadas, proporção de plantas quebradas, estande final, número médio de espigas, produção de grãos, peso de espiga, proporção de espigas doentes, proporção de espigas atacadas por pragas, empalhamento, número de dias para florescimento, peso de 100 grãos e capacidade de expansão dos grãos.

Pelos resultados encontrados no presente trabalho, as seguintes conclusões foram possíveis:

- a) detectou-se suficiente variabilidade genética a ser explorada nos componentes do dialelo;
- b) a CGC foi significativa para quase todas as características avaliadas no ambiente de Campos dos Goytacazes, destacando-se os genitores UNB2U-C1, ANGELA, UNB2U-C2 e VIÇOSA-Viçosa;
- c) destacaram-se, para capacidade específica, em Campos dos Goytacazes, as combinações Braskalb x UNB2U-C2, PA038-Maringá x UNB2U-C2, UNB2U-C1 x BRANCO-Viçosa e PA038-Maringá x VIÇOSA-Viçosa;
- d) em Itaocara, destacaram-se para melhoramento intrapopulacional, os genitores UNB2U-C1, UNB2U-C2 ANGELA VIÇOSA-Viçosa e para capacidade específica de combinação, destacaram-se os híbridos, Braskalb x Beija-Flor, PA038-Maringá x UNB2U-C2, UNB2U-C1 x ANGELA, PA038-Maringá x VIÇOSA-Viçosa e ANGELA x VIÇOSA-Viçosa;
- e) a análise conjunta das médias dos quadrados dos efeitos revelou superioridade dos efeitos genéticos aditivos, para P100G, FLOR, ALTE, CE e NPQ, enquanto os efeitos de dominância foram superiores para NESP, NESPD, NESPP, PESP, PG, ALTP, NPA, NPLANT e EMP;
- f) o composto considerado superior foi a reunião de UNB2U-C1 com ANGELA, pois estes apresentaram os melhores resultados nos dois ambientes; e

- g) com a implementação de novos ciclos de seleção recorrente, antevê-se a possibilidade de lançamento da UNB2U, como nova variedade para os produtores do Norte e Noroeste Fluminense.

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, p. 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, p.78.

ANDRADE, R.A. (1996). Cruzamentos dialélicos entre seis variedades de milho pipoca. Viçosa. Tese de mestrado. Universidade Federal de Viçosa, 79p.

Bison, O.; Ramalho, M.A.P. (2000). Perspectivas para o melhoramento de milho no Brasil. Núcleo de Estudos de Genética, Universidade Federal de Lavras. Disponível em: <http://www.nucleoestudo.ufla.br/gen/permuta/edicoes/2000/semi00s/odairbison.htm>

- 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.
- 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.L. (2002). Correlações entre caracteres quantitativos em milho pipoca. Horticultura Brasileira, Brasília, 20, n. 4, p. 551 – 554.
- 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, 54p.
- COMSTOCK, R.E.; ROBINSON, H.F. (1948). The components of genetic variance in populations of biparental progenies and their use in estimating the average degree of dominance. Biometrics. 4: 254-266.
- CRUZ, C.D. (1983). Análise dialélica e correlações entre caracteres em combinações híbridas de linhagens endogâmicas de milho (*Zea mays* L.). Viçosa-MG, UFV, . 54p. (Tese M.S.).
- CRUZ, C.D. (2001). Programa GENES. UFV: Imprensa Universitária, 648 p.
- CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; Modelos Biométricos aplicados ao Melhoramento Genético. 2ª edição. Viçosa, MG. UFV. 390p. 1997.
- CRUZ, C.D.; REGAZZI, A.J. (2001). Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético. UFV: Imprensa Universitária, 390 p.

- DANTAS, A. C. V. L. (1988). Cruzamento dialélico parcial circulante para avaliação de linhagens de milho (*Zea mays* L.) e predição de híbridos. Piracicaba, ESALQ/USP,. 153p. (Tese M. S.).
- 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, UENF 91p.
- DAROS, M.; AMARAL JÚNIOR, A.T.; PEREIRA, M.G.; SANTOS, F.S.; GABRIEL, A.P.C., FREITAS JÚNIOR, S.P. (2004). Recurrent selection in inbred popcorn families. Scientia Agricola, São Paulo, ESALQ/USP.
- DHILLON, B .S. (1975). The application of partiall-diallel crosses in plant breeding a review. Crop .improv., 2: 1-8.
- DHILLON, B. S. & SING, J. (1978). Evaluation of extended triangular partial diallel Crosses. Z pflzucht., 80:311-19.
- 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. indurate (Sturt) Bailey mut. Everta (Sturt) Erwin. Agronomy Journal, 41 (2): 53-56.
- FALCONER, D. S. (1987). Introdução a genética quantitativa. Trad. de M.A e Silva e J.C. Silva. Viçosa-MG, UFV,. 279p.
- FANCELLI, A.L.; DOURADO NETO, D. 2000. Produção de milho. Guaíba: Agropecuária, 360 p.

FEDERER, W. J. Diallel cross designs and their relation to fractional replication. *Der Zuchter*, 37: 174-8, 1967.

FYFE, J. L. & GILBERT N. (1963). Partial diallel crosses. *Biometrics*, 19: 278-86.

GALINAT, W.C.(1977). The origin of corn. In: SPRAGUE, G.F. (Ed) *Corn and corn improvement*. New York, Academic Press, p.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, 47, n. 270, p. 201 – 218.

GAMA, E.E.G.; MAGNAVACA, R.; SILVA, J.B.; SANS, L.M.A.; VIANA, P.A.; PARENTONI, S.N.; PACHECO, C.A.P.; CORREA, L.A.; FERNANCES, F.T. (1990). Milho pipoca. *Informe Agropecuário*. 14:08-12.

GARCIA, L.H. (1989) Tabelas para classificação do coeficiente de variação. *Circular Técnico 171*, Piracicaba – SP, IPEF

GARDNER, C. O. & EBERHART, S. A. (1956). Analysis and interpretation of the variety cross diallel and related populations. *Biometrics*, 22:439-52,.

GILBERT, N. Diallel cross in plant breeding. *Heredity*, 12:477-92, 1958.

GOMES, F.P. (1990) *Curso de estatística experimental*. 13 ed. Piracicaba: São Paulo, USP/ESALQ, 468p.

GONCALVES, P. de S.(1987). Esquema circulante de cruzamentos para avaliação de linhagens de milho (*Zea mays* L.) ao nível interpopulacional. Piracicaba, ESALQ/USP. 140p. (Tese D.S.).

- GOODNAM, 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.
- GRIFFING, B.(1956). Concept of general and specific combining ability in relation to diallel crossing system. Austr. J. Biol. Sci., 9: 462-93.
- HAYMAN, B.I.(1954). The theory and analysis of diallel crosses. Genetics, 39: 789-809.
- HALLAUER, A.R.; MIRANDA FILHO, J.B. (1981). Quantitative genetics in maize breeding. Ames. Iowa State University Press. 468 p.
- JINKS, J. L. & HAYMAN, B.I. (1953). The analysis of diallel crosses. Mayze Genet. Coop. Newslett., 27:48-54.
- JOHNSON, I.J.; ELDREDGE, J.C. (1953). Performance of recovered popcorn inbred lines derived from outcrosses to dent corn. Agronomy Journal, 45:105-110.
- KEMPTHORNE, O.; CURNOW, R.N. (1961). The partial diallel cross. Biometrics, North Carolina, 17:229-250.
- LARISH, L.L.B.; BREWBAKER, J.L. Diallel analyses of temperate and tropical popcorns. Maydica, Bergamo, 44, p.279-384.
- LIMA, M.; ZINSLY, J.R.; VENCOVYSK, R.; MELO, M.R. (1971). Resultados parciais de um programa de melhoramento de milho (*Zea mays* L.) visando ao aumento da produtividade, caracteres agronômicos e capacidade de expansão. Relatório Científico do Departamento e Instituto de Genética da Escola superior de Agricultura Luís de Queiroz. 5:84-93.

- LINARES, E. (1987). Seleção recorrente recíproca em famílias de meio-irmãos em milho pipoca (*Zea mays* L.). Piracicaba. Magister Agronomy dissertation. Universidade de São Paulo.
- 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.). Piracicaba. Magister Agronomy dissertation. Universidade de São Paulo.
- 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.
- MERLO, E.; FORNASIERI FILHO, D.; LAM-SÁNCHEZ, A. (1988) . avaliação de sete cultivares de milho pipoca (*Zea mays* L.) em três densidades de semeadura. Científica, São Paulo, 16(2): 245-51.
- Oliveira, 1996
- 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 ANGELA: Variedade de milho pipoca. Comunicado Técnico, EMBRAPA/CNPMS, p.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, p. 202 –246.
- PATERNIANI, E.; CAMPOS, M.S. Melhoramento de milho pipoca In: Borém, A. ed. Melhoramento de espécies cultivadas. Editora UFV. 429-485.
- 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.
- RAMALHO, M.P.A.; SANTOS, J.B. dos; ZIMMERMANN, M.J.O. Genética quantitativa em plantas autógamas: aplicações ao feijoeiro. Goiânia: UFG, 1993. 271p.
- ROBBINS, W.A.; ASHMAN, R.B. Parent-offspring popping expansion correlation in progeny of dent x popcorn crosses. Crop Science, 24, p.119-121, 1984.
- ROBINSON, H. F.; COMSTOCK, R.D.; HARVEY, P. H. Estimates of heritability and the degree of dominance in corn. Agron. J., 41:353-9, 1949.
- Ruffato, S. (1998) Qualidade do milho-pipoca em função das condições de colheita, secagem e período de armazenamento. Tese (Mestrado em Fitotecnia) – Viçosa – MG, Universidade Federal de Viçosa, 68p.

- RUSSELL, W. A. & EBERHART, S. A. (1973). Hybrid performance of selected maize lines from reciprocal recurrent selection and testcross selection programs. *Crop Sci.*, 13: 257-61.
- SANTOS, F S. 2005. Seleção recorrente em famílias de meios-irmãos na população UNB-2U. Tese (Doutorado em Produção Vegetal). Campos dos Goytacazes-RJ, UENF 103 p.
- SAWAZAKI, E. (1995) Melhoramento do milho pipoca. Instituto Agrônomo, Campinas, 21p.
- 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, n.2.
- SAWAZAKI, E. (2001) A cultura do milho pipoca no Brasil. *O Agrônomo*, Campinas, 53, n. 2, p. 11 – 13.
- 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.; 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. 61, n.3, p. 219-230.
- SILVA, W.J. da; VIDAL, B.C.; MARTINS, M.E.Q.; VARGAS, H. ; PEREIRA, A.C.; ZERBETTO, M.; MIRANDA, L.C.M.(1993). What makes popcorn pop. *Nature*, 362, n. 417.

- SIMON, G.A.; SCAPIM, C.A.; PACHECO, C.A.P.; PINTO, R.JB.; BRACCINI, A.L.; TONET, A. (2004). Depressão por endogamia em populações de milho pipoca. *Bragantia*, Campinas. 63, n.1, p 55-62.
- VEIGA, R. D.; FERREIRA D. F.; RAMALHO M. A. P. (2000). Eficiência dos dialelos circulantes na escolha de genitores. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, 35: 1395-1406.
- VENCOVSKY, R. (1970). Aspectos teóricos e aplicados do cruzamento dialélico de variedades. Piracicaba. Doctor Agronomy thesis. Universidade de São Paulo.
- VENCOVSKY, R.; BARRIGA, P. (1992). Genética biométrica no fitomelhoramento. Ribeirão Preto, *Revista Brasileira de genética*. 469p.
- VENDRUSCULO, 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.
- VILARINHO, A.A. (2001). Seleção de progênies endogâmicas S_1 e S_2 em programas de melhoramento intrapopulacional e de produção de híbridos de milho pipoca (*Zea mays* L.). Tese (Mestrado em Genética e Melhoramento) – Viçosa – MG, Universidade Federal de Viçosa, 79p.
- WEATHERWAX, P. (1922). The popping of corn. *Ind. Acad. Sci. Proc.*, v. 1921, n. 49 – 153.

ZANETTE, V.A. (1989). Análise da variabilidade genética em populações de milho pipoca (*Zea mays* L.): heterose da capacidade de expansão do grão. *Agronomia Sulriograndense*. 25:173-181.

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