

TASSIANO MAXWELL MARINHO CÂMARA

**IMPORTÂNCIAS RELATIVAS DO DESEMPENHO INDIVIDUAL E EM
'TOPCROSS' NA SELEÇÃO DE FAMÍLIAS S₃ DE MILHO-PIPOCA**

Tese apresentada à Universidade Federal de Viçosa, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento, para obtenção do título de “Magister Scientiae”.

VIÇOSA
MINAS GERAIS – BRASIL
2002

TASSIANO MAXWELL MARINHO CÂMARA

**IMPORTÂNCIAS RELATIVAS DO DESEMPENHO INDIVIDUAL E EM
'TOPCROSS' NA SELEÇÃO DE FAMÍLIAS S₃ DE MILHO-PIPOCA**

Tese apresentada à Universidade Federal de Viçosa, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento, para obtenção do título de "Magister Scientiae".

APROVADA EM: 21 de novembro de 2002.

Prof. Adair José Regazzi
(Conselheiro)

Prof. Cosme Damião Cruz
(Conselheiro)

Prof. Pedro Crescêncio Souza Carneiro

Dr. Eduardo Sawazaki

Prof. José Marcelo Soriano Viana
(Orientador)

À família Câmara.
Aos meus pais Dedé e Nativa.

AGRADECIMENTOS

A Deus, por tudo.

À Universidade Federal de Viçosa (UFV), pela oportunidade que me foi concebida para a realização do curso de Mestrado.

Ao CNPq e à CAPES, pelo auxílio financeiro.

Ao professor José Marcelo Soriano Viana, pela orientação, pela amizade e pela profunda contribuição ao meu desenvolvimento profissional.

Aos professores Cosme Damião Cruz, Adair José Regazzi e Pedro Crescêncio Souza Carneiro e ao Dr. Eduardo Sawazaki, pelas valiosas sugestões.

Aos funcionários de campo Sebastião, Vicente, Márcio e Antônio, sem os quais este trabalho não teria sido viabilizado.

Aos meus amigos Aloísio, João, Frederico, Héder, Emmanuel, Mauro e Aurinelza, pelo auxílio na realização deste trabalho e pela amizade.

Aos docentes da UFV, em particular aos professores Paulo Roberto Cecon, Tuneo Sedyama, Marcos Ribeiro Furtado, Carlos Roberto de Carvalho e Fernando Pinheiro Reis, pelos ensinamentos.

Aos meus colegas de pós-graduação, pelo apoio e pela amizade.

Meus sinceros agradecimentos também àqueles que contribuíram, direta ou indiretamente, para a realização desta obra.

BIOGRAFIA

TASSIANO MAXWELL MARINHO CÂMARA, filho de José de Oliveira Câmara e Maria da Natividade Marinho Câmara, nasceu aos 12 de janeiro de 1977, em Apodi, RN.

Nessa mesma cidade, concluiu seus estudos básico (Escola Estadual Professor Gerson Lopes) e médio (Escola Estadual Professor Antônio Dantas, de 1992 a 1994).

Ingressou no Curso de Agronomia da Escola Superior de Agricultura de Mossoró, RN, graduando-se engenheiro-agrônomo em agosto de 2000.

Nesse mesmo ano, iniciou o Curso de Mestrado em Genética e Melhoramento na Universidade Federal de Viçosa, em Viçosa, MG, com ênfase em Genética Quantitativa e Melhoramento de Milho-Pipoca, submetendo-se à defesa de tese em novembro de 2002.

CONTEÚDO

RESUMO	VII
ABSTRACT	IX
1. INTRODUÇÃO	1
2. REVISÃO DE LITERATURA	3
2.1. Capacidade de expansão	3
2.2. Melhoramento com base em famílias endogâmicas	5
2.3. 'Topcross' no melhoramento de milho	6
2.3.1. Capacidade de combinação	9
2.3.2. Testadores	10
2.3.3. Avaliação por meio de 'testcross'	14
3. MATERIAL E MÉTODOS	17
3.1. Material.....	17
3.2. Métodos	17
3.2.1. Correção de dados	25
3.2.2. Análises de variância.....	26
3.2.3. Estimacão de parâmetros genéticos.....	28
3.2.3.1. Variâncias genóticas	28
3.2.3.2. Herdabilidades	28
3.2.3.3. Correlações genóticas e fenotípicas	29
3.2.4. Predicão de ganhos genéticos.....	30
3.2.5. Estimacão dos efeitos de capacidade geral de combinacão	31
3.2.6. Índices de seleçao	32
4. RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	35
4.1. Avaliação de famílias S_3 do programa 1	35
4.1.1. Análises de variância.....	35
4.1.2. Estimacão de parâmetros genéticos.....	38

4.1.2.1. Variâncias genotípicas e herdabilidades	38
4.1.2.2. Correlações genotípicas	40
4.1.3. Predição de ganhos	41
4.2. Avaliação de famílias de 'topcross' do programa 1	45
4.2.1. Análises de variância	45
4.2.2. Estimação dos efeitos de capacidade geral de combinação	57
4.3. Avaliação de famílias S_3 do programa 2	59
4.3.1. Análises de variância	59
4.2.2. Estimação de parâmetros genéticos	62
4.2.2.1. Variâncias genotípicas e herdabilidades	62
4.2.2.2. Correlações genotípicas	64
4.2.3. Predição de ganhos	66
4.4. Avaliação de famílias de 'topcross' do programa 2	71
4.4.1. Análises de variância	71
4.4.2. Estimação dos efeitos de capacidade geral de combinação	76
4.5. Seleção de famílias S_3 com base nos desempenhos individual e em cruzamento	78
4.5.1 Predição de ganhos considerando desempenhos individual e em cruzamento	80
4.6. Eficiência da seleção entre e dentro de famílias S_3	85
4.7. Eficiência da seleção entre e dentro de famílias S_2	87
5. RESUMO E CONCLUSÕES	88
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	90

RESUMO

CÂMARA, Tassiano Maxwell Marinho, M. S., Universidade Federal de Viçosa, novembro de 2002. **Importâncias relativas do desempenho individual e em 'topcross' na seleção de famílias S₃ de milho-pipoca.** Orientador: José Marcelo Soriano Viana. Conselheiros: Cosme Damião Cruz e Adair José Regazzi.

Em dois programas de obtenção de linhagens da população Beija-Flor, foram instalados testes de famílias S₃ com repetição somente das testemunhas, nos anos agrícolas 99/00 e 00/01, em campo experimental do Setor de Genética da Universidade Federal de Viçosa, em Viçosa, MG. Avaliou-se o comportamento das famílias em cruzamento com um testador, a população Viçosa, a partir de seis ensaios de 'topcross' conduzidos em látices simples, nos anos agrícolas 00/01 e 01/02, um em Maringá, PR, um em Campos dos Goytacazes, RJ, dois em Capinópolis, MG, e dois em Coimbra, MG. O objetivo principal do trabalho foi avaliar as importâncias relativas do desempenho *per se* e em cruzamento na seleção de famílias S₃ de milho-pipoca, visando ao melhoramento populacional e à obtenção de linhagens-elite. Com os dados dos testes foram estimados parâmetros genéticos e preditos ganhos com seleção direta para capacidade de expansão e seleção com base no índice de Mulamba e Mock, com pesos variados quanto à capacidade de expansão (CE) e à produção de grãos. Na seleção das progênie com base nos desempenhos individual e em cruzamento, empregaram-se seleção

combinada e índices de Mulamba e Mock, que ponderaram os “ranks” dos desempenhos *per se* e em cruzamento, quanto aos caracteres CE e produção. Com relação aos testes de progênies S₃, observou-se variabilidade genotípica para vários caracteres, dentre os quais CE e produção, estes apresentando evidência de correlação genotípica positiva. A estratégia adotada visando ao melhoramento populacional foi o índice de Mulamba e Mock, com pesos 3 e 1 para CE e produção de grãos, respectivamente, propiciando estimativas de ganhos em CE de 2,04 e 2,01 mL/g e, em produção, de 56 e 58 kg/ha, nos programas 1 e 2, respectivamente. O mesmo critério foi adotado na seleção entre e dentro, visando à obtenção de progênies S₄ superiores. Nesse caso, os ganhos totais em CE foram de 8,72 e 5,56 mL/g e em produção de 390 e 176 kg/ha, nos programas 1 e 2, respectivamente. As famílias de ‘topcross’ foram, em média, inferiores em qualidade e equivalente em produção, quando comparadas com as testemunhas comerciais. Contudo, em todos os ambientes foram identificadas famílias com CE equivalente ou superior à CE das testemunhas. Em geral, não se verificou interação de ambiente com tratamento, quanto à maioria dos caracteres, à exceção de CE. Dentre as famílias de ‘topcross’ de melhor desempenho em qualidade, com efeitos de capacidade geral de combinação positivos, predominaram as provenientes de progênies selecionadas em razão de seu desempenho *per se*. A seleção de famílias com base nos desempenhos individual e em cruzamento proporcionou estimativas de ganhos equivalentes em qualidade e superiores em produção, em dois dos quatro índices empregados, comparativamente aos critérios que consideraram somente desempenho individual. Os cálculos de ganhos realizados evidenciaram perdas em produção de 45 kg/ha e acréscimo em qualidade de 0,57 mL/g. O ganho em qualidade foi subestimado, visto que na instalação do teste de S₄ considerou-se somente o plantio das progênies derivadas das plantas S₃ de maior CE, o que comprometeu a representatividade, no teste, das famílias não selecionadas, pelo menos em relação ao caráter CE. Das 60 famílias S₄ de maior CE, 73% são provenientes de famílias S₃ selecionadas com seleção entre e dentro, resultado que comprova a eficiência do processo seletivo em S₃.

ABSTRACT

CAMERA, Tassiano Maxwell Marinho, M. S., Universidade Federal de Viçosa, November 2002. **Relative importance of the individual and topcross performance in selection of the popcorn S₃ families.** Adviser: José Marcelo Soriano Viana. Committee members: Cosme Damião Cruz and Adair José Regazzi.

In development of two breeding programs to obtain inbred lines from the “beija-flor” population, the S₃ family tests were set up with replication of the controls only, in the agricultural years 99/00 and 00/01, on the experimental field of the Genetics Sector pertaining to the “Universidade Federal de Viçosa”, in Viçosa county, Minas Gerais State. The behavior of the families under crossing was evaluated, with “Viçosa” population as a tester, upon six topcross assays conducted in simple lattice, in the agricultural years 00/01 and 01/02 : one in Maringá - PR, one in Campos dos Goytacazes - RJ, two in Capinópolis – MG, and two in Coimbra - MG. The main objective was to evaluate the relative importance of the *per se* and in crossing performance in selection of the popcorn S₃ families, targeting to population improvement and the obtainment of elite-inbred lines as well. With data obtained in the test, the genetic parameters were estimated. The gains with direct selection for popping expansion volume and the use of the Mulamba and Mock index for popping expansion volume and bean yields were predicted. In family selections based on the individual and in crossing performance, the combined selection as well as the Mulamba and

Mock indices were used, that pondered the ranks of the *per se* and in crossing performance for the characters CE and bean yields. In the S₃ family tests, a genotypic variability was found for several characters, such as CE and bean yields that showed evidence for positive genotypic variability. For population improvement, the Mulamba and Mock index with weights 3 to 1 was adopted for CE and bean yields, respectively, so providing estimates of CE gains from 2.04 to 2.01 mL/g, and yield gains from 56 to 58 kg/ha in programs 1 and 2, respectively. The same criteria was adopted for selection among and within families in order to obtain superior S₄ families. In this particular case, the total gains for CE were 8.72 and 5.56 mL/g, and 390 and 176 kg/ha for bean yields in the programs 1 and 2, respectively. On average, the topcross families were qualitatively inferior but equivalent in bean yields, when compared to the commercial controls. In all environments, however, the families with a CE equivalent or inferior to that of the controls were identified. In general, no interactions between the environment and treatment were found for most characters, except CE. Among the topcross families showing a better performance for quality, with positive effects from the general combination capacity, the families from the progenies selected for their *per se* performance showed predominance. The family selections based on individual and in crossing performances provided estimates of equivalent gains for quality, but superior for bean yields in two from the four used indices, comparative to the criteria considering only the individual performance. The calculations of the attained gains evidenced a yield losses of 45 kg/ha, but a quality increase of 0.57 mL/g. The quality gain was underestimated because, when setting up the S₄ family test, only the planting derived from the S₃ plants with higher CE was considered, which impaired the representativeness of the unselected families in the test, at least in relation to CE character. Seventy three per cent from the sixty S₄ families with higher CE proceeding from the S₃ families selected among and within families, a result corroborating the efficiency of the selective process in the S₃ families.

1. INTRODUÇÃO

O interesse pelo cultivo do milho-pipoca (*Zea mays* L.) não é recente. Esse tipo de milho já era cultivado na América mesmo antes de este continente ter sido descoberto por Colombo e há registros de ancestrais primitivos do milho-pipoca datados de 2500 a.C. (ZINSLY e MACHADO, 1987).

Por apresentar semelhanças em termos nutricionais, fisiológicos e de tratamentos culturais em relação ao milho comum, bem como pela relativa facilidade para se promoverem trabalhos de melhoramento e pela ampla variabilidade das populações encontradas no país, essa é uma cultura que pode ser amplamente explorada em programas de melhoramento. Entretanto, segundo SAWAZAKI (1996), o milho-pipoca não recebeu, no Brasil, a mesma atenção dada ao milho comum, e a pequena quantidade de pesquisadores e instituições envolvidos com essa cultura não foi suficiente para dar contribuição substancial ao progresso de seu melhoramento.

Nos Estados Unidos, maior produtor mundial, a produção ultrapassou a casa das 380 mil toneladas de grãos no ano de 1990 (ZIEGLER e ASHMAN, 1994). No Brasil, predomina a importação do produto. Só no ano de 2000 chegaram ao país, pelos portos da CDP (Companhia Docas do Pará), 97 mil toneladas do produto. Uma das principais empresas desse ramo chega a importar 17 toneladas por ano (REHDER, 2002). O grande volume de importação pode ser explicado pela falta de material de qualidade e adaptado

às condições de clima existentes no país e que possa ser lançado no mercado, visando competir com o produto importado.

Embora as populações de polinização aberta sejam necessárias ao desenvolvimento dessa cultura no Brasil, por terem custo menor de sementes, por poderem ser multiplicadas pelo produtor, por não exigirem alta tecnologia de produção, por terem capacidade de adaptação a diversos ambientes, por serem fontes de populações melhoradas e linhagens superiores, entre outros aspectos, no melhoramento de milho, é importante produzir híbridos para aproveitar a heterose e garantir material genético de elevadas capacidade produtiva e qualidade. O número de linhagens geneticamente distintas que podem ser extraídas de uma população é praticamente ilimitado, sendo a avaliação de um grande número considerada um dos principais entraves em programas de melhoramento visando à obtenção de híbridos.

A análise de desempenho individual e em cruzamentos de progênes endogâmicas é indispensável para que um programa de melhoramento não se torne impraticável, e um dos métodos mais utilizados pelos melhoristas, visando à análise preliminar de linhagens, é o 'topcross'. Esse delineamento envolve o cruzamento de linhagens ou famílias endogâmicas, com um ou mais testadores, visando avaliar a capacidade geral de combinação.

Este trabalho objetivou, principalmente, avaliar as importâncias relativas do desempenho individual e em cruzamento na seleção de famílias S_3 da população de milho-pipoca Beija-Flor, visando ao melhoramento populacional e à obtenção de linhagens-elite.

2. REVISÃO DE LITERATURA

2.1. Capacidade de expansão

Diferentemente do melhoramento de milho comum, em que se busca o incremento da produção de grãos, no milho-pipoca esse incremento de produção deve estar associado também à qualidade. A mais comum medida de qualidade de uma população de milho-pipoca é a capacidade de expansão (CE), quociente entre o volume de pipoca e o peso ou volume de grãos. BRUNSON (1931) afirmou que o valor do milho-pipoca para o consumo humano depende, principalmente, de sua qualidade. Entre as medidas de qualidade, destacam-se a maciez, o sabor e a CE. Para HAUGH et al. (1976), a CE é a mais importante medida de qualidade do milho-pipoca.

A CE é atribuída à volatilização da água presente nos grânulos de amido do endosperma e ao aumento da pressão interna. PACHECO et al. (1996), com base no Projeto de Normas de Identidade e Qualidade de Milho-pipoca do Ministério da Agricultura e Abastecimento, ainda não aprovado, consideraram que, para comercialização, uma população precisa ter CE de no mínimo 15 mL/mL (18 mL/g). Contudo, valores bem mais elevados devem ser alcançados quando se deseja lançar um produto de qualidade no mercado.

Muitos fatores afetam a capacidade de expansão. Um dos principais é a umidade dos grãos. HAUGH et al. (1976), avaliando a CE de vários híbridos,

verificaram que cada população tem uma faixa ótima de umidade, na qual a CE é maximizada. WILLIER e BRUNSON (1927), WHITE et al. (1980), METZGER et al. (1989) e DALBELLO et al. (1995) propuseram faixas de umidade ótimas, que variam entre 10,5 e 14%, para a máxima expansão dos grãos de pipoca.

SONG e ECKHOFF (1994), conduzindo trabalho com diferentes tamanhos de grãos, procuraram determinar o teor ideal de umidade associado com a máxima CE. Avaliando teores de umidade entre 11 e 14%, concluíram que o teor ótimo de umidade variou entre 12,85 e 13,58%, a depender do tamanho dos grãos. Já NASCIMENTO e BOITEUX (1994), trabalhando com a população de milho-pipoca CNPH-001, avaliaram a influência do teor de umidade dos grãos sobre a CE, concluindo que a maior CE (17,6 mL/cm³) e a menor proporção de grãos não expandidos (7,5%) foram obtidas na amostragem com 10,2% de umidade. Esses autores enfatizaram a necessidade de padronização do teor de umidade dos grãos nos testes de CE em programas de melhoramento.

Outro fator que influencia a CE é o pericarpo. HOSENEY et al. (1983), estudando o papel do pericarpo sobre a CE, verificaram que danos ao pericarpo reduziram a CE de 27 para 12 (um corte) e 9 cc/g (dois cortes). Concluíram também que a redução na CE é proporcional à quantidade de camadas do pericarpo retiradas.

A proporção de endosperma duro e farináceo também influencia a CE. PORDESIMO et al. (1991) determinaram as quantidades de endosperma duro e farináceo em alguns cultivares de milho-pipoca e avaliaram a associação dessas medidas com a CE, obtida a partir de uso de microondas. A CE aumentou em razão de um decréscimo na área de endosperma farináceo e também do aumento da área do embrião.

Vários estudos de correlação têm sido conduzidos, buscando identificar caracteres que afetem a CE. WILLIER e BRUNSON (1927) encontraram correlações negativas de CE com peso de 100 grãos, - 0,57 e - 0,31, e teor de amido macio, - 0,55 e - 0,59, nas populações White Rice e Yellow Pearl, respectivamente. LIMA et al. (1973), estudando duas populações de pipoca, uma branca e a outra amarela, procuraram estimar correlação entre valores fenotípicos de produção e CE de mesmo indivíduo; concluíram que essa estimativa foi próxima de zero, - 0,049 e 0,051 na população branca, nos

grupos de plantas selecionadas com base em produção e CE, respectivamente; com relação à população amarela, as estimativas foram, respectivamente, - 0,094 e - 0,188. DOFING et al. (1991) verificaram que a CE mostrou-se negativamente correlacionada com produção (- 0,34) e seus componentes (- 0,4, - 0,82 e - 0,84, para comprimento da espiga, diâmetro da espiga e peso de 50 grãos, respectivamente), excetuando-se número de fileiras de grãos.

2.2. Melhoramento com base em famílias endogâmicas

A utilização de linhagens endogâmicas contrastantes, visando ao aproveitamento da heterose na obtenção de híbridos superiores, é prática utilizada há bastante tempo pelos melhoristas de milho. Em muitos casos, a extração de linhagens promissoras oriundas de variedades pouco melhoradas é trabalho difícil, principalmente devido à quantidade de genes indesejáveis existentes nessas populações, favorecendo, assim, a depressão causada pela endogamia.

Uma estratégia que visa facilitar a obtenção de linhagens superiores em populações de milho é o melhoramento destas com base na seleção de famílias endogâmicas. VASAL et al. (1995) acreditaram que essa estratégia é eficiente não só para melhorar a população *per se*, como também para reduzir a depressão por endogamia, principalmente por facilitar a eliminação de genes recessivos deletérios. Contudo, enfatizaram que, em razão de vários resultados insatisfatórios com o uso de progênes endogâmicas, estas não devem ser empregadas em longo prazo para melhoramento intrapopulacional, mas sim por dois a quatro ciclos.

VASAL et al. (1992), estudando o comportamento de híbridos de linhagens, concluíram que cruzamentos entre linhagens de diferentes populações geralmente se destacaram e apresentaram maiores valores de capacidade geral de combinação (CGC), comparativamente àqueles entre linhagens de mesma população, embora cruzamentos intrapopulacionais possam produzir híbridos superiores.

WANG et al. (1994), em um estudo envolvendo análise de agrupamento e estimação de distância genética, observaram que a heterose para rendimento de grãos em F_1 poderia ser predita pela distância genética (divergência) das linhagens parentais, mas não havia nenhuma relação clara entre divergência genética parental e qualidade da heterose nos híbridos.

VASAL et al. (1995), avaliando quatro populações de milho, chegaram às seguintes conclusões: (i) em geral, a seleção com base em progênies S_3 foi eficiente em aumentar a média de produção das populações, nos dois ciclos de seleção; (ii) as reduções nas estimativas de depressão devida à endogamia, após dois ciclos, evidenciaram que o emprego de um processo de melhoramento intrapopulacional com base em progênies endogâmicas é eficiente em tornar a população superior para obtenção de linhagens; e (iii) os ganhos computados com base em S_1 foram superiores aos calculados considerando a geração Sync-2 (obtida da população melhorada por meio de um ciclo de acasalamentos ao acaso, usando famílias de irmãos completos).

2.3. 'Topcross' no melhoramento de milho

A principal dificuldade observada no desenvolvimento de linhagens é a avaliação destas, principalmente devido à grande quantidade de material que se obtém ao se iniciar um programa de melhoramento. Visando facilitar os trabalhos de seleção, vários métodos foram propostos, buscando avaliar o comportamento de linhagens e predizer quais seriam as melhores a serem levadas adiante no programa de melhoramento. Um esquema prático e que obteve resultados confiáveis na avaliação da capacidade de combinação de linhagens endogâmicas foi proposto por DAVIS (1927), o qual sugeriu o uso de 'topcross' (um tipo de teste de progênies) para avaliar a capacidade de combinação de linhagens melhoradas, em um programa de melhoramento para produção de híbridos.

No início dos programas de melhoramento, quando se tinham relativamente poucas linhagens, as $n(n-1)/2$ combinações possíveis de determinadas "n" linhagens poderiam ser testadas para avaliação da "performance" de seus cruzamentos. Com o avanço dos programas, o número

de linhagens aumentou e os cruzamentos das mesmas tornaram-se inviáveis, já que a avaliação das linhagens melhoradas *per se* tem pouco valor, devido à inconsistência da correlação entre caracteres das linhagens e a “performance” da F_1 (HALLAUER e MIRANDA FILHO, 1981; SMITH, 1986). Uma alternativa apropriada para avaliação das linhagens é o ‘topcross’, por possibilitar a discriminação das linhagens melhoradas, levando em conta a capacidade de combinação com um testador de base genética ampla ou estreita.

Depois que JENKINS e BRUNSON (1932) atestaram a eficiência do ‘topcross’, este foi amplamente adotado nos programas de melhoramento. JOHNSON e HAYES (1936) indicaram aumento na eficiência da seleção de linhagens superiores para produção, avaliadas pelo método de ‘topcrosses’, devido ao grande número de linhagens que podem ser descartadas com base em um teste preliminar, sendo possível a avaliação das linhagens selecionadas em combinações de híbridos simples ou duplos.

Posteriormente, novos procedimentos para o uso do ‘topcross’ foram sugeridos, como os métodos de seleção recorrente (JENKINS, 1940; HULL, 1945; COMSTOCK et al., 1949; LONNQUIST, 1949), que são amplamente utilizados no melhoramento de populações de milho. Na seleção para capacidade geral de combinação, uma população de base genética ampla é usada como testadora, podendo ser uma população parental ou variedade de polinização aberta. Em todas as situações, os genótipos são testados com uma amostra representativa de genótipos do testador, isto é, cada planta da população-base é cruzada com uma amostra de gametas do testador. Portanto, cada ‘testcross’ é um tipo de família de meios-irmãos.

BAKTASH et al. (1981), ao estimarem coeficiente de correlação entre ‘topcross’ e cruzamentos dialélicos envolvendo 10 linhagens, observaram correlações positivas e significativas entre os ‘topcross’ e os híbridos simples para produção de grãos, número de grãos por espigas e comprimento de espiga, indicando que o método de ‘topcross’ pode ser usado eficientemente na avaliação de linhagens.

KHRISTOVA e KHRISTOV (1995) utilizaram um ‘topcross’ completo, constituído de sete linhagens, e um ‘topcross’ incompleto, com seis linhagens, na avaliação de linhagens, visando ao rendimento de grão e a conteúdos de proteína e óleo. Utilizaram, ainda, quatro linhagens testadas em ambos os

métodos. Os resultados evidenciaram que o método de 'topcross' incompleto pode ser usado prosperamente por avaliar a capacidade geral de combinação em estágios iniciais de melhoramento, podendo ter uma eficiência de 80-100% em relação ao 'topcross' completo, com 33% menos de trabalho. Devido ao número pequeno de testadores, o teste não obteve resultado satisfatório para avaliar capacidade específica de combinação.

Outra aplicação de 'topcross' que vem despertando interesse de alguns pesquisadores é na avaliação de variedades. Chaves e Miranda Filho (1993, 1997), citados por GORGULHO (1997), sugeriram esse método para avaliação de variedades de milho, utilizando o modelo reduzido III de GARDNER (1967) - que não considera o efeito de heterose -, pois essa estratégia permite avaliar grande quantidade de material e é sugerida para variedades não endogâmicas. GORGULHO (1997), em trabalho visando avaliar dois grupos de variedades de milho, em dois esquemas de cruzamentos (dialélico parcial e 'topcross'), concluiu que a metodologia de cruzamentos 'topcross' deve ser mais bem aproveitada em avaliações de populações no início dos programas de melhoramento, já que existe grande número de material a ser avaliado e a variabilidade presente é alta. Já em programas mais avançados, em que a variação começa a se esgotar e também os cruzamentos específicos são importantes, outros métodos podem ser mais proveitosos.

Mais recentemente, o 'topcross' está sendo empregado na obtenção de material para análise molecular. LEE et al. (1997), utilizando 100 RFLPs ("restriction fragment length polymorphisms"), 28 SSRs ("simple sequence repeat") e um marcador morfológico, investigaram a associação de QTLs ("quantitative trait loci") com as capacidades geral (CGC) e específica (CEC) de combinação de progênies provenientes de 'topcrosses' de uma população de milho endogâmica recombinante (ER). Cento e oitenta e seis $F_{6:8}$ derivadas do cruzamento entre linhagens endogâmicas de Mo17 e H99 foram plantadas no sistema de 'topcross', com três testadores endogâmicos (A632, B91, B73). As progênies do 'topcross' foram avaliadas em três locais para altura de planta e quatro para rendimento de grãos. Foram mapeados QTLs para efeitos de CEC dentro de cada testador e traçados mapas de QTL para efeitos de CGC, usando-se o desempenho dos três testadores.

2.3.1. Capacidade de combinação

Em um programa de desenvolvimento de linhagens, várias etapas são conduzidas até que se consiga a identificação de material promissor. Durante essas etapas, várias linhagens são descartadas precocemente, devido à sua “performance” inferior ou a resultados no teste precoce, e outras são eliminadas posteriormente, por testes de capacidades geral e específica de combinação.

Os termos capacidade geral de combinação (CGC) e capacidade específica de combinação (CEC) foram descritos por SPRAGUE e TATUM (1942) como sendo, respectivamente, o comportamento médio de uma linhagem em combinações híbridas e o comportamento de certa combinação de linhagens em relação ao desempenho geral das linhagens. Para MIRANDA FILHO e VIÉGAS (1987), a capacidade geral de combinação refere-se ao comportamento médio de uma linhagem em uma série de híbridos, isto é, o comportamento dessa linhagem quando cruzada com várias outras. A capacidade específica de combinação refere-se ao comportamento de uma linhagem quando cruzada com outra, num híbrido simples.

Os termos capacidade geral e capacidade específica de combinação são, muitas vezes, mal empregados na literatura, pois a capacidade geral de combinação de uma linhagem não é uma propriedade fixa da mesma e depende da constituição genética da população utilizada como testador (KEMPTHORNE, 1966).

JENKINS (1935) relatou que linhagens melhoradas adquirem sua individualidade, em relação à capacidade de combinação, já no início do processo de melhoramento, permanecendo relativamente estável dali em diante. SPRAGUE (1946) concluiu que a grande variação entre e dentro de famílias fornece indicação para a precisão do teste de capacidade geral, bem como da estabilidade da capacidade de combinação.

Num programa de melhoramento de milho nos Estados Unidos, UHR e GOODMAN (1995), estudando a capacidade de combinação de germoplasma de ambiente tropical, com germoplasma de ambiente temperado, concluíram que a maior parte da variação para rendimento, estabilidade e umidade de grãos foi encontrada entre os acessos e não dentro deles.

ILCHOVSKA et al. (1995) avaliaram as capacidades geral e específica de combinação para características relacionadas a rendimento de grãos, em 16 gerações precoces transformadas (M3) e seus híbridos oriundos de um 'topcross' completo com dois testadores do grupo Lancaster (XM568-1 e Mo17). As transformações foram produzidas polinizando a linhagem opaque-2 B73o2 (homozigota para o alelo recessivo o_2) com pólen tratado com uma solução de DNA do teosinto (*Euchlaena [Zea] mexicana*). Esses autores selecionaram transformantes com alta capacidade geral de combinação para rendimento de grãos em T14, T2, T7 e T12, para maturação de espigas em T5, T7, T2 e T1, para número de fileiras de grão por espigas em T10, T11, T4 e T13 e para peso de 1.000 grãos em T15, T5, T6 e T7. Para eles, essas gerações apresentaram-se promissoras na criação de variedades sintéticas.

Segundo ARAÚJO (2000), a avaliação de linhagens ou progênes através de 'topcross', além de permitir o conhecimento da capacidade de combinação, permite a obtenção da estimativa da variância aditiva interpopulacional.

2.3.2. Testadores

Outra questão que ainda hoje gera muita controvérsia, pois influencia decisivamente a seleção das linhagens, é a escolha do testador. GREEN (1948), estudando a herança da capacidade de combinação, concluiu que a capacidade de combinação média de linhagens melhoradas provavelmente não poderia ser medida por um testador de mesma origem das linhagens.

A base genética dos testadores é a principal diferença entre capacidades geral e específica de combinação. Para HALLAUER e MIRANDA FILHO (1981), tais diferenças são essencialmente em termos de frequências gênicas, pois em um testador de base genética ampla as frequências para os diferentes locos se distribuem na amplitude de 0 a 1. Essa característica faz com que os testadores de base genética ampla sejam usados sob a hipótese de que a superioridade das linhagens selecionadas é devida à sua maior capacidade geral de combinação, a qual está associada aos efeitos gênicos

aditivos. No testador de base genética estreita, as frequências gênicas se limitam a 0 ou 1, nas linhagens, e a 0, 1/2 ou 1, nos híbridos simples.

FEDERER e SPRAGUE (1947), analisando os componentes de variância em experimentos de 'topcrosses', concluíram que o maior ganho em capacidade de combinação pode ser esperado com aumento do número de testadores, seguido por um aumento nas linhagens e, finalmente, por um aumento do número de repetições, sendo este último o menos eficiente.

Uma das principais características de um testador é que ele não deve mascarar o resultado das linhagens avaliadas. Em virtude disso, HULL (1945) indicou o uso de testadores oriundos de linhagens homozigotas recessivas ou de uma população com baixa frequência de genes favoráveis, pelo menos nos locos de maior importância na seleção. Entretanto, essa opinião não é compartilhada por todos os pesquisadores. KELLER (1949) indicou o uso de linhagens de alta produtividade como testadores, ressaltando que a escolha do testador deveria levar em conta as linhagens a serem testadas. Tendo avaliado um grupo de plantas F_2 , usando um testador relacionado e um não relacionado, observou que os testadores não classificaram, do mesmo modo, as linhagens. Esse resultado foi atribuído às diferenças em relação à capacidade específica de combinação. Esse autor indicou, ainda, que o uso de mais de um testador pode permitir comparar a capacidade dos testadores em classificar as linhagens similarmente e as variâncias da interação linhagem x testador.

RAWLINGS e THOMPSON (1962), em concordância com HORNER et al. (1963), ALLISON e CURNOW (1966) e HALLAUER e MIRANDA FILHO (1981), propuseram que um bom testador deveria discriminar bem os genótipos testados, fornecer uma classificação precisa entre eles, permitir o teste de mais entradas com maior precisão e ser um bom avaliador da capacidade combinatória das linhagens.

MATZINGER (1953), utilizando como testadores oito linhagens, seis híbridos simples e duplos, concluiu que, ao se aumentar a heterogeneidade dos testadores, diminui o componente de variância da interação linhagem x testador. Esse autor ainda relatou que um bom testador para avaliação de linhagens melhoradas deve ser de uso fácil e também proporcionar o máximo de informação sobre a "performance" das linhagens testadas. Todavia, se o objetivo é a substituição de uma linhagem em um híbrido simples, a

capacidade específica de combinação é de fundamental importância, e o testador mais apropriado é a linhagem melhorada oposta.

Segundo HALLAUER (1975), um bom testador deve maximizar o ganho genético e apresentar boa capacidade geral de combinação e simplicidade de uso e não deve ser relacionado com as linhagens testadas, com a ressalva de que não existem testadores perfeitos e de que sempre haverá o risco de descarte de boas linhagens.

Para HALLAUER e LOPES-PEREZ (1979), vários são os fatores que influenciam a escolha dos testadores, destacando-se: (i) base genética ampla “versus” base genética estreita, (ii) alta frequência “versus” baixa frequência de genes desejados, (iii) capacidade geral de combinação “versus” capacidade específica de combinação, (iv) alta produção “versus” baixa produção, (v) disponibilidade de testadores, (vi) estágio de desenvolvimento do programa, (vii) tipos de material sob teste e (viii) tipo de material a ser sintetizado posteriormente. Ainda segundo esses autores, as vantagens do uso do testador de base genética ampla são menor influência da interação testador x ambiente e menor influência da interação linhagem x testador. No entanto, os testadores de base genética estreita apresentam menos problemas de amostragem de gametas.

Eles avaliaram 50 famílias S_1 não selecionadas e as linhagens obtidas por descendência direta e sem seleção, na geração S_8 , em cruzamento com cinco testadores, sendo quatro relacionados à população parental e um não relacionado. Verificaram que aqueles de alto rendimento exibiram menor variabilidade nos cruzamentos. Concluíram, também, que os melhores testadores foram linhagens de baixo rendimento produtivo. Esse trabalho reforça a tese de que a utilização de testadores com alta capacidade geral de combinação ou alta frequência de genes favoráveis tende a fornecer menor discriminação entre as linhagens. Embora bons resultados tenham sido obtidos ao serem usadas linhagens como testadores, a seleção e o descarte não devem ser feitos somente com base nos resultados dos ‘topcrosses’, devendo-se, também, avaliar os comportamentos individuais das linhagens sob seleção.

HORNER et al. (1976) encontraram indicações de que o aumento do número de genes favoráveis nos testadores favorece o ganho de seleção, pois, ao conduzirem um trabalho com o objetivo de obter informações adicionais

sobre seleção recorrente para capacidade específica de combinação em milho, usando um híbrido simples como testador, conseguiram ganhos após sete ciclos de seleção para as características rendimento de grãos (18%), altura de planta (9%) e acamamento (35%).

AGUILAR MORÁN (1990), utilizando os critérios de porcentagem de coincidência e índice de divergência para avaliar a capacidade de discriminação de quatro testadores, concluiu que ambos os critérios se complementam para selecionar o testador que classifica melhor o mérito relativo das linhagens. Com base nesses critérios, selecionou para o teste de capacidade geral de combinação os testadores relacionados às populações parentais. Em concordância com outros pesquisadores, recomendou, também, o uso de testadores não relacionados, com baixa frequência de genes favoráveis, em relação à frequência das linhagens, como um meio de minimizar a erosão genética provocada pelo uso de testadores com alta frequência de genes favoráveis, no teste de capacidade geral de combinação.

ELIAS et al. (2000) compararam testadores de base genética ampla na discriminação e avaliação da capacidade de combinação de 64 famílias S₂ de milho, provenientes do composto CMS-39. As famílias foram avaliadas pelo seu desempenho *per se* e em cruzamento com três testadores, o híbrido duplo BR-201 e as populações CMS-39 e CMS-50. Constatou-se que só foi possível discriminar os testadores de acordo com a capacidade de combinação e as estimativas de heterose. A população CMS-50 destacou-se como a melhor testadora.

A avaliação de populações por meio de 'topcross' e comportamento *per se* foi estudada por ABEL e POLLAK (1991), que utilizaram oito testadores, incluindo linhagens e híbridos simples das mesmas. De cada 'testcross' foram colhidas, arbitrariamente, 50 espigas, para avaliação do rendimento de grãos, representando o tamanho da amostra de cada acesso. Os resultados obtidos indicaram que os testadores classificaram similarmente as populações, para rendimento de grãos, mas extremas diferenças na classificação por diferentes testadores também ocorreram. A classificação das populações com base no comportamento *per se*, para rendimento de grãos, foi diferente da classificação por testadores. Com relação a outras características, como umidade de grãos, volume radicular, resistência ao tombamento, dias para a antese, altura de

planta e de espiga, a classificação na avaliação *per se* foi similar à por testadores.

Devido à classificação diferencial das populações, para rendimento de grãos, aqueles autores, relataram que mais de um testador deve ser usado para classificar populações de milho, os quais devem apresentar alta frequência de genes favoráveis para certas características, como resistência ao tombamento e volume radicular, visando permitir fácil coleta de dados.

ARAÚJO (2000), num trabalho com 90 progênies S_2 , de cada uma das populações de milho BR 106 e IAPAR 26, avaliadas em três ambientes, discutiu a importância do testador adequado na obtenção da estimativa de parâmetros genéticos. Observou que, onde a população IAPAR 26 foi utilizada como testadora na avaliação das progênies S_2 de BR 106, a interação variância genética aditiva interpopulacional (s_A^2) x ambiente teve participação 2,2 vezes menor que o componente s_A^2 , na composição de variância aditiva interpopulacional total, indicando boas possibilidades de ganhos na seleção nos três locais. O mesmo não ocorreu quando a população BR 106 foi utilizada como testadora na avaliação das 90 linhas S_2 oriundas da população IAPAR 26, em que se observou uma participação bem maior da interação, indicando que a utilização desta como testadora acarretaria menores ganhos de seleção que aqueles obtidos quando o testador utilizado fosse a população IAPAR 26.

2.3.3. Avaliação por meio de 'testcross'

Segundo BAUMAN (1981), entre os melhoristas de milho, 78% avaliam a capacidade de combinação por 'testcross', usando uma das três primeiras gerações de autofecundação (S_1 , S_2 ou S_3). A avaliação do 'testcross' para a geração S_1 ou S_2 é chamada de teste precoce. Famílias que não apresentam boa "performance" são descartadas precocemente, para permitir o gasto de recursos nas mais promissoras.

HORNER et al. (1989) estudaram os efeitos dos métodos de seleção com base em progênies autofecundadas (S_2) e seus 'testcrosses' sobre as capacidades geral e específica de combinação em populações melhoradas. Os resultados indicaram que o método de 'testcross' incrementou a produção em

3%, considerando-se todos os cruzamentos. Foi observado, ainda, aumento de 7% quando os melhores 50 cruzamentos dentro de cada método foram levados em conta. Os resultados indicaram, ainda, que o método de 'testcross' parece ser mais efetivo para identificar a capacidade de combinação para produção de grãos que o método de seleção com base em progênies S_2 .

LILE e HALLAUER (1994), estudando a capacidade de combinação de linhagens em gerações precoce (S_2) e tardia, no processo de melhoramento de duas populações de milho, observaram altas correlações genotípicas entre as gerações S_2 e tardia para rendimento de grãos (0,97 para a população BS13(s)CI e 0,86 para a população BSCB1(R)C7). Esses resultados indicam que os dados do 'testcross' na geração S_2 foram altamente preditivos dos dados do 'topcross' da geração S_8 , evidenciando que o teste precoce foi efetivo na discriminação das linhagens, com relação à capacidade de combinação para gerações posteriores de melhoramento.

Também em estudo de correlação genética entre gerações precoce e tardia de autofecundação, BERNARDO (1991) verificou que a correlação genotípica entre a "performance" dos 'testcrosses' das linhagens e a de seus descendentes diretos homozigotos foi 0,71 para S_1 , 0,87 para S_2 , 0,93 para S_3 , 0,97 para S_4 , 0,98 para S_5 e 0,99 para as linhagens S_6 . Além disso, determinou que a efetividade do teste precoce é limitada principalmente por efeitos gênicos não aditivos e por efeitos não genéticos. Devido ao fato de as correlações fenotípicas entre as "performances" das populações nos 'testcrosses' em gerações precoce e tardia serem menores que 1, esse autor concluiu que um teste precoce sempre envolve um risco de descartar famílias endogâmicas que seriam geneticamente superiores quando homozigotas.

Escolher entre o descarte inicial ou a manutenção de grande número de linhagens no teste precoce não é tarefa fácil. No primeiro caso, o pequeno número de linhagens mantidas no teste precoce aumenta o risco de descarte de material superior, embora facilite e reduza o trabalho na condução dos testes. Já a manutenção de um número elevado de linhagens diminui a probabilidade de perder aquelas geneticamente superiores, mas exige um dispendioso processo de teste, para um grande número de linhagens, posterior a um processo de autofecundações. Tentando amenizar essa situação, BERNARDO (1992), estudando a probabilidade de retenção de linhagens

geneticamente superiores durante o teste precoce, examinou a intensidade da seleção apropriada para diferentes gerações e valores de herdabilidade. Segundo ele, baixos valores de herdabilidade diminuem severamente a efetividade do teste precoce. Se a herdabilidade é baixa, a autofecundação das linhagens por duas ou três gerações, antes do 'testcross', pode ser desejável, para aumentar a probabilidade de reter linhagens que apresentariam boa "performance" quando homozigotas.

3. MATERIAL E MÉTODOS

3.1. Material

Foram utilizados dois conjuntos de progênies S_3 da população de milho-pipoca Beija-Flor oriundas do programa de obtenção de linhagens conduzido no Setor de Genética do Departamento de Biologia Geral da Universidade Federal de Viçosa, em Viçosa, MG.

A genealogia das progênies provenientes do programa 1 é apresentada nos Quadros 1 a 4, conforme os resultados obtidos por VILARINHO (2001). A genealogia das progênies oriundas do programa 2 está apresentada no Quadro 5, de acordo com os resultados obtidos por VILARINHO (2001) e SANTOS (2002).

3.2. Métodos

Para avaliação do desempenho das famílias, foram conduzidos dois testes, com repetição apenas das testemunhas, no campo experimental do Setor de Genética da UFV, em Viçosa, MG. No ano agrícola 99/00 foram plantadas 201 famílias do programa 1, sendo a testemunha ISLA 508 repetida 14 vezes. Cada parcela correspondeu a uma fileira de 5 m, com 25 plantas. O espaçamento entre linhas foi de 0,9 m, correspondendo a uma densidade

populacional de aproximadamente 55.555 plantas/ha. Em cada fileira foram autofecundadas de três a cinco plantas com melhores caracteres agronômicos. A cada 16 famílias foi plantada uma fileira da variedade ISLA 508. Em razão de o ensaio servir também de lote de recombinação, promoveu-se o despendoamento da testemunha por ocasião da floração. Um croqui desse teste é apresentado na Figura 1.

Quadro 1 – Progênies S_3 provenientes de 30 famílias S_2 superiores em CE

Famílias S_2	Famílias S_3
17	99-402-1, 99-402-2, 99-990 A 994-1
28	99-415-1, 99-415-2
34	99-423-1, 99-423-2, 99-423-3, 99-423-4, 99-1049 A 1052-1, 99-1049 A 1052-2
40	99-430-1, 99-1076 A 1079-1
41	99-432-1
42	99-433-1, 99-433-2, 99-433-3, 99-1083 A 1085-1, 99-1083 A 1085-1
55	99-449-2, 99-449-3, 99-449-4
62	99-1143 A 1146-1, 99-1143 A 1146-2
63	99-1147 A 1149-1
78	99-478-1, 99-478-2, 99-478-3, 99-1187 A 1189-1
84	99-485-1, 99-485-2, 99-1199 A 1201-1
88	99-490-1, 99-490-2, 99-1210 A 1212-1
89	99-492-1, 99-492-2
91	99-494-1, 99-494-2, 99-494-3, 99-494-4
102	99-507-1, 99-507-2, 99-507-3, 99-1246 A 1247-1
106	99-512-1, 99-512-2, 99-512-3
129	99-540-1, 99-540-2, 99-540-3
133	99-545-1, 99-545-2, 99-545-3
135	99-548-1, 99-548-2, 99-548-3, 99-548-4
151	99-1371 A 1373-2, 99-1371 A 1373-3, 99-1371 A 1373-4, 99-1371 A 1373-5
152	99-569-1, 99-569-2, 99-1374-1
158	99-577-1
168	99-589-1, 99-589-2, 99-589-3, 99-589-4
181	99-605-1, 99-605-2, 99-605-3
186	99-612-1, 99-612-2
194	99-622-1, 99-622-2, 99-622-3
196	99-624-1, 99-624-3
203	99-633-1, 99-633-2, 99-633-3
227	99-663-1, 99-663-2, 99-663-3, 99-663-4
228	99-664-1, 99-664-3

O teste das famílias provenientes do programa 2 foi conduzido no ano agrícola 00/01. Foram plantadas 211 famílias, sendo a testemunha IAC 112 repetida 22 vezes. Cada parcela correspondeu a uma fileira de 5 m, com 30 plantas. O espaçamento entre linhas foi de 0,9 m, correspondendo a uma densidade populacional de aproximadamente 66.667 plantas/ha. Foram autofecundadas de três a cinco plantas superiores em cada família. A cada 10 famílias foi plantada uma fileira do híbrido simples IAC 112, despendoado por ocasião da floração. O croqui desse teste é apresentado na Figura 2.

Para avaliação das famílias em cruzamento, foram utilizados dados provenientes de ensaios de 'topcross'. Com as progênes do programa 1, foram conduzidos quatro ensaios de 'topcrosses' no ano agrícola 00/01. Os híbridos foram obtidos na safra anterior, utilizando-se a população Viçosa como testador. Um ensaio de 'topcross' foi conduzido na Empresa de Pesquisa Agropecuária do Estado do Rio de Janeiro (PESAGRO-RJ), em Campos dos Goytacazes, em látice 10 x 10, com quatro repetições. Outro ensaio foi conduzido na Central de Experimentação, Pesquisa e Extensão do Triângulo Mineiro (CEPET/UFV), em Capinópolis, em látice 9 x 9, com quatro repetições. Os outros dois ensaios de 'topcrosses' foram conduzidos em campo experimental da Universidade Federal de Viçosa em Coimbra, MG, um com três e outro com duas repetições. Ambos os experimentos foram instalados em látices 8 x 8.

Quadro 2 – Progênes S_3 provenientes de 30 famílias S_2 selecionadas com base no índice de MULAMBA e MOCK (1978), com pesos econômicos iguais para produção e CE

Família S_2	Famílias S_3
17	99-402-1, 99-402-2, 99-990 A 994-1
28	99-415-1, 99-415-2
30	99-418-1
40	99-430-1, 99-1076 A 1079-1
41	99-432-1
42	99-433-1, 99-433-2, 99-433-3, 99-1083 A 1085-1, 99-1083 A 1085-1
44	99-435-1, 99-435-2
55	99-449-2, 99-449-3, 99-449-4
71	99-469-1, 99-469-2
78	99-478-1, 99-478-2, 99-478-3, 99-1187 A 1189-1
81	99-482-1, 99-482-2, 99-482-3, 99-1193 A 1194-1
87	99-489-1, 99-489-2, 99-489-3, 99-1207 A 1209-1
88	99-490-1, 99-490-2, 99-1210 A 1212-1
89	99-492-1, 99-492-2
91	99-494-1, 99-494-2, 99-494-3, 99-494-4
102	99-507-1, 99-507-2, 99-507-3, 99-1246 a 1247-1
106	99-512-1, 99-512-2, 99-512-3
109	99-515-1, 99-515-2
118	99-527-1, 99-527-2
121	99-1289-1, 99-1289-2, 99-530-1, 99-530-2, 99-530-3
129	99-540-1, 99-540-2, 99-540-3
133	99-545-1, 99-545-2, 99-545-3
152	99-569-1, 99-569-2, 99-1374-1
158	99-577-1
160	99-579-1, 99-579-2, 99-579-3, 99-579-4, 99-1389 A 1390-1, 99-1389 A 1390-2
168	99-589-1, 99-589-2, 99-589-3, 99-589-4
181	99-605-1, 99-605-2, 99-605-3
186	99-612-1, 99-612-2
194	99-622-1, 99-622-2, 99-622-3
196	99-624-1, 99-624-3
203	99-633-1, 99-633-2, 99-633-3

As parcelas corresponderam a fileiras de 5 m, espaçadas por 0,9 m, com 30 plantas. Todos os experimentos incluíram como testemunhas a população de polinização aberta Viçosa, o híbrido simples IAC 112, o híbrido triplo Zélia e a população Beija-Flor ciclo 1 (fileira de macho).

Quadro 3 – Progênes S₃ provenientes de 30 famílias S₂ superiores em produção

Famílias S ₂	Famílias S ₃
7	99-389-1, 99-389-2
13	99-397-1, 99-397-2, 99-397-3
14	99-398-1, 99-398-2, 99-398-3
15	99-399-1, 99-399-2, 99-983 A 985-1
27	99-414-1, 99-414-2, 99-414-3, 99-1025 A 1027-1, 99-1025 A 1027-2, 99-1025 A 1027-3, 99-1025 A 1027-4, 99-1025 A 1027-5
28	99-415-1, 99-415-2
30	99-418-1
40	99-430-1, 99-1076 A 1079-1
42	99-433-1, 99-433-2, 99-433-3, 99-1083 A 1085-1, 99-1083 A 1085-1
44	99-435-1, 99-435-2
71	99-469-1, 99-469-2
78	99-478-1, 99-478-2, 99-478-3, 99-1187 A 1189-1
81	99-482-1, 99-482-2, 99-482-3, 99-1193 A 1194-1
87	99-489-1, 99-489-2, 99-489-3, 99-1207 A 1209-1
89	99-492-1, 99-492-2
91	99-494-1, 99-494-2, 99-494-3, 99-494-4
102	99-507-1, 99-507-2, 99-507-3, 99-1246 A 1247-1
109	99-515-1, 99-515-2
118	99-527-1, 99-527-2
121	99-1289-1, 99-1289-2, 99-530-1, 99-530-2, 99-530-3
149	99-565-2, 99-565-3, 99-565-4
160	99-579-1, 99-579-2, 99-579-3, 99-579-4, 99-1389 A 1390-1, 99-1389 A 1390-2
168	99-589-1, 99-589-2, 99-589-3, 99-589-4
169	99-590-1
181	99-605-1, 99-605-2, 99-605-3
186	99-612-1, 99-612-2
193	99-620-1
194	99-622-1, 99-622-2, 99-622-3,
203	99-633-1, 99-633-2, 99-633-3
205	99-635-1

Os ensaios de 'topcross' das progênes do programa 2 foram conduzidos no ano agrícola 01/02, um na Universidade Estadual de Maringá (UEM), no Paraná, e outro na CEPET. Os híbridos do programa 2 também são provenientes do cruzamento com Viçosa. Os experimentos foram em látice 12 x 12, com três repetições. As parcelas foram fileiras de 5 m, espaçadas por 0,9 m, com 30 plantas. As testemunhas utilizadas foram as populações de polinização aberta Viçosa e Beija-Flor, os híbridos comerciais IAC 112 e Zélia e a variedade Ângela.

Quadro 4 – Progênies S₃ provenientes de famílias S₂ avançadas e não selecionadas

Famílias S ₂	Famílias S ₃
18	99-403-1
26	99-413-1, 99-413-2
36	99-1056 A 1059-1, 99-1056 A 1059-2, 99-1056 A 1059-3
43	99-434-1, 99-434-2
73	99-472-2, 99-472-3, 99-472-4
77	99-477-1, 99-477-2
85	99-487-1, 99-487-2, 99-1202 A 1203-1
86	99-488-2, 99-488-3, 99-488-4, 99-1204 A 1206-1, 99-1204 A 1206-2, 99-1204 A 1206-3
92	99-495-1, 99-495-2, 99-495-3, 99-495-4, 99-495-5
105	99-510-1, 99-510-2, 99-510-3
115	99-523-1, 99-523-2
116	99-1280 A 1281-1, 99-1280 A 1281-2, 99-524-1
136	99-549-2, 99-549-3
162	99-582-1, 99-582-2
163	99-583-1, 99-583-2, 99-583-3
166	99-587-1, 99-587-2, 99-587-3, 99-587-4
180	99-604-1
187	99-613-1, 99-613-2, 99-613-3
211	99-643-1, 99-643-2
221	99-655-1, 99-655-2
226	99-662-1, 99-662-2, 99-662-3, 99-662-4

Nos experimentos, os tratos culturais empregados, como adubação de fundação e cobertura, irrigação, controle de pragas e ervas, dentre outros, procederam-se conforme as exigências da cultura do milho-pipoca.

Foram avaliadas as seguintes características por parcela:

- (a) Altura de planta (AP) – média das alturas de seis plantas representativas da parcela, tomadas do nível do solo até a inserção da folha-bandeira (m).
- (b) Altura de espigas (AE) – média das alturas das espigas, tomadas do nível do solo até a inserção da espiga superior, nas mesmas plantas utilizadas para a medição de altura.
- (c) Estande final (SF) – número total de plantas, por ocasião da colheita.
- (d) Número de plantas acamadas (NPA) – número de plantas com ângulo superior a 30° entre o colmo e a vertical, por ocasião da colheita.
- (e) Número de plantas quebradas (NPQ) – número de plantas quebradas abaixo da espiga superior, no ato da colheita.
- (f) Número de espigas (NE) – número total de espigas colhidas.
- (g) Peso de 100 grãos (PCG) – peso, em g, de uma amostra de 100 grãos sadios.
- (h) Peso de espigas (PE) – peso, em kg, de espigas despalhadas.
- (i) Peso de grãos (PG) – peso, em kg, de grãos debulhados.

Quadro 5 – Genealogia de progênies S₃ provenientes de famílias S₂ e S₁ selecionadas (SEL.), S₂ selecionadas e S₁ não selecionadas (N.S.), S₂ não selecionadas e S₁ selecionadas e S₂ e S₁ não selecionadas

Famílias S ₂	Estatus de S ₂	Família S ₃	Estatus de S ₃
99-234-2	S ₁ SEL.	00-10-4	S ₂ SEL.
99-320-2	S ₁ SEL.	00-128-3	S ₂ SEL.
99-320-3	S ₁ SEL.	00-129-1	S ₂ SEL.
99-815-1	S ₁ SEL.	00-131-2, 00-131-3	S ₂ SEL.
99-321-3	S ₁ SEL.	00-135-1, 00-135-2, 00-135-3	S ₂ SEL.
99-323-1	S ₁ SEL.	00-137-1, 00-137-2	S ₂ SEL.
99-323-2	S ₁ SEL.	00-138-1, 00-138-2	S ₂ SEL.
99-323-4	S ₁ SEL.	00-141-1	S ₂ SEL.
99-324-1	S ₁ SEL.	00-142-2	S ₂ SEL.
99-333-1	S ₁ SEL.	00-152-1	S ₂ SEL.
99-333-3	S ₁ SEL.	00-154-1	S ₂ SEL.
99-333-5	S ₁ SEL.	00-156-1, 00-156-2	S ₂ SEL.
99-334-4	S ₁ SEL.	00-161-3	S ₂ SEL.
99-340-1	S ₁ SEL.	00-169-1, 00-169-2	S ₂ SEL.
99-343-4	S ₁ SEL.	00-179-1, 00-179-2	S ₂ SEL.
99-354-1	S ₁ SEL.	00-205-3	S ₂ SEL.
99-354-2	S ₁ SEL.	00-206-1	S ₂ SEL.
99-355-1	S ₁ SEL.	00-207-1, 00-207-2, 00-207-3	S ₂ SEL.
99-355-2	S ₁ SEL.	00-208-1	S ₂ SEL.
99-356-1	S ₁ SEL.	00-211-1, 00-211-4, 00-211-5	S ₂ SEL.
99-356-2	S ₁ SEL.	00-212-3, 00-212-4	S ₂ SEL.
99-368-1	S ₁ SEL.	00-227-1	S ₂ SEL.
99-368-3	S ₁ SEL.	00-228-1, 00-228-2	S ₂ SEL.
99-251-2	S ₁ SEL.	00-32-3	S ₂ SEL.
99-293-1	S ₁ SEL.	00-82-1	S ₂ SEL.
99-293-2	S ₁ SEL.	00-83-1	S ₂ SEL.
99-293-3	S ₁ SEL.	00-84-3	S ₂ SEL.
99-294-1	S ₁ SEL.	00-86-1	S ₂ SEL.
99-298-2	S ₁ SEL.	00-89-2	S ₂ SEL.
99-234-1	S ₁ SEL.	00-9-1	S ₂ SEL.
99-298-3	S ₁ SEL.	00-91-4	S ₂ SEL.
99-298-4	S ₁ SEL.	00-92-1	S ₂ SEL.
99-233-3	S ₁ N.S.	00-8-1	S ₂ SEL.
99-248-1	S ₁ N.S.	00-26-4	S ₂ SEL.
99-260-2	S ₁ N.S.	00-47-1	S ₂ SEL.
99-266-1	S ₁ N.S.	00-48-1	S ₂ SEL.
99-266-2	S ₁ N.S.	00-49-2	S ₂ SEL.
99-275-2	S ₁ N.S.	00-56-1	S ₂ SEL.
99-278-2	S ₁ N.S.	00-59-1	S ₂ SEL.
99-285-1	S ₁ N.S.	00-67-1	S ₂ SEL.
99-301-3	S ₁ N.S.	00-95-1	S ₂ SEL.
99-304-1	S ₁ N.S.	00-99-1	S ₂ SEL.
99-304-5	S ₁ N.S.	00-104-1	S ₂ SEL.
99-310-1	S ₁ N.S.	00-105-2	S ₂ SEL.
99-310-2	S ₁ N.S.	00-106-2	S ₂ SEL.
99-310-5	S ₁ N.S.	00-109-1, 00-109-2, 00-109-3	S ₂ SEL.
99-314-5	S ₁ N.S.	00-117-3	S ₂ SEL.
99-320-1	S ₁ N.S.	00-127-1	S ₂ SEL.
99-326-1	S ₁ N.S.	00-146-2	S ₂ SEL.
99-329-2	S ₁ N.S.	00-148-2	S ₂ SEL.
99-334-2	S ₁ N.S.	00-158-2	S ₂ SEL.
99-335-1	S ₁ N.S.	00-163-1	S ₂ SEL.
99-351-1	S ₁ N.S.	00-195-1	S ₂ SEL.
99-353-1	S ₁ N.S.	00-199-3	S ₂ SEL.
99-353-2	S ₁ N.S.	00-201-2	S ₂ SEL.
99-353-3	S ₁ N.S.	00-202-1	S ₂ SEL.
99-361-2	S ₁ N.S.	00-220-1	S ₂ SEL.
99-363-3	S ₁ N.S.	00-223-2, 00-223-4	S ₂ SEL.

Familias S ₂	Estatus de S ₂	Familia S ₃	Estatus de S ₃
99-363-4	S ₁ N.S.	00-224-4, 00-224-5	S ₂ SEL.
99-370-1	S ₁ N.S.	00-231-1, 00-231-2	S ₂ SEL.
99-383 A 385-1	S ₁ N.S.	00-209-1, 00-209-2	S ₂ SEL.
99-724 A 725-1	S ₁ N.S.	00-42-2	S ₂ SEL.
99-770-1	S ₁ N.S.	00-76-1, 00-76-2, 00-76-3	S ₂ SEL.
99-234-1	S ₁ SEL.	00-9-2	S ₂ N.S.
99-234-2	S ₁ SEL.	00-10-1, 00-10-2, 00-10-3	S ₂ N.S.
99-251-1	S ₁ SEL.	00-31-1, 00-31-2	S ₂ N.S.
99-251-2	S ₁ SEL.	00-32-1, 00-32-2, 00-32-4	S ₂ N.S.
99-293-1	S ₁ SEL.	00-82-2, 00-82-3	S ₂ N.S.
99-293-3	S ₁ SEL.	00-84-1, 00-84-2	S ₂ N.S.
99-294-1	S ₁ SEL.	00-86-2	S ₂ N.S.
99-298-2	S ₁ SEL.	00-89-1, 00-89-3, 00-89-4	S ₂ N.S.
99-298-3	S ₁ SEL.	00-91-1, 00-91-2, 00-91-3	S ₂ N.S.
99-298-4	S ₁ SEL.	00-92-2	S ₂ N.S.
99-298-7	S ₁ SEL.	00-93-1	S ₂ N.S.
99-320-2	S ₁ SEL.	00-128-1, 00-128-2	S ₂ N.S.
99-320-3	S ₁ SEL.	00-129-2	S ₂ N.S.
99-321-1	S ₁ SEL.	00-133-1, 00-133-2, 00-133-3	S ₂ N.S.
99-323-1	S ₁ SEL.	00-137-3	S ₂ N.S.
99-323-2	S ₁ SEL.	00-138-3	S ₂ N.S.
99-323-3	S ₁ SEL.	00-139-1, 00-139-2	S ₂ N.S.
99-323-4	S ₁ SEL.	00-141-2	S ₂ N.S.
99-325-3	S ₁ SEL.	00-144-1, 00-144-2	S ₂ N.S.
99-333-2	S ₁ SEL.	00-153-1, 00-153-2, 00-153-3	S ₂ N.S.
99-333-3	S ₁ SEL.	00-154-2	S ₂ N.S.
99-333-5	S ₁ SEL.	00-156-3, 00-156-4, 00-156-5	S ₂ N.S.
99-334-4	S ₁ SEL.	00-161-1, 00-161-2	S ₂ N.S.
99-334-5	S ₁ SEL.	00-162-1, 00-162-2	S ₂ N.S.
99-340-1	S ₁ SEL.	00-169-3	S ₂ N.S.
99-341-1	S ₁ SEL.	00-173-1, 00-173-2, 00-173-3	S ₂ N.S.
99-341-2	S ₁ SEL.	00-174-1, 00-174-2, 00-174-3	S ₂ N.S.
99-341-3	S ₁ SEL.	00-175-1, 00-175-2, 00-175-3	S ₂ N.S.
99-343-1	S ₁ SEL.	00-176-1, 00-176-2	S ₂ N.S.
99-343-3	S ₁ SEL.	00-178-1, 00-178-2	S ₂ N.S.
99-345-1	S ₁ SEL.	00-183-1, 00-183-2, 00-183-3	S ₂ N.S.
99-348-1	S ₁ SEL.	00-186-1, 00-186-2, 00-186-3	S ₂ N.S.
99-348-3	S ₁ SEL.	00-188-1, 00-188-2	S ₂ N.S.
99-349-1	S ₁ SEL.	00-189-1, 00-189-2	S ₂ N.S.
99-354-1	S ₁ SEL.	00-205-1, 00-205-2, 00-205-4	S ₂ N.S.
99-354-2	S ₁ SEL.	00-206-2	S ₂ N.S.
99-355-2	S ₁ SEL.	00-208-2	S ₂ N.S.
99-356-1	S ₁ SEL.	00-211-2, 00-211-3	S ₂ N.S.
99-356-2	S ₁ SEL.	00-212-1, 00-212-2	S ₂ N.S.
99-368-1	S ₁ SEL.	00-227-2	S ₂ N.S.
99-369-1	S ₁ SEL.	00-230-1	S ₂ N.S.
99-679 a 682-1	S ₁ SEL.	00-12-1, 00-12-2, 00-12-3	S ₂ N.S.
99-815-1	S ₁ SEL.	00-131-1	S ₂ N.S.
99-818-1	S ₁ SEL.	00-136-1, 00-136-2	S ₂ N.S.
99-825-1	S ₁ SEL.	00-145-1	S ₂ N.S.
99-852 A 854-2	S ₁ SEL.	00-172-1, 00-172-2	S ₂ N.S.
99-253-1	S ₁ N.S.	00-33-1	S ₂ N.S.
99-266-2	S ₁ N.S.	00-49-1	S ₂ N.S.
99-275-2	S ₁ N.S.	00-56-2	S ₂ N.S.
99-304-1	S ₁ N.S.	00-99-2	S ₂ N.S.
99-304-5	S ₁ N.S.	00-104-2	S ₂ N.S.
99-310-1	S ₁ N.S.	00-105-1, 00-105-3	S ₂ N.S.
99-310-5	S ₁ N.S.	00-109-4	S ₂ N.S.
99-315-1	S ₁ N.S.	00-118-2	S ₂ N.S.
99-320-1	S ₁ N.S.	00-127-2, 00-127-3	S ₂ N.S.
99-326-1	S ₁ N.S.	00-146-1	S ₂ N.S.
99-329-1	S ₁ N.S.	00-147-1, 00-147-2	S ₂ N.S.
99-329-2	S ₁ N.S.	00-148-1, 00-148-3	S ₂ N.S.
99-334-2	S ₁ N.S.	00-158-1	S ₂ N.S.

Famílias S ₂	Estatus de S ₂	Família S ₃	Estatus de S ₃
99-339-3	S ₁ N.S.	00-168-2	S ₂ N.S.
99-351-1	S ₁ N.S.	00-195-2, 00-195-3, 00-195-4	S ₂ N.S.
99-351-3	S ₁ N.S.	00-197-1, 00-197-2	S ₂ N.S.
99-353-1	S ₁ N.S.	00-199-1, 00-199-2	S ₂ N.S.
99-353-2	S ₁ N.S.	00-201-1	S ₂ N.S.
99-359-1	S ₁ N.S.	00-216-1, 00-216-2, 00-216-3	S ₂ N.S.
99-363-3	S ₁ N.S.	00-223-1, 00-223-3	S ₂ N.S.
99-383 A 385-1	S ₁ N.S.	00-209-3, 00-209-4	S ₂ N.S.
99-726 A 728-1	S ₁ N.S.	00-45-2	S ₂ N.S.
99-760 A 761-1	S ₁ N.S.	00-62-1	S ₂ N.S.

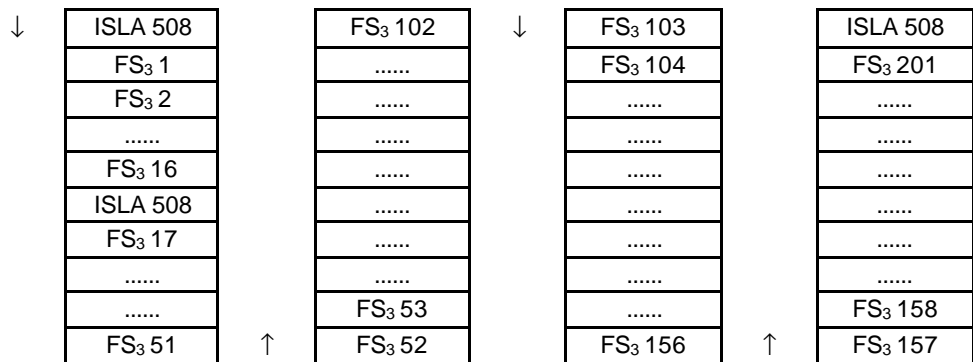


Figura 1- Croqui do teste das progênies do programa 1.

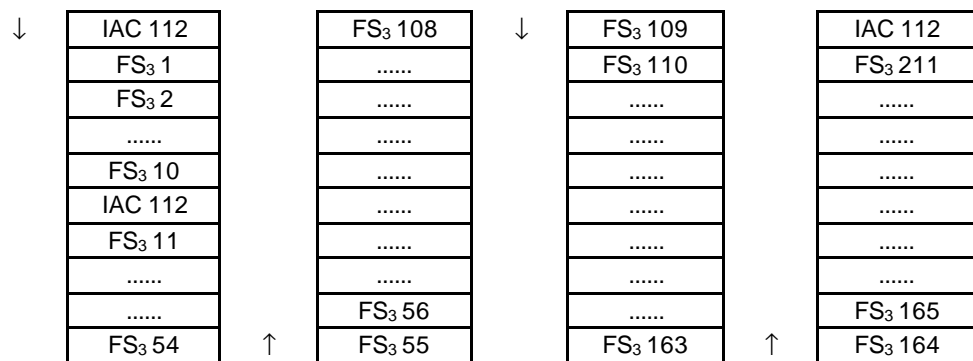


Figura 2- Croqui do teste das progênies do programa 2.

- (j) Umidade de grãos (UG) – medida logo após a pesagem dos grãos.
- (k) Número de espigas mal empalhadas (NEME).
- (l) Número de espigas atacadas por pragas (NEAP).
- (m) Número de espigas doentes (NED) – com mais de 5% de grãos doentes.
- (n) Capacidade de expansão (CE) – relação entre o volume de pipoca, em mL, e o peso de grãos, em g.

Nas plantas autofecundadas foram determinados o peso de grãos da espiga autofecundada e a CE.

A capacidade de expansão das famílias e dos híbridos foi mensurada, utilizando-se amostra de 30 g de grãos por parcela, estourada em pipoqueira de ar quente com 1.250 watts de potência. A CE dos híbridos também foi mensurada na Metric Weight Volume Tester (MWVT), a partir de amostras de 250 g. A CE das plantas autofecundadas foi medida a partir de 10 g, na pipoqueira de ar quente.

3.2.1. Correção de dados

Os dados de produção e peso de 100 grãos foram corrigidos para umidade-padrão de 14,5%. A correção foi com base na seguinte equação:

$$P_c = \frac{P(1 - U)}{(1 - 0,145)}$$

em que

P_c = peso da amostra corrigido para umidade de 14,5%;

P = peso da amostra ou peso de campo;

U = umidade da amostra (em decimais).

Também, visto que nem sempre é observado estande ideal por ocasião da colheita, faz-se necessário um ajuste na produção (PG), em razão de falhas de plantas nas parcelas. Esse ajuste foi feito utilizando-se a correção por análise de covariância, de acordo com a expressão apresentada por VENCOSKY e CRUZ (1991):

$$z_{ij} = y_{ij} - b(x_{ij} - SI)$$

em que

z_{ij} = rendimento corrigido da parcela ij ;

y_{ij} = rendimento da parcela ij ;

x_{ij} = número de plantas da parcela ij ;

b = coeficiente de regressão residual de y_{ij} em função de x_{ij} ; e

SI = estande ideal (25 ou 30, dependendo do ensaio).

O coeficiente de regressão residual é estimado pela seguinte expressão:

$$b = \frac{Cov_R(PG, SF)}{V_R(SF)}$$

em que

$Cov_R(PG,SF)$ = covariância residual entre as características PG e SF; e
 $V_R(SF)$ = variância residual da característica SF.

3.2.2. Análises de variância

As análises de variância dos testes das famílias foram realizadas, admitindo-se delineamento inteiramente casualizado com número desigual de repetições e utilizando o programa computacional GENES (CRUZ, 1997). No Quadro 6 são apresentadas as esperanças dos quadrados médios da análise de variância. O quadrado médio de famílias é a variância dos valores fenotípicos das progênes e o quadrado médio do resíduo, a variância dos valores fenotípicos da testemunha.

Quadro 6 – Esquema da análise de variância de um experimento com f famílias e uma única testemunha repetida r vezes

FV	GL	QM	E(QM) ^{1/}
Famílias (F)	f -1	QMF	$S_{PbF}^2 = S^2 + S_{GbF}^2$
F vs. testemunha	1	-	-
Resíduo	r -1	QMR	S^2
Total	f + r -1		

^{1/} S_{GbF}^2 = variância das médias genotípicas das famílias.

Com os dados dos 'topcrosses', foram realizadas análises individual e conjunta. O modelo estatístico utilizado na análise individual admitiu delineamento em látice. Em razão do número desigual de tratamentos nos ensaios, a análise conjunta foi realizada, admitindo-se delineamento em blocos casualizados. As esperanças dos quadrados médios das análises individual e conjunta são apresentadas nos Quadros 7 e 8, respectivamente. No processamento das análises, utilizou-se o programa computacional SAS.

Na análise conjunta, os componentes S_a^2 , $S_{b/a}^2$, S_{ft}^2 , S_{txa}^2 , S_{ftxa}^2 e S_{texa}^2 correspondem, respectivamente, às variâncias para ambientes, blocos dentro de ambientes, famílias de 'topcross', tratamento x ambiente, famílias de 'topcross'

x ambientes e testemunhas x ambientes, enquanto Φ_{te}^2 é o componente quadrático para testemunhas.

Quadro 7 – Esquema da análise de variância de um experimento em látice k x k, com r repetições, sendo os $k^2 = t$ tratamentos constituídos de ft famílias de ‘topcross’ e te testemunhas

FV	GL	QM	E(QM) ^{1/}
Repetições	(r - 1)	QMR	$S^2 + ks_b^2 + ts_r^2$
Blocos/Rep.(aj.)	r(k - 1)	QMB/R	$S^2 + \left(\frac{r-1}{r}\right)ks_b^2$
Tratamentos (aj.)	(t - 1)	QMT	-
Famílias de ‘topcross’(FT)	(f _t - 1)	QMFT	$S^2 + \left(\frac{k}{k+1}\right)rs_{Gbft}^2$
Testemunhas (Te)	(t _e - 1)	QMTe	-
FT vs. Te	1	QMFTvsTe	-
Resíduo	(k - 1)(rk - k - 1)	QMRes	S^2

^{1/} S_b^2 , S_r^2 , S_t^2 e S_{GbFT}^2 correspondem aos componentes de variância para blocos, repetições, tratamentos e famílias de ‘topcross’, respectivamente.

Quadro 8 – Esquema da análise de variância conjunta de experimentos em blocos casualizados com r repetições e t_c tratamentos, sendo estes ft famílias de ‘topcross’ (FT) e te testemunhas (Te), em a ambientes

FV	GL	QM	E(QM)
Blocos/Ambientes	a(r - 1)	QMB/A	$S^2 + ts_{b/a}^2$
Tratamentos (T)	(t _c - 1)	QMT	-
FT	(f _t - 1)	QMFT	$S^2 + rs_{fixa}^2 + ras_{ft}^2$
Te	(t _e - 1)	QMTe	$S^2 + rs_{texa}^2 + ra\Phi_{te}^2$
FT vs Te	1	QMFTvsTe	-
Ambientes (A)	a-1	QMA	$S^2 + rs_{txa}^2 + ts_{b/a}^2 + trs_a^2$
T x A	(t _c - 1)(a - 1)	QMT x A	$S^2 + rs_{txa}^2$
FT x A	(f _t - 1)(a - 1)	QMFT x A	$S^2 + rs_{fixa}^2$
Te x A	(t _e - 1)(a - 1)	QMTe x A	$S^2 + rs_{texa}^2$
FT vs Te x A	1	QMFTvsTe x A	-
Resíduo	a(r-1)(t _c -1)	QMRes	S^2

3.2.3. Estimação de parâmetros genéticos

3.2.3.1. Variâncias genóticas

O estimador da variância genotípica entre famílias é

$$\hat{S}_{GbF}^2 = QMF - QMR$$

O estimador da variância genotípica dentro de famílias é

$$\hat{S}_{GwF}^2 = \hat{S}_{PwF}^2 - \hat{S}_w^2$$

em que

\hat{S}_{PwF}^2 = média das variâncias dos valores fenotípicos de plantas dentro de progênie; e

\hat{S}_w^2 = variância ambiental dentro de famílias, obtida dos valores fenotípicos de plantas do híbrido simples modificado IAC 112.

3.2.3.2. Herdabilidades

O conhecimento da porção herdável da variância de um caráter é o principal passo a ser dado na condução de um programa de melhoramento. Uma herdabilidade em sentido amplo muito baixa indica que pouco ou nenhum progresso no melhoramento será alcançado.

O estimador da herdabilidade em nível de média de família é

$$h^2 = \frac{\hat{S}_{GbF}^2}{\hat{S}_{PbF}^2}$$

A herdabilidade em nível de planta dentro de família é

$$h_w^2 = \frac{\hat{S}_{GwF}^2}{\hat{S}_{PwF}^2}$$

3.2.3.3. Correlações genotípicas e fenotípicas

É comum, em programas de melhoramento, a seleção simultânea de duas ou mais características. Muitos caracteres de importância econômica apresentam herança complexa e podem estar correlacionados. O estudo de correlações entre caracteres é, portanto, de fundamental importância em programas de melhoramento, principalmente se o caráter desejável é de baixa herdabilidade.

Segundo CRUZ (1997), a correlação simples permite avaliar a magnitude e o sentido da relação entre dois caracteres, sendo de grande utilidade no melhoramento, por permitir avaliar a viabilidade da prática da seleção indireta, que, em alguns casos, poderá levar a progressos mais rápidos do que a seleção com base no caráter desejado.

O estimador da correlação genotípica, para avaliar os efeitos indiretos da seleção entre famílias, é

$$\hat{r}_{G(X,Y)} = \frac{\hat{C}ov_G(X, Y)}{\sqrt{\hat{s}_{GbF(X)}^2 \hat{s}_{GbF(Y)}^2}}$$

sendo $\hat{C}ov_G(X, Y)$ o estimador da covariância genotípica entre X e Y, dado pela equação

$$\hat{C}ov_G(X, Y) = \frac{\hat{s}_{GbF(X+Y)}^2 - \hat{s}_{GbF(X)}^2 - \hat{s}_{GbF(Y)}^2}{2}$$

em que $\hat{s}_{GbF(X+Y)}^2$, $\hat{s}_{GbF(X)}^2$ e $\hat{s}_{GbF(Y)}^2$ correspondem, respectivamente, aos estimadores das variâncias genotípicas entre famílias das variáveis X+Y, X e Y.

A correlação entre valores genotípicos de mesma planta dentro de famílias, em relação a dois caracteres, é

$$\hat{r}_{Gw(X,Y)} = \frac{\hat{C}ov_{GwF}(X, Y)}{\sqrt{\hat{s}_{GwF(X)}^2 \hat{s}_{GwF(Y)}^2}}$$

sendo $\hat{C}ov_{GwF}(X, Y)$ o estimador da covariância genotípica, dentro de família, dado pela equação

$$\hat{C}ov_{GwF}(X, Y) = \frac{\hat{s}_{GwF(X+Y)}^2 - \hat{s}_{GwF(X)}^2 - \hat{s}_{GwF(Y)}^2}{2}$$

em que $\hat{s}_{GWF(X+Y)}^2$, $\hat{s}_{GWF(X)}^2$ e $\hat{s}_{GWF(Y)}^2$ correspondem, respectivamente, aos estimadores das variâncias genóticas dentro de famílias das variáveis X+Y, X e Y.

3.2.4. Predição de ganhos genéticos

Considerando principalmente os resultados obtidos por SANTOS (2002), adotou-se a estratégia de seleção entre e dentro para identificação das famílias S_4 superiores.

Os ganhos genéticos esperados com seleção entre e dentro foram calculados pela seguinte expressão:

$$\Delta G = p.DS.h^2$$

em que

p = controle parental - seu valor é $\frac{1}{2}$ no caso de melhoramento intrapopulacional e 1 no caso de seleção visando à produção de linhagens;

DS = diferencial de seleção; e

h^2 = herdabilidade em sentido amplo.

Essa expressão, contudo, fornece apenas um resultado aproximado de ganho genético. Entretanto, como não é possível estimar os componentes s_A^2 , s_D^2 , $4 \sum_{i=1}^k p_i q_i (p_i - q_i) a_i d_i$ e $\sum_{i=1}^k p_i q_i d_i^2$, em populações endogâmicas, assumiram-se como ganho os resultados obtidos pela expressão descrita anteriormente. Caso fosse possível a estimação desses quatro componentes, os ganhos preditos com seleção entre ΔG_b e dentro ΔG_w seriam computados pelas seguintes expressões:

$$? G_b = \frac{\text{Cov}(FS_n, FS_{n+1})}{S_{PbFS_n}^2} DS_b$$

$$? G_w = \frac{\text{Cov}(S_n, FS_{n+1})}{S_{PwFS_n}^2} DS_w$$

em que

$\text{Cov}(FS_n, FS_{n+1})$ = covariância genotípica entre a média de família S_n e a média dos descendentes S_{n+1} , dada genericamente por

$$Cov(FS_n, FS_{n+t}) = 2Fs_A^2 + \left[(1-F^2) \left(\frac{1}{2} \right)^t (1+2^{t+1}+F) - 4F \right] s_D^2 + \left\{ 2F - (1-F) \left[\frac{1}{2} + \left(\frac{1}{2} \right)^{t+1} \right] \right\} \\ 4pq(p-q)ad + \left[4F - (1-F) \left(\frac{1}{2} \right)^t (1+2^{t+1}) \right] pqd^2$$

$Cov(S_n, FS_{n+1})$ = covariância genotípica entre indivíduo S_n e seus descendentes S_{n+1} , dada genericamente por

$$Cov(S_n, FS_{n+t}) = (1+F)s_A^2 + \left[(1-F^2) \left(\frac{1}{2} \right)^t - 4F \right] s_D^2 + 4pq(p-q)ad \left[\frac{1+3F}{2} - (1-F) \left(\frac{1}{2} \right)^{t+1} \right] \\ + 4Fpqd^2$$

$s_{PbFS_n}^2$, e $s_{PwFS_n}^2$ = variâncias fenotípicas entre progênes S_n , e dentro de progênes S_n , respectivamente; e

DS_b , DS_w , = diferenciais de seleção entre e dentro, respectivamente.

A predição de ganho indireto em uma característica (Y), devido à seleção com base em outra (X), foi calculada pela seguinte fórmula:

$$\Delta G_{Y(X)} = p.DS_{Y(X)}.h_Y^2$$

em que

p = controle parental; assume valor $\frac{1}{2}$ ou 1, no caso de melhoramento intrapopulacional e seleção visando à produção de linhagens, respectivamente;

$DS_{Y(X)}$ = diferencial de seleção indireto, obtido pela diferença entre a média em relação ao caráter Y, nas unidades selecionadas com base em X, e a média da população original, também com relação a Y; e

h_Y^2 = herdabilidade em sentido amplo do caráter Y.

As estratégias de seleção entre e dentro consideradas foram seleção direta com base em CE e seleção com base no índice de Mulamba e Mock, função de CE e produção.

3.2.5. Estimação dos efeitos de capacidade geral de combinação

Os efeitos de capacidade geral de combinação (CGC) das famílias S_3 , por ambiente, foram estimados com base nas médias ajustadas das famílias de 'topcross', obtidas das análises em látice. O efeito de CGC da família i é

$$CGC(FS_{3i}) = \bar{Y}_{(i_x T)} - \bar{Y}_{(\bullet_x T)}$$

em que

$\bar{Y}_{(i_x T)}$ = média da família i em cruzamento; e

$\bar{Y}_{(\bullet_x T)}$ = média das progênes de 'topcross'.

3.2.6. Índices de seleção

Com o propósito de selecionar famílias S_3 , visando à obtenção de progênes S_4 superiores e utilizando as informações do desempenho individual e em cruzamento, foi mais uma vez empregado o índice de Mulamba e Mock, definido por

$$I_i = p_1 r_{1i} + p_2 r_{2i} + p_3 r_{3i} + p_4 r_{4i} + p_5 r_{5i}$$

em que

p_1 = peso do mérito da família em relação à CE, medida em pipoqueira de ar quente;

r_{1i} = "rank" da família i em relação à CE, medida em pipoqueira de ar quente;

p_2 = peso do mérito da família em relação à produção;

r_{2i} = "rank" da família i em relação à produção;

p_3 = peso do mérito da família em cruzamento, em relação à CE medida em pipoqueira de ar quente ou na pipoqueira do CNPDIA;

r_{3i} = "rank" da família i em cruzamento, em relação à CE medida em pipoqueira de ar quente ou na pipoqueira do CNPDIA;

p_4 = peso do mérito da família em cruzamento, em relação à CE medida na MWVT;

r_{4i} = "rank" da família i em cruzamento, em relação à CE medida na MWVT;

p_5 = peso do mérito da família em cruzamento, em relação à produção; e

r_{5i} = "rank" da família i em cruzamento, em relação à produção.

Para cálculo dos índices, foram atribuídos os seguintes conjuntos de pesos:

Índice 1

$p_1 = 3, p_2 = 1, p_3 = 1,5, p_4 = 1,5$ e $p_5 = 1$

Índice 2

$p_1 = 3, p_2 = 1, p_3 = 0,75, p_4 = 0,75$ e $p_5 = 0,5$

Índice 3

$p_1 = 3, p_2 = 1, p_3 = 0,5, p_4 = 0,5$ e $p_5 = 1/3$

Nesses índices, o peso do mérito em qualidade é três vezes maior que o peso do mérito em produção, tanto no comportamento individual quanto em cruzamento. Há, contudo, diferenças entre os índices quanto aos pesos dos “ranks” dos desempenhos individuais e em cruzamento. No índice 1, a soma dos pesos dos “ranks” quanto ao mérito individual é igual à soma dos “ranks” do desempenho em cruzamento. As proporções em relação aos índices 2 e 3 são de 2 para 1 e 3 para 1, respectivamente.

Com relação à CE, medida em pipoqueira de ar quente, e à produção, foram calculados índices de seleção combinada, dados genericamente por

$$I = \hat{b}_1(\bar{Y}_i - \bar{Y}_.) + \hat{b}_2(\bar{Y}_{(i \times T)} - \bar{Y}_{(\cdot \times T)})$$

em que

$$\hat{b}_1 = \frac{v_2 c_2 - c_1 c_3}{v_1 v_2 - c_1^2} \text{ é o peso do mérito individual; e}$$

$$\hat{b}_2 = \frac{v_1 c_3 - c_1 c_2}{v_1 v_2 - c_1^2} \text{ é o peso do mérito em cruzamento.}$$

Sendo

$$v_1 = \left(\frac{F_e - 1}{F_e} \right) \hat{S}_{GbFS_n}^2 + \left(\frac{F_e - 1}{r_1 F_e} \right) \hat{S}_1^2$$

$$v_2 = \left(\frac{F_t - 1}{F_t} \right) \hat{S}_{GbFT}^2 + \left(\frac{F_t - 1}{r_2 F_t} \right) \hat{S}_2^2$$

$$c_1 = \left(\frac{F_e F_t - F_e - F_t - F}{F_e F_t} \right) \text{côv}(FS_n, FS_n \times T)$$

$$c_2 = \left(\frac{F_e - 1}{F_e} \right) \hat{S}_{GbFS_n}^2$$

$$c_3 = \left(\frac{F_t - 1}{F_t} \right) \text{côv}(FS_n, FS_n \times T)$$

em que

\bar{Y}_i = média da família i ;

$\bar{Y}_.$ = média de todas as famílias;

F_e = número de progênies no teste;

F_t = número de famílias de 'topcross';

F = número de famílias comuns ao teste e ao 'topcross';

r_1 = número de repetições no teste de famílias;

r_2 = número de repetições no 'topcross';

$\hat{S}_{GbFS_n}^2$ = estimador da variância genotípica entre famílias S_n ;

\hat{S}_{GbFT}^2 = estimador da variância genotípica entre famílias de 'topcross';

\hat{S}_1^2 = estimador da variância ambiental no teste de famílias;

\hat{S}_2^2 = estimador da variância ambiental no 'topcross'; e

$\hat{c}ov(FS_n, FS_{(n \times T)})$ = estimador da covariância entre valor fenotípico de família S_n

e o valor fenotípico da família em cruzamento.

Os pesos \hat{b}_1 e \hat{b}_2 são os que minimizam a variância da diferença entre valor genotípico de famílias S_n em cruzamento e o seu valor genotípico predito pelo índice de seleção combinada $I = \hat{b}_1(\bar{Y}_i - \bar{Y}_\bullet) + \hat{b}_2(\bar{Y}_{(i \times T)} - \bar{Y}_{(\bullet \times T)})$. Os valores dos índices de seleção combinada foram empregados para o cálculo do índice de Mulamba e Mock, com pesos 3 e 1 para os "ranks" das famílias em relação aos índices de seleção combinada de CE e produção, respectivamente.

4. RESULTADOS E DISCUSSÃO

4.1. Avaliação de famílias S₃ do programa 1

4.1.1. Análises de variância

Das 201 famílias plantadas no teste, só foi possível a avaliação de 176, em virtude de perdas de parcelas experimentais. Considerando os testes nas análises de variância (Quadro 9), verificou-se variabilidade genética para altura de planta, proporção de plantas acamadas, índice de prolificidade, produção de grãos e capacidade de expansão. Observou-se, em algumas características, coeficiente de variação relativamente elevado, tanto para famílias quanto para testemunhas. Entretanto, para a maioria dos caracteres, os valores são inferiores aos obtidos com famílias de meios-irmãos (MATTA, 2000) e famílias endogâmicas S₁ e S₂ (VILARINHO, 2001) da população, indicando que os valores obtidos não devem ser considerados anormais para o sistema de avaliação empregado no programa de melhoramento de Beija-Flor.

As famílias apresentaram, em média, uma boa produção de grãos, chegando a um máximo de 3.753 kg/ha. Comparativamente à testemunha, as famílias foram, em média, 45% mais produtivas, o que, certamente, é consequência do despendoamento, o que reduz o porte e a produção. Contudo, nem sempre é observado decréscimo na produção em virtude do

Quadro 9- Análises de variância dos caracteres altura de planta (AP, m), altura de espiga (AE, m), estande final (SF), proporção de plantas acamadas (PPA), proporção de plantas quebradas (PPQ), proporção de espigas mal empalhadas (PEME), proporção de espigas atacadas por pragas (PEAP), proporção de espigas doentes (PED), índice de prolificidade (IP), peso de 100 grãos corrigido para umidade-padrão de 14,5% (PCGu, g), produção corrigida para umidade-padrão de 14,5% e estande final de 25 plantas (kg/ha) e capacidade de expansão (CE, mL/g), no ensaio com progênies do programa 1

FV	GL	QM											
		AP	AE	SF	PPA	PPQ	PEME	PEAP	PED	IP	PCGu	Produção	CE
Famílias	175	0,0806*	0,0343 ^{ns}	34,5194 ^{ns}	0,0427*	0,0062 ^{ns}	0,0372 ^{ns}	0,0285 ^{ns}	0,0281 ^{ns}	0,1649*	2,6153 ^{ns}	554532,63**	36,5489*
Resíduo	10	0,0215	0,0150	30,6000	0,0117	0,0034	0,0316	0,0150	0,0376	0,0534	1,9291	101750,65	12,8660
Máximo fam.		2,50	1,55	30	1,00	0,75	1,00	0,83	0,88	3,33	18,97	3752,82	40,67
Média fam.		1,86	0,95	20,08	0,22	0,07	0,18	0,32	0,31	0,75	13,92	1194,71	22,71
Mínimo fam.		0,93	0,34	3	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,06	10,11	89,18	6,67
Média ISLA 508		1,38	0,71	19	0,10	0,06	0,21	0,36	0,51	0,56	11,80	824,00	29,94
CV% fam.		7,89	12,82	27,55	49,49	83,01	101,54	38,82	61,93	30,80	9,98	26,70	15,79
CV% ISLA 508		10,66	17,12	29,11	106,83	103,08	83,98	33,98	37,82	41,58	11,77	38,71	11,98

ns, * e **: não significativo (P > 0,05) e significativos a 5 e 1% de probabilidade, respectivamente, pelo teste F.

despendoamento. MAGALHÃES et al. (1993) observaram que o arranquio manual do pendão aumentou a produtividade das plantas, em comparação com a testemunha (não despendoada), devido à eliminação de um dreno competidor (pendão).

A CE das famílias apresentou grande variação e foi, em média, inferior à média de ISLA 508 em cerca de sete unidades, mas 11% das famílias apresentaram CE igual ou superior a 30. Grandes amplitudes nos valores de CE (de 14,33 a 40 mL/g) já tinham sido observadas em famílias S_2 oriundas da mesma população (VILARINHO, 2001). Entretanto, levando-se em conta somente esse aspecto e considerando que a amplitude observada nas famílias S_2 foi menor que em S_3 (6,67 a 40,67 mL/g), há indícios de que a endogamia tenha aumentado a variabilidade genética de uma geração à outra. Resultados dessa natureza são esperados quando não há dominância entre alelos. Contudo, a variação de cinco unidades na média do caráter da geração S_2 para S_3 indica efeito de dominância entre os genes.

Em média, as famílias apresentaram elevado índice de acamamento (120% a mais que a testemunha). Entretanto, como há variabilidade na população para esse caráter, ênfase à seleção de progênies e plantas eretas pode reduzir a proporção de plantas acamadas. As proporções de espigas mal empalhadas, com pragas e doenças, também apresentaram valores médios elevados, infelizmente sem evidências amostrais de variabilidade. Essa não-significância do teste pode ser devida aos altos valores estimados de variação ambiental, já que para esses caracteres a amplitude das classes variou de zero a 1 ou próximo de 1. Considerando haver variabilidade na população, é conveniente evitar o avanço de famílias com alta infestação de moléstias e que apresentem espigas mal empalhadas. O peso de 100 grãos foi característico da população, 13 a 14 g, em média, e não apresentou variação, como observado por SANTOS (2002) em progênies S_2 .

4.1.2. Estimação de parâmetros genéticos

4.1.2.1. Variâncias genóticas e herdabilidades

Considerando as estimativas das variâncias genóticas de CE obtidas dos valores das plantas autofecundadas (Quadro 10), observou-se que a variância genotípica entre é maior que a variância dentro. Resultados dessa natureza são esperados quaisquer que sejam as frequências gênicas e o grau de dominância entre alelos, com a ressalva de que essa diferença tende a aumentar à medida que as famílias vão sendo avançadas por autofecundação até que não se verifique variância dentro e a família seja considerada homozigota.

A estimativa da variação de ambiente em nível de planta autofecundada para o caráter CE foi obtida a partir do híbrido IAC 112, utilizado como testemunha no trabalho de SANTOS (2002), pois em ambos os trabalhos os ensaios foram conduzidos na mesma época e área experimental, e a avaliação desses foi realizada conjuntamente. Por ser um híbrido simples modificado, a variância dentro das parcelas de IAC 112 é unicamente de natureza ambiental, o mesmo não ocorrendo com ISLA 508, por esta se tratar de uma variedade.

Os valores de herdabilidades em nível de média de família S_3 foram bastante variados e, por ser a herdabilidade uma medida de quanto o valor genotípico é expresso no valor fenotípico e, ainda, por indicar se o processo seletivo será ou não eficiente, valores elevados são desejáveis. Dessa forma, a seleção entre com base no caráter CE tende a ser eficiente em alterar a média do mesmo, em razão de uma herdabilidade de magnitude considerável. No melhoramento de milho-pipoca, entretanto, é fundamental considerar simultaneamente os caracteres produção e CE, sendo, portanto, a utilização de índice de seleção uma estratégia recomendada. A seleção com base em índice que considere CE e produção deverá promover alterações em ambos os caracteres, com maior possibilidade para produção, em razão da maior herdabilidade do caráter, comparativamente àquela estimada para CE. Caso sejam incluídas em um índice, esperam-se alterações nas médias de altura de planta, proporção de plantas acamadas e índice de prolificidade.

Quadro 10 - Estimativas da variância genotípica entre (\hat{S}_{GbF}^2) e da herdabilidade (h^2) em sentido amplo, em nível de média de família S_8 , obtidas com os dados das parcelas, considerando-se os caracteres altura de planta (AP, m), altura de espiga (AE, m), estande final (SF), proporção de plantas acamadas (PPA), proporção de plantas quebradas (PPQ), proporção de espigas mal empalhadas (PEME), proporção de espigas atacadas por pragas (PEAP), índice de prolificidade (IP), peso de 100 grãos corrigido para umidade-padrão de 14,5% (PCGu, g), produção corrigida para umidade-padrão de 14,5% e estande final de 25 plantas (kg/ha) e capacidade de expansão (CE, mL/g); e estimativas das variâncias fenotípica entre (\hat{S}_{PbF}^2), genotípica entre ($\hat{S}_{GbF(1)}^2$), fenotípica dentro (\hat{S}_{PwF}^2) e genotípica dentro (\hat{S}_{GwF}^2) e das herdabilidades em nível de média de famílias (h_b^2) e de planta dentro de família (h_w^2), considerando-se o caráter CE de plantas autofecundadas, no ensaio com progênes do programa 1

Estimador	Característica										
	AP	AE	SF	PPA	PPQ	PEME	PEAP	IP	PCGu	Produção	CE
\hat{S}_{GbF}^2	0,0591	0,0194	3,9194	0,0310	0,0028	0,0056	0,0135	0,1114	0,6862	452781,98	23,6830
\hat{S}_{PbF}^2	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	55,7984
$\hat{S}_{GbF(1)}^2$	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	53,4994
\hat{S}_{PwF}^2	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	54,2081
\hat{S}_{GwF}^2	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	52,2991
h^2 (%)	73,29	56,39	11,35	72,68	45,16	15,09	47,35	67,59	26,24	81,64	64,81
h_b^2 (%)	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	94,19
h_w^2 (%)	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	96,48

A herdabilidade do caráter CE em nível de planta dentro de família foi de magnitude elevada e maior que a herdabilidade entre, indicando que a seleção dentro tende a ser mais eficiente que a seleção entre. Em se mantendo a tendência de herdabilidade elevada para produção, a seleção dentro com base em índice que considere CE e produção promoverá melhoramento em ambos os caracteres.

4.1.2.2. Correlações genotípicas

Analisando os dados de parcela foi possível estimar correlações genotípicas entre os caracteres altura de planta, proporção de plantas acamadas, índice de prolificidade, produção e capacidade de expansão (Quadro 11). As demais características apresentaram estimativas de variância negativas ou não apresentaram significância pelo teste F a 5% de probabilidade e foram desconsideradas, uma vez que nesses casos o estudo de correlações não é apropriado.

Quadro 11 - Correlações genotípicas de famílias S₃ para as características altura de planta (AP, m), proporção de plantas acamadas (PPA), índice de prolificidade (IP), produção corrigida para umidade-padrão de 14,5% e estande final de 25 plantas (kg/ha) e capacidade de expansão (CE, mL/g), no ensaio com progênies do programa 1

Característica	AP	PPA	IP	Produção	CE
AP	1	-0,1063	0,0020	0,6016	-0,0283
PPA		1	-0,3852	-0,3472	0,2874
IP			1	0,4052	-0,0833
Produção				1	0,0140
CE					1

As maiores estimativas de correlação foram observadas entre os caracteres produção e altura de planta e, em seguida, entre produção e índice de prolificidade. Analisando a magnitude das correlações entre CE e as demais características, observaram-se, em geral, valores desprezíveis, indicando que a seleção de famílias com base em CE provavelmente não acarretará alterações significativas nas demais características, incluindo produção. Coeficientes de

correlação de pequena magnitude entre CE e produção também foram observados por ZANETTE (1989). Entretanto, em muitos trabalhos são relatados correlações negativas entre essas duas características. PAJIC et al. (1991), estudando a correlação entre os principais caracteres de milho-pipoca em nove híbridos, verificaram correlação de -0,18 entre CE e produção. Correlações negativas de -0,84 e -0,31 também foram observadas por PAJIC e BABIC (1994) e VILARINHO (2001), respectivamente.

Dentre os caracteres avaliados, proporção de plantas acamadas apresentou maior evidência de correlação genotípica com CE. A utilização de um índice que leve em consideração os valores de CE e produção poderá vir a promover alterações em mesmo sentido nos dois caracteres e evitará aumento do número de plantas acamadas em virtude da evidência de valores opostos nas correlações de PPA com CE e com produção. Entretanto, poderá vir a promover alterações indiretas nas características altura de planta e índice de prolificidade, uma vez que os valores de correlação de produção com esses caracteres são de magnitudes consideráveis.

A correlação entre valores fenotípicos de CE e produção de plantas dentro de famílias, apesar de positiva, foi insignificante (0,09). Mesmo não tendo sido possível estimar a correlação genotípica desses caracteres, acredita-se que esta correlação também deva ser baixa, e, em razão dos valores elevados de herdabilidade para CE, espera-se que tenha mesmo sinal e seja maior que a correlação fenotípica. Desse modo, a seleção dentro com base em CE não tende a acarretar alterações indiretas na produção. O uso de índice deverá promover ganhos com relação às duas características.

4.1.3. Predição de ganhos

Com o objetivo de promover o melhoramento da população Beija-Flor, foram selecionadas 53 famílias S₃. No cálculo de ganhos preditos foram consideradas várias estratégias de seleção (Quadro 12).

A maior estimativa de ganho para CE deve ser obtida, como esperado, com seleção direta para o caráter, assim como a seleção direta para produção proporcionará maior ganho nesse caráter. Se as famílias forem selecionadas

com base em CE, espera-se não haver alterações indiretas nas demais características, embora uma possível redução na produção possa ocorrer. A redução na produção, considerando-se seleção direta para CE, não era esperada, uma vez que a correlação entre esses caracteres foi nula. Como na comercialização do milho-pipoca a qualidade é a principal característica levada em consideração, tendo maior valor material de melhor qualidade, a seleção com base num critério que proporcione maior ganho estimado em qualidade é desejável. Entretanto, além de qualidade, busca-se também incremento em produtividade. Como a seleção direta para CE implica redução indireta na produção, outro critério que, além de melhorar a qualidade, propicie acréscimos em produção deve ser empregado.

A seleção com base no índice de Mulamba e Mock proporcionou estimativas positivas de ganhos para os caracteres produção e CE, independentemente dos pesos atribuídos a essas características. Com pesos iguais, as estimativas de ganhos foram de 70 e 61% do valor máximo esperado, para CE e produção, respectivamente. A seleção considerando pesos 2 para CE e 1 para produção propiciou elevação na estimativa de ganho em CE para 91% do máximo e redução no ganho em produção para 36%. Entretanto, como o principal objetivo é incremento em qualidade, optou-se pelo uso de pesos 3 para CE e 1 para produção, pois, além de a estimativa de ganhos em CE ser bem próxima da máxima esperada (98%), essa estratégia proporcionou ainda estimativa de ganho positivo em produção (15% do máximo esperado).

Visando obter progênies S_4 superiores, foram selecionadas 100 famílias S_3 . Os ganhos preditos com várias estratégias de seleção são apresentados no Quadro 13. Novamente, as maiores estimativas de ganhos em CE e produção foram obtidas com seleção direta para o caráter. A seleção direta em CE, assim como observado no caso de melhoramento populacional, não tende a promover mudanças indiretas nas demais características, apesar da estimativa negativa de ganho em produção.

As estimativas de ganhos em CE e produção com base no índice de Mulamba e Mock foram, respectivamente, 68 e 72% (com pesos iguais), 92 e 28% (com pesos 2 para CE e 1 para produção) e 97 e 15% (com pesos 3 para CE e 1 para produção), se comparadas com as estimativas observadas com

seleção direta. Tendo em vista os resultados, optou-se mais uma vez pelo índice com pesos 3 e 1 para CE e produção, respectivamente.

Quadro 12 - Estimativas de ganhos com seleção de 53 famílias S_3 visando ao melhoramento populacional, considerando-se diferentes critérios de seleção^{1/} para os caracteres altura de planta (AP, m), altura de espiga (AE, m), estande final (SF), proporção de plantas acamadas (PPA), proporção de plantas quebradas (PPQ), proporção de espigas mal empalhadas (PEME), proporção de espigas atacadas por pragas (PEAP), índice de prolificidade (IP), peso de 100 grãos corrigido para umidade-padrão de 14,5% (PCGu, g), produção corrigida para umidade-padrão de 14,5% e estande final de 25 plantas (kg/ha) e capacidade de expansão (CE, mL/g), no ensaio com progênies do programa 1

Característica	Critério de Seleção ^{1/}				
	SDCE	SDP	MeM ₁	MeM ₂	MeM ₃
AP	0,0066	0,0705	0,0431	0,0291	0,0189
AE	0,0030	0,0370	0,0211	0,0125	0,0079
SF	0,0533	0,1594	0,1305	0,0790	0,0362
PPA	0,0168	-0,0193	-0,0127	0,0035	0,0035
PPQ	0,0004	-0,0016	-0,0029	-0,0007	0,0003
PEME	0,0042	-0,0049	-0,0036	-0,0008	0,0010
PEAP	-0,0137	-0,0029	-0,0103	-0,0129	-0,0134
IP	-0,0332	0,0956	0,0552	0,0274	0,0060
PCGu	0,0096	0,0477	0,0423	0,0454	0,0361
Produção	-8,3007	379,5421	232,4421	135,1062	55,5600
CE	2,0895	0,0872	1,4536	1,9019	2,0447

^{1/}SDCE: seleção direta para CE.

SDP: seleção direta para produção.

MeM₁: seleção com base no índice de Mulamba e Mock, com pesos 1 e 1 para CE e produção, respectivamente.

MeM₂: seleção com base no índice de Mulamba e Mock, com pesos 2 e 1 para CE e produção, respectivamente.

MeM₃: seleção com base no índice de Mulamba e Mock, com pesos 3 e 1 para CE e produção, respectivamente.

No processo seletivo visando à obtenção de famílias S_4 superiores, além da seleção entre, foi considerada a seleção dentro de famílias. Nesse caso, também empregou-se o índice de Mulamba e Mock com pesos 3 para CE e 1 para produção. Contudo, nem todas as famílias selecionadas tinham plantas autofecundadas, sendo necessário, após a seleção da melhor planta em cada

família, selecionar, dentre as restantes, aquelas que apresentavam maior CE, de modo a se obterem 100 plantas selecionadas.

Quadro 13 - Estimativas de ganhos com seleção de 100 famílias S_3 visando à obtenção de famílias S_4 , considerando-se diferentes critérios de seleção^{1/} para os caracteres altura de planta (AP, m), altura de espiga (AE, m), estande final (SF), proporção de plantas acamadas (PPA), proporção de plantas quebradas (PPQ), proporção de espigas mal empalhadas (PEME), proporção de espigas atacadas por pragas (PEAP), índice de prolificidade (IP), peso de 100 grãos corrigido para umidade-padrão de 14,5% (PCGu, g), produção corrigida para umidade-padrão de 14,5% e estande final de 25 plantas (kg/ha) e capacidade de expansão (CE, mL/g), no ensaio com progênies do programa 1

Característica	Critério de Seleção				
	SDCE	SDP	MeM ₁	MeM ₂	MeM ₃
AP	-0,0055	0,0820	0,0466	0,0141	0,0081
AE	-0,0104	0,0368	0,0195	0,0028	-0,0028
SF	0,0148	0,1885	0,1011	0,0807	0,0682
PPA	0,0184	-0,0475	-0,0263	-0,0063	0,0040
PPQ	-0,0001	-0,0028	0,0007	-0,0007	-0,0002
PEME	0,0021	-0,0090	-0,0044	0,0002	0,0008
PEAP	-0,0096	0,0037	-0,0045	-0,0073	-0,0084
IP	-0,0137	0,1102	0,0767	0,0174	0,0034
PCGu	0,0540	0,0731	0,0583	0,0570	0,0562
Produção	-13,5001	388,3708	279,0306	109,9998	59,4629
CE	2,6784	0,1484	1,8207	2,4753	2,5919

^{1/}SDCE: seleção direta para CE.

SDP: seleção direta para produção.

MeM₁: seleção com base no índice de Mulamba e Mock, com pesos 1 e 1 para CE e produção, respectivamente.

MeM₂: seleção com base no índice de Mulamba e Mock, com pesos 2 e 1 para CE e produção, respectivamente.

MeM₃: seleção com base no índice de Mulamba e Mock, com pesos 3 e 1 para CE e produção, respectivamente.

Com relação ao índice, o ganho esperado em CE com seleção dentro foi bem próximo (97%) daquele considerando seleção direta (Quadro 14). Além disso, propiciou estimativa de ganho em produção cerca de 2,5 vezes maior que a seleção com base em CE e ganhos totais em CE e produção de 97 e 319%, respectivamente, em relação àqueles obtidos com seleção direta para CE. Pode-se verificar, ainda, que a seleção dentro contribuiu mais para as

estimativas de ganhos que a seleção entre. Do ganho predito total em CE, 70% foi devido à seleção dentro, enquanto para produção esse valor chegou a cerca de 85%, considerando-se seleção com base no índice.

No Quadro 15 estão apresentadas as origens das 100 famílias e das 100 plantas selecionadas e respectivos valores de CE e produção. A característica produção apresentada nesse quadro corresponde à produção total (em kg/ha e corrigida para umidade-padrão de 14,5%) da planta S₃.

Comparando a média das 100 famílias com a média das 100 plantas selecionadas, observou-se que somente o emprego de seleção dentro elevou a média de CE em praticamente três unidades, em comparação com a seleção entre. Esse resultado, aliado aos bons valores estimados de ganhos, obtidos com seleção dentro, indica ser ainda de muito valor o uso de seleção entre e dentro mesmo em gerações S₃.

Quadro 14 - Estimativas de ganhos dentro e total com seleção de 100 famílias e 100 plantas S₃ visando à obtenção de famílias S₄, considerando-se seleção direta para CE (SDCE) e seleção com base no índice de Mulamba e Mock (MeM), com pesos 1 e 3 para produção e CE, respectivamente, nas características produção corrigida para umidade-padrão de 14,5% (kg/ha) e capacidade de expansão (CE, mL/g), no ensaio com progênies do programa 1

Critério de Seleção	Ganho Dentro		Ganho Total	
	Produção	CE	Produção	CE
SDCE	135,5948	6,3123	122,0947	8,9907
MeM	330,2072	6,1290	389,6701	8,7209

4.2. Avaliação de famílias de 'topcross' do programa 1

4.2.1. Análises de variância

Cento e nove das 176 famílias S₃ avaliadas considerando mérito individual também foram avaliadas quanto ao desempenho em cruzamento. As que deram origem às progênies de 'topcross' correspondem a uma amostra representativa das avaliadas, apresentando médias de CE (22,73 mL/g) e

Quadro 15 – Origem das 100 famílias e das 100 plantas S₃ selecionadas, utilizando-se o índice de Mulamba e Mock com pesos 3 para capacidade de expansão (CE, mL/g) e 1 para produção e respectivos valores de CE e produção de grãos (kg/ha), no ensaio com progênies do programa 1¹⁷

Famílias S ₃			Plantas S ₃		
Origem	Produção	CE	Origem	Produção	CE
<u>99-389-1</u>	1768,06	26,67	00-500-2	2227,42	30,00
99-389-2	1555,56	22,67	00-504-1	1979,14	29,00
99-397-1	976,79	23,33	00-505-2	2247,37	29,00
99-398-2	1571,94	22,00	00-506-3	5898,40	33,00
99-403-1	315,11	24,00	00-506-4	3456,53	35,00
<u>99-413-1</u>	221,44	29,33	00-509-2	1550,10	24,00
<u>99-413-2</u>	112,02	29,00	00-511-1	2120,99	35,00
99-414-2	2216,29	20,00	00-511-2	1004,68	39,00
<u>99-418-1</u>	312,57	26,67	00-512-2	961,99	23,00
99-423-1	378,66	24,67	00-513-2	1470,50	35,00
99-433-1	381,30	26,00	00-514-1	4272,77	29,00
99-433-2	177,15	27,00	00-518-1	3007,02	25,00
<u>99-433-3</u>	309,66	36,00	00-520-3	4743,08	35,00
<u>99-434-1</u>	1785,56	26,67	00-523-1	1854,58	30,00
<u>99-435-1</u>	1773,18	29,00	00-525-1	4555,56	28,00
99-449-2	763,03	23,33	00-525-2	6750,00	27,00
99-449-3	1433,90	24,00	00-528-1	3162,96	39,00
<u>99-472-1</u>	369,14	34,00	00-529-1	4317,80	33,00
99-472-2	501,49	26,33	00-529-2	4822,48	36,00
99-472-4	265,73	24,33	00-529-3	4766,41	29,00
<u>99-478-2</u>	1608,13	34,00	00-531-3	4155,20	30,00
<u>99-482-1</u>	803,50	26,67	00-531-4	4133,18	35,00
<u>99-482-2</u>	1184,31	29,00	00-532-1	2385,96	27,00
99-485-1	1996,35	20,00	00-534-2	5184,80	30,00
<u>99-487-2</u>	1529,08	27,00	00-534-3	5519,30	30,00
<u>99-489-2</u>	2092,63	26,00	00-535-1	1733,63	19,00
<u>99-490-2</u>	221,96	26,67	00-546-1	1997,66	11,00
<u>99-492-1</u>	1226,01	40,67	00-551-1	4022,35	50,00
99-494-4	89,18	26,67	00-559-1	1102,01	28,00
<u>99-495-1</u>	1141,93	28,00	00-561-1	6682,26	35,00
99-495-5	710,28	26,00	00-561-2	5846,98	32,00
99-507-1	1401,12	24,67	00-562-1	2169,20	24,00
99-512-2	213,08	26,67	00-566-3	4491,23	28,00
<u>99-512-3</u>	447,56	31,00	00-572-1	996,49	15,00
99-515-1	904,66	26,00	00-575-3	2940,94	27,00
99-523-1	177,15	24,67	00-577-1	1309,77	29,00
<u>99-523-2</u>	1076,39	25,67	00-580-3	2594,94	30,00
99-527-1	1152,03	23,33	00-581-2	7337,36	35,00
99-540-1	492,13	26,00	00-582-1	4536,84	28,00
99-545-1	828,86	24,00	00-582-2	3444,64	30,00
<u>99-545-2</u>	1482,96	30,00	00-583-2	2467,32	27,00
<u>99-545-3</u>	302,70	32,67	00-585-1	5620,27	31,00
99-548-1	354,09	25,67	00-586-2	4302,92	30,00
<u>99-548-3</u>	1565,62	26,67	00-589-2	4152,05	26,00
99-549-3	571,55	26,00	00-591-4	5743,99	31,00
99-569-1	186,15	24,67	00-592-2	3345,39	25,00
99-569-2	226,38	25,67	00-597-1	2585,34	26,00
<u>99-579-3</u>	398,60	30,00	00-598-1	3369,07	24,00
<u>99-579-4</u>	168,23	30,00	00-602-1	3144,44	25,00

Famílias S ₃			Plantas S ₃		
Origem	Produção	CE	Origem	Produção	CE
99-582-1	1067,91	23,00	00-607-2	4230,02	27,00
99-582-2	259,70	27,00	00-609-2	2882,13	27,00
<u>99-583-1</u>	1884,46	26,67	00-610-2	3958,28	31,00
<u>99-583-2</u>	1355,67	26,50	00-612-1	2224,82	25,00
<u>99-587-1</u>	661,21	28,33	00-613-1	943,34	27,00
<u>99-587-3</u>	2433,46	26,33	00-617-2	815,92	23,00
99-587-4	1110,19	23,33	00-619-1	7805,07	33,00
99-589-1	2522,78	23,33	00-621-1	1261,43	33,00
99-589-2	1660,15	23,33	00-623-2	3196,30	29,00
<u>99-589-3</u>	991,38	26,00	00-631-1	4658,38	32,00
99-589-4	2885,64	21,33	00-631-2	5392,43	40,00
<u>99-605-1</u>	807,78	26,67	00-631-3	5307,73	30,00
99-612-1	2075,53	23,33	00-633-1	8429,56	28,00
<u>99-612-2</u>	741,64	30,33	00-639-5	3285,45	30,00
99-613-1	1298,18	22,67	00-641-2	3664,20	9,00
99-613-3	265,42	26,00	00-644-2	1974,53	24,00
<u>99-620-1</u>	591,72	30,00	00-646-1	1105,91	26,00
<u>99-622-2</u>	615,61	26,67	00-647-1	1170,76	39,00
99-633-1	590,39	23,33	00-648-1	10791,42	28,00
99-633-2	280,78	27,33	00-648-2	5508,12	34,00
<u>99-633-3</u>	1649,18	30,00	00-648-4	9049,06	30,00
99-655-1	990,13	24,00	00-651-1	2470,18	30,00
99-655-2	2747,32	23,33	00-654-1	2067,58	25,00
99-662-3	913,96	25,33	00-662-2	2517,54	21,00
99-990 A 994-1	432,12	23,67	00-663-1	6263,09	31,00
99-1025 A 1027-1	1544,86	21,33	00-663-2	5919,45	30,00
99-1025 A 1027-2	2061,87	20,33	00-667-1	4971,68	34,00
99-1049 A 1052-1	1141,77	23,67	00-668-2	1546,46	29,00
<u>99-1049 A 1052-2</u>	991,06	30,00	00-674-2	2089,93	32,00
<u>99-1076 A 1079-1</u>	1766,23	26,67	00-676-1	2937,56	23,00
<u>99-1083 A 1085-1</u>	179,23	29,67	00-678-2	2308,77	52,00
<u>99-1143 A 1146-1</u>	1429,31	26,67	00-679-2	1752,05	24,00
<u>99-1143 A 1146-2</u>	2489,08	26,67	00-680-1	3182,94	36,00
<u>99-1187 A 1189-1</u>	785,27	30,00	00-681-1	4894,61	30,00
<u>99-1193 A 1194-1</u>	1482,88	30,00	00-681-2	2224,82	32,00
<u>99-1202 A 1203-1</u>	1569,66	26,00	00-682-1	1684,21	35,00
<u>99-1204 A 1206-2</u>	2692,95	30,00	00-683-1	6288,89	42,00
<u>99-1207 A 1209-1</u>	3159,19	23,67	00-684-1	3428,53	29,00
<u>99-1210 A 1212-1</u>	585,72	31,67	00-684-3	4889,86	30,00
99-1246 A 1247-1	2293,04	23,33	00-684-4	5732,94	39,00
99-1280 A 1281-1	3558,32	23,00	00-690-3	1209,81	29,00
<u>99-1280 A 1281-2</u>	2489,82	29,67	00-695-1	5637,36	32,00
<u>99-1289-1</u>	1015,31	35,00	00-695-2	4855,95	30,00
<u>99-1289-2</u>	811,58	28,00	00-696-2	2899,03	15,00
<u>99-1371 A 1373-2</u>	1431,44	27,00	00-697-2	5811,57	29,00
99-1371 A 1373-3	1286,39	23,33	00-701-1	1026,58	23,00
<u>99-1371 A 1373-4</u>	1794,84	33,33	00-703-1	5937,49	23,00
<u>99-1371 A 1373-5</u>	1886,65	28,33	00-704-1	3633,63	20,00
<u>99-1374-1</u>	179,65	31,33	00-708-1	2186,74	41,00
<u>99-1389 A 1390-1</u>	1803,96	29,00	00-708-2	1051,85	35,00
<u>99-1389 A 1390-2</u>	2381,66	26,67	00-709-2	1301,69	28,00
Médias	1153.85	26.71	Médias	3628.63	29.55

^{1/}As origens sublinhadas são das progênies selecionadas, visando ao melhoramento populacional.

produção (1.358 kg/ha) bem próximas daquelas observadas no conjunto total de famílias S₃ (Quadro 9).

Houve variabilidade genética em qualidade e produção de grãos entre as famílias de 'topcross' em praticamente todos os ambientes avaliados, à exceção do segundo experimento conduzido em Coimbra, no qual essas não diferiram em produção. As demais características apresentaram, em geral, comportamento variado, conforme o local de avaliação (Quadros 16 a 19).

Não foram observados altos coeficientes de variação na maioria dos caracteres. Os valores associados às proporções de plantas acamadas e quebradas e às proporções de espigas atacadas por pragas, doentes e mal empalhadas são normalmente altos. As avaliações de qualidade na Metric Weight Volume Tester (MWVT) apresentaram, independentemente do ambiente, coeficientes de variação, em média, 28% menores e valores de CE 16% maiores que aqueles observados quando o sistema de avaliação empregado foi pipoqueira de ar quente, evidenciando-se o valor daquela na padronização e, conseqüentemente, na melhor mensuração das amostras.

Os tratamentos apresentaram variações quanto à média do caráter CE nos diferentes ambientes de avaliação. Os menores valores médios para esse caráter foram observados em Capinópolis, provavelmente em virtude de uma alta umidade de grãos na colheita. Houve diferenças entre testemunhas, independentemente do local e sistema de avaliação, à exceção do primeiro experimento de Coimbra, na MWVT. Esse resultado era esperado, uma vez que, dentre as testemunhas, encontram-se híbridos comerciais e populações ainda em fase de melhoramento. Deve-se ressaltar, entretanto, o bom desempenho da população Beija-Flor no experimento em Campos, no qual apresentou média de CE superior a 33 mL/g. O contraste FT vs. Te foi significativo em todos os ambientes e nos dois sistemas de avaliação, indicando superioridade das testemunhas em relação às famílias de 'topcross'. Com relação às famílias de 'topcross', verificou-se que em praticamente todos os locais, à exceção de Capinópolis, foram observados material com valor de CE superior a 30 mL/g. Considerando o ensaio de Campos, onde o coeficiente de variação para CE foi menor, 42% das famílias apresentaram CE maior que 30 mL/g. Analisando as cinco melhores famílias em cada local, observou-se que estas foram, em média, 12 e 15% inferiores à IAC 112, 18 e 4% inferiores

Quadro 16 – Análises de variância dos caracteres altura de planta (AP, m), altura de espiga (AE, m), proporção de espigas mal empalhadas (PEME), proporção de espigas doentes (PED), índice de prolificidade (IP), peso de 100 grãos corrigido para umidade-padrão de 14,5% (PCGu, g), produção corrigida para umidade-padrão de 14,5% e estande final de 30 plantas (kg/ha) e capacidade de expansão^{1/} (CE, mL/g), em Campos dos Goytacazes, RJ, considerando-se famílias de ‘topcross’ (FT) do programa 1 e testemunhas (Te)

FV	GL	QM							
		AP	AE	PEME	PED	IP	PCGu	Produção	CE
Repetições	3	3,7040	1,2210	0,1082	0,2426	0,0654	7,9947	12801001,40	359,7926
Blocos/Rep. (aj.)	36	0,0493	0,0291	0,0136	0,0303	0,0263	1,1792	1015803,24	9,7869
Tratamentos (aj.)	(99)	0,0213**	0,0168**	0,0186*	0,0325**	0,0235**	3,0227**	504589,09**	43,4824**
FT	95	0,0207**	0,0169**	0,0192*	0,0335**	0,0232**	2,7298**	523969,43**	37,5161**
Te	3	0,0256*	0,0114 ^{ns}	0,0039 ^{ns}	0,0125 ^{ns}	0,0422*	3,9212**	48300,00 ^{ns}	100,6995**
FT vs. Te	1	0,0226 ^{ns}	0,0066 ^{ns}	0,0042 ^{ns}	0,0054 ^{ns}	0,0115 ^{ns}	25,2025**	45180,40 ^{ns}	427,7993**
Resíduo	261	0,0076	0,0057	0,0139	0,0187	0,0142	0,7395	189239,40	11,1905
Máximo FT		2,24	1,33	0,45	0,73	1,17	16,09	2904,52	35,37
Média FT		2,07	1,18	0,15	0,53	0,97	13,88	2179,95	28,93
Mínimo FT		1,86	0,99	0,00	0,18	0,74	11,78	1442,63	18,03
Média Pais ^{2/}		2,04	1,18	0,12	0,60	0,96	13,20	2018,12	30,47
Média IAC 112		2,04	1,08	0,13	0,49	0,98	11,37	2171,23	39,03
Média Zélia		1,88	1,09	0,16	0,53	0,81	12,66	2032,32	38,68
CV%		4,24	6,39	78,95	25,58	12,28	6,22	20,00	11,47

ns, * e **: não significativo (P > 0,05) e significativos a 5 e 1% de probabilidade, respectivamente, pelo teste F.

^{1/}: mensurada em pipoqueira de ar quente.

^{2/}: média das populações que deram origem às famílias de ‘topcross’ do experimento.

Quadro 17 – Análises de variância dos caracteres altura de planta (AP, m), altura de espiga (AE, m), proporção de plantas acamadas (PPA), proporção de plantas quebradas (PPQ), proporção de espigas doentes (PED), índice de prolificidade (IP), produção corrigida para umidade-padrão de 14,5% e estande final de 30 plantas (kg/ha) e capacidade de expansão (CE, mL/g), em Capinópolis, MG, considerando-se famílias de ‘topcross’ (FT) do programa 1 e testemunhas (Te)

FV	GL	QM								
		AP	AE	PPA	PPQ	PED	IP	Produção	CE ₁	CE ₂
Repetições	3	0,0051	0,0049	0,0083	0,1034	0,0566	0,0448	772093,34	9,6812	16,3897
Blocos/Rep. (aj.)	32	0,0271	0,0125	0,0042	0,0164	0,0384	0,0378	719433,54	6,5869	8,7792
Tratamentos (aj.)	(80)	0,0369**	0,0142**	0,0039*	0,0153*	0,0259 ^{ns}	0,0393 ^{ns}	687136,06**	30,6058**	38,0728**
FT	76	0,0341**	0,0136*	0,0040*	0,0159*	0,0242 ^{ns}	0,0375 ^{ns}	698375,41**	25,9164**	29,5937**
Te	3	0,0753**	0,0295*	0,0032 ^{ns}	0,0047 ^{ns}	0,0495 ^{ns}	0,0464 ^{ns}	451063,14 ^{ns}	96,8321**	161,1979**
FT vs. Te	1	0,1181**	0,0154 ^{ns}	0,0014 ^{ns}	0,0005 ^{ns}	0,0583 ^{ns}	0,1165 ^{ns}	45180,40 ^{ns}	277,3595**	404,1945**
Resíduo	208	0,0145	0,0092	0,0029	0,0107	0,0203	0,0304	324326,31	4,7042	3,6639
Máximo FT		2,52	1,36	0,16	0,38	0,50	1,30	4276,93	21,98	24,67
Média FT		2,29	1,23	0,05	0,18	0,32	1,09	3139,94	16,05	19,03
Mínimo FT		2,04	1,07	0,00	0,08	0,13	0,89	2169,21	7,58	8,53
Média Pais ^{1/}		2,30	1,25	0,07	0,21	0,47	1,16	2702,61	15,89	19,08
Média IAC 112		2,14	1,21	0,04	0,17	0,28	1,35	3447,81	25,60	32,00
Média Zélia		2,06	1,11	0,01	0,14	0,45	1,11	2952,50	23,86	27,33
CV%		5,26	7,78	107,60	56,00	43,57	15,93	18,19	13,34	9,92

ns, * e **: não significativo ($P > 0,05$) e significativos a 5 e 1% de probabilidade, respectivamente, pelo teste F.

CE₁: mensurada em pipoqueira de ar quente.

CE₂: mensurada na Metric Weight Volume Tester (MWVT).

^{1/}: média das populações que deram origem às famílias de ‘topcross’ do experimento.

Quadro 18 – Análises de variância dos caracteres altura de planta (AP, m), altura de espiga (AE, m), proporção de plantas acamadas (PPA), proporção de plantas quebradas (PPQ), proporção de espigas mal empalhadas (PEME), proporção de espigas atacadas por pragas (PEAP), proporção de espigas doentes (PED), índice de prolificidade (IP), peso de 100 grãos corrigido para umidade-padrão de 14,5% (PCGu, g), produção corrigida para umidade-padrão de 14,5% e estande final de 30 plantas (kg/ha) e capacidade de expansão (CE, mL/g), no primeiro experimento em Coimbra, MG, considerando-se famílias de ‘topcross’ (FT) do programa 1 e testemunhas (Te)

FV	GL	QM											
		AP	AE	PPA	PPQ	PEME	PEAP	PED	IP	PCGu	Produção	CE ₁	CE ₂
Repetições	2	0,0331	0,0023	0,0009	0,1898	0,0453	0,2421	0,0168	0,0732	10,3165	5790,31	28,5950	88,4359
Blocos/Rep. (aj.)	21	0,0807	0,0480	0,0149	0,0239	0,0456	0,0117	0,0084	0,2415	2,8451	886509,69	16,7191	16,0867
Tratamentos (aj.) (63)		0,0311 ^{ns}	0,0250**	0,0126 ^{ns}	0,0124 ^{ns}	0,0208 ^{ns}	0,0199 ^{ns}	0,0057 ^{ns}	0,1301 ^{ns}	2,1780 ^{ns}	684731,83**	45,3606**	32,1155**
FT	59	0,0315 ^{ns}	0,0258**	0,0122 ^{ns}	0,0120 ^{ns}	0,0196 ^{ns}	0,0199 ^{ns}	0,0056 ^{ns}	0,1296 ^{ns}	1,8539 ^{ns}	686918,64**	37,2083**	30,3816**
Te	3	0,0312 ^{ns}	0,0148 ^{ns}	0,0065 ^{ns}	0,0231 ^{ns}	0,0380 ^{ns}	0,0284 ^{ns}	0,0039 ^{ns}	0,2144 ^{ns}	6,4521*	661113,38 ^{ns}	130,5435**	29,8097 ^{ns}
FT vs. Te	1	0,0007 ^{ns}	0,0064 ^{ns}	0,0381 ^{ns}	0,0110 ^{ns}	0,0150 ^{ns}	0,0026 ^{ns}	0,0037 ^{ns}	0,0350 ^{ns}	0,9087 ^{ns}	401749,00 ^{ns}	263,4445**	107,7252**
Resíduo	105	0,0252	0,0144	0,0109	0,0182	0,0172	0,0185	0,0072	0,1349	1,9482	355653,94	15,1127	11,4141
Máximo FT		2,33	1,39	0,29	0,38	0,47	0,64	0,22	1,70	16,33	4037,71	31,37	32,52
Média FT		1,94	1,06	0,13	0,21	0,19	0,33	0,08	1,04	14,28	2499,60	22,58	27,00
Mínimo FT		1,74	0,85	0,00	0,04	0,01	0,18	0,00	0,61	12,46	1550,33	10,45	16,46
Média Pais ^{1/}		1,92	1,09	0,03	0,22	0,17	0,37	0,15	1,10	14,30	2166,10	23,38	28,14
Média IAC 112		2,12	1,17	0,05	0,13	0,10	0,16	0,07	1,30	12,49	2894,04	28,16	35,03
Média Zélia		1,87	0,99	0,13	0,31	0,05	0,36	0,11	0,80	11,28	1714,70	37,92	31,19
CV%		8,17	11,30	83,52	62,87	69,82	41,38	106,94	35,34	9,83	24,02	16,95	12,41

ns, * e **: não significativo (P > 0,05) e significativos a 5 e 1% de probabilidade, respectivamente, pelo teste F.

CE₁: mensurada em pipoqueira de ar quente.

CE₂: mensurada na Metric Weight Volume Tester (MWVT).

^{1/}: média das populações que deram origem às famílias de ‘topcross’ do experimento.

Quadro 19 – Análises de variância dos caracteres altura de planta (AP, m), altura de espiga (AE, m), proporção de plantas acamadas (PPA), proporção de plantas quebradas (PPQ), proporção de espigas atacadas por pragas (PEAP), proporção de espigas doentes (PED), índice de prolificidade (IP), peso de 100 grãos corrigido para umidade-padrão de 14,5% (PCGu, g), produção corrigida para umidade-padrão de 14,5% e estande final de 30 plantas (kg/ha) e capacidade de expansão (CE, mL/g), no segundo experimento de Coimbra, MG, considerando-se famílias de ‘topcross’ (FT) do programa 1 e testemunhas (Te)

FV	GL	QM										
		AP	AE	PPA	PPQ	PEAP	PED	IP	PCGu	Produção	CE ₁	CE ₂
Repetições	1	0,0484	0,1313	0,0044	0,0010	0,0562	0,1469	0,0456	20,7449	22353,97	73,4624	154,2207
Blocos/Rep. (aj.)	14	0,0161	0,0208	0,0013	0,0014	0,0079	0,0040	0,1088	3,4396	571371,88	10,7959	8,0912
Tratamentos (aj.) (63)		0,0080 ^{ns}	0,0096 ^{ns}	0,0019 ^{ns}	0,0022 ^{ns}	0,0073 ^{ns}	0,0046 ^{ns}	0,1188*	3,1705 ^{ns}	972107,56 ^{ns}	36,9868**	20,8169**
FT	59	0,0080 ^{ns}	0,0098 ^{ns}	0,0019 ^{ns}	0,0019 ^{ns}	0,0072 ^{ns}	0,0049*	0,0924 ^{ns}	3,2659 ^{ns}	969831,24 ^{ns}	25,4895**	18,7798**
Te	3	0,0050 ^{ns}	0,0073 ^{ns}	0,0019 ^{ns}	0,0063*	0,0106 ^{ns}	0,0003 ^{ns}	0,5071**	3,3257 ^{ns}	512071,37 ^{ns}	139,0188**	21,6764*
FT vs. Te	1	0,0003 ^{ns}	0,0007 ^{ns}	0,0017 ^{ns}	0,0041 ^{ns}	0,0025 ^{ns}	0,0009 ^{ns}	0,1740 ^{ns}	0,1901 ^{ns}	1810084,00 ^{ns}	431,0859**	193,4843**
Resíduo	49	0,0082	0,0114	0,0019	0,0019	0,0092	0,0030	0,0655	2,8263	619422,99	11,7379	7,4057
Máximo FT		2,42	1,44	0,15	0,10	0,66	0,21	1,84	18,22	5856,39	27,63	32,53
Média FT		2,17	1,22	0,04	0,04	0,45	0,08	1,19	14,87	3944,92	20,98	24,88
Mínimo FT		2,00	1,08	0,00	0,00	0,30	0,00	0,69	11,15	2500,07	11,75	17,94
Média Pais ^{1/}		2,15	1,17	0,06	0,05	0,46	0,11	1,31	16,08	3100,09	20,71	26,67
Média IAC 112		2,11	1,15	0,11	0,15	0,44	0,10	1,98	13,34	4245,82	36,44	34,06
Média Zélia		2,18	1,27	0,03	0,00	0,54	0,13	0,95	13,94	3189,16	37,94	30,88
CV%		4,16	8,78	107,89	112,98	21,03	66,14	21,29	11,31	20,12	15,95	10,81

ns, * e **: não significativo (P > 0,05) e significativos a 5 e 1% de probabilidade, respectivamente, pelo teste F.

CE₁: mensurada em pipoqueira de ar quente.

CE₂: mensurada na Metric Weight Volume Tester (MWVT).

^{1/}: média das populações que deram origem às famílias de ‘topcross’ do experimento.

à Zélia e 22 e 16% superiores à Beija-Flor, nas avaliações em pipoqueira de ar quente e na MWVT, respectivamente. Apesar dos menores valores médios das famílias de 'topcross', comparativamente à IAC 112 e Zélia, puderam-se observar, em quase todos os ensaios, famílias com CE próximas à dessas testemunhas, ressaltando-se que nos experimentos em Coimbra algumas superaram IAC 112 ou Zélia (Quadro 20), o que evidencia a qualidade das famílias quanto à capacidade de expansão, mesmo sendo estas oriundas de material ainda em processo seletivo.

Em todos os experimentos, os testes de testemunhas e do contraste FT vs. Te não apresentaram significância quanto à produção de grãos. Como entre as testemunhas consta a população-base da qual foram obtidas as famílias de 'topcross', esses resultados confirmam a boa produção da mesma, bem como a possibilidade de obtenção de híbridos com produtividade elevada. Comparando famílias com testemunhas, as primeiras foram, em média, mais produtivas, à exceção do ensaio em Campos, no qual as médias se equivaleram, chegando algumas famílias a estimativas em produção de até 2.500 kg/ha a mais, em média, que a média das testemunhas. As cinco famílias de maior produção em cada local foram, em média, 24, 63 e 53% mais produtivas que IAC 112, Zélia e Beija-Flor, respectivamente. Esse resultado é bastante expressivo, se se considerar que as testemunhas constituem material de boa produtividade.

Comparando, ainda, a média das famílias de 'topcross' com a média dos pais, notou-se pouca diferença quanto ao caráter CE e valores maiores em produção para as famílias de 'topcross', indicando que o cruzamento entre Beija-Flor e Viçosa não promoveu heterose para o caráter CE, enquanto em produção houve heterose positiva.

As famílias de 'topcross' não diferiram das testemunhas, na maioria dos ambientes, para os caracteres proporções de plantas acamadas e quebradas, proporções de espigas mal empalhadas, atacadas por pragas e doentes, índice de prolificidade e peso de 100 grãos. Observou-se, ainda, que caracteres como proporção de plantas quebradas, proporções de espigas mal empalhadas, atacadas por pragas e doentes apresentaram, em geral, valores médios elevados. Entretanto, esses valores são próximos aos valores médios das testemunhas, dentre as quais constam material comercial.

Quadro 20 - Valores médios de capacidade de expansão (CE, mL/g) das 10 melhores famílias de 'topcross' e das testemunhas IAC 112 e Zélia, nas diferentes localidades, com avaliações em pipoqueira de ar quente (CE₁) e na MWVT (CE₂)

Campos				Capinópolis				Coimbra 1				Coimbra 2			
Origem	CE ₁	% IAC 112	% Zélia	Origem	CE ₁	% IAC 112	% Zélia	Origem	CE ₁	% IAC 112	% Zélia	Origem	CE ₁	% IAC 112	% Zélia
IAC 112	39,03	100,0	100,9	IAC 112	25,60	100,0	107,3	IAC 112	28,16	100,0	74,2	IAC 112	36,44	100,0	96,0
Zélia	38,68	99,1	100,0	Zélia	23,86	93,2	100,0	Zélia	37,92	134,7	100,0	Zélia	37,94	104,1	100,0
00-403	35,37	90,6	91,4	00-378	21,98	85,8	92,1	00-476	31,37	111,4	82,7	00-264	27,63	75,8	72,8
00-275	34,90	89,4	90,2	00-278	21,47	83,8	90,0	00-474	30,18	107,2	79,6	00-389	27,48	75,4	72,4
00-281	34,53	88,5	89,3	00-475	20,94	81,8	87,8	00-311	29,14	103,5	76,8	00-388	27,37	75,1	72,1
00-378	34,00	87,1	87,9	00-479	20,73	81,0	86,9	00-404	28,93	102,7	76,3	00-286	27,00	74,1	71,2
00-330	33,87	86,8	87,5	00-411	20,70	80,8	86,8	00-414	27,68	98,3	73,0	00-450	26,71	73,3	70,4
00-493	33,51	85,9	86,6	00-335	19,63	76,7	82,3	00-433	27,30	97,0	72,0	00-398	26,27	72,1	69,2
00-336	33,09	84,8	85,5	00-281	19,34	75,5	81,1	00-284	26,82	95,3	70,7	00-451	25,96	71,2	68,4
00-285	32,63	83,6	84,3	00-441	18,99	74,2	79,6	00-393	26,54	94,2	70,0	00-311	25,75	70,7	67,9
00-480	32,56	83,4	84,2	00-346	18,94	74,0	79,4	00-313	26,23	93,2	69,2	00-326	25,60	70,3	67,5
00-335	32,55	83,4	84,1	00-311	18,91	73,9	79,3	00-376	26,02	92,4	68,6	00-475	24,54	67,3	64,7
-	-	-	-	Origem	CE ₂	% IAC 112	% Zélia	Origem	CE ₂	% IAC 112	% Zélia	Origem	CE ₂	% IAC 112	% Zélia
-	-	-	-	IAC 112	32,00	100,0	117,1	IAC 112	35,03	100,0	112,3	IAC 112	34,06	100,0	110,3
-	-	-	-	Zélia	27,33	85,4	100,0	Zélia	31,19	89,0	100,0	Zélia	30,88	90,6	100,0
-	-	-	-	00-305	24,67	77,1	90,3	00-404	32,52	92,8	104,2	00-308	32,53	95,5	105,4
-	-	-	-	00-475	24,03	75,1	87,9	00-474	31,84	90,9	102,1	00-309	31,25	91,7	101,2
-	-	-	-	00-378	23,99	75,0	87,8	00-414	31,53	90,0	101,1	00-389	30,19	88,6	97,8
-	-	-	-	00-411	23,47	73,3	85,9	00-284	31,49	89,9	101,0	00-419	30,06	88,3	97,4
-	-	-	-	00-415	23,44	73,3	85,8	00-275	31,30	89,3	100,3	00-451	29,75	87,3	96,4
-	-	-	-	00-281	23,18	72,4	84,8	00-313	31,22	89,1	100,1	00-330	29,63	87,0	96,0
-	-	-	-	00-419	22,93	71,7	83,9	00-448	30,87	88,1	99,0	00-378	28,19	82,8	91,3
-	-	-	-	00-335	22,65	70,8	82,9	00-378	30,46	87,0	97,7	00-475	28,09	82,5	91,0
-	-	-	-	00-448	22,35	69,8	81,8	00-403	30,31	86,5	97,2	00-470	28,06	82,4	90,9
-	-	-	-	00-404	22,20	69,4	81,2	00-271	30,15	86,1	96,6	00-264	27,97	82,1	90,6

Visando verificar a interferência do ambiente na expressão dos caracteres, realizou-se análise conjunta. Foram consideradas características comuns a pelo menos três locais de avaliação, tendo sido CE e produção priorizados. Dessa forma, o primeiro conjunto de caracteres considerou alturas de planta e de espiga, índice de prolificidade, produção e capacidade de expansão em pipoqueira de ar quente, no primeiro experimento de Coimbra, em Campos e em Capinópolis, em razão da maior quantidade de tratamentos comuns a essa combinação. Em outras análises, considerando-se os dois ensaios de Coimbra e o de Capinópolis, foram avaliadas as características proporções de plantas acamadas, de plantas quebradas e de espigas mal empalhadas, bem como a capacidade de expansão na MWVT.

As interações entre ambiente e tratamentos, famílias de 'topcross', testemunhas e com o contraste FT vs. TE (Quadro 21) foram, em geral, não significativas. Dessa forma, espera-se um comportamento relativo similar dos tratamentos nos diferentes ambientes, com exceção da característica CE. Um resultado dessa natureza é favorável à seleção, uma vez que a presença de interação genótipo x ambiente influencia o ganho de seleção e dificulta a recomendação de cultivares com ampla adaptabilidade (CRUZ e REGAZZI, 1997). Apesar de a seleção de famílias estar baseada em qualidade e a interação tratamento x ambiente considerando o caráter CE ter mostrado significância, é possível que esse fato tenha ocorrido em razão da inclusão na análise do ensaio em Capinópolis, onde os valores de CE foram bem inferiores aos observados nas demais localidades, conseqüência, provavelmente, da alta umidade e do estado de maturação dos grãos na colheita, uma vez que caracteres que apresentam sabidamente maior sensibilidade às variações de ambiente, tal como produção, não apresentaram interações significativas.

Confirmando os resultados obtidos nas análises individuais, os caracteres que apresentaram maior variabilidade foram capacidade de expansão, produção, altura de planta e altura de espiga. As demais características apresentaram, como anteriormente, pouca variabilidade entre tratamentos. A análise de ambientes evidenciou distinção entre estes com relação a todos os caracteres considerados.

Quadro 21 - Análises de variância conjuntas dos caracteres altura de planta (AP, m), altura de espiga (AE, m), índice de prolificidade (IP), produção corrigida para umidade-padrão de 14,5% e estande final de 30 plantas (kg/ha), proporção de plantas acamadas (PPA), proporção de plantas quebradas (PPQ), proporção de espigas doentes (PED) e capacidade de expansão (CE, mL/g), considerando-se famílias de 'topcross' (FT) do programa 1 e testemunhas (Te)

FV	GL	QM					GL	QM			
		AP	AE	IP	Produção	CE ₁		PPA	PPQ	PED	CE ₂
Blocos/Ambientes	8	0,7109**	0,2255**	0,0610 ^{ns}	2540754,58**	65,1765**	6	0,0014 ^{ns}	0,0937**	0,0338*	41,8066**
Tratamentos (T)	(48)	0,0533**	0,0390**	0,0638 ^{ns}	1062933,34**	99,2187**	(37)	0,0040 ^{ns}	0,0106 ^{ns}	0,0096 ^{ns}	82,8347**
FT	44	0,0510**	0,0367**	0,0567 ^{ns}	1093422,99**	67,7743**	33	0,0041 ^{ns}	0,0116 ^{ns}	0,0085 ^{ns}	60,3140**
Te	3	0,0895*	0,0620*	0,1556*	587080,47*	276,9014**	3	0,0027 ^{ns}	0,0031 ^{ns}	0,0141 ^{ns}	126,9902*
FT vs. Te	1	0,0454	0,0723	0,0995	1148947,13	949,7229	1	0,0055	0,0017	0,0329	693,5524
Ambientes (A)	2	5,4428*	1,4098*	0,8649**	49093215,70**	7732,8414**	2	0,2506**	0,7866*	2,4336**	2053,9424**
T x A	(96)	0,0248 ^{ns}	0,0154 ^{ns}	0,0565 ^{ns}	403784,63 ^{ns}	14,0791*	(74)	0,0071*	0,0105 ^{ns}	0,0114 ^{ns}	9,9679*
FT x A	88	0,0252 ^{ns}	0,0159*	0,0590 ^{ns}	427794,85 ^{ns}	13,4113*	66	0,0073*	0,0101 ^{ns}	0,0117 ^{ns}	8,9962 ^{ns}
Te x A	6	0,0152 ^{ns}	0,0083 ^{ns}	0,0219 ^{ns}	113706,64 ^{ns}	25,6262*	6	0,0027 ^{ns}	0,0157 ^{ns}	0,0075 ^{ns}	18,6693*
FT vs Te x A	2	0,0341 ^{ns}	0,0152 ^{ns}	0,0517 ^{ns}	217569,14 ^{ns}	8,8233 ^{ns}	2	0,0140 ^{ns}	0,0104 ^{ns}	0,0131 ^{ns}	15,9301 ^{ns}
Resíduo	384	0,0209	0,0120	0,0583	379182,10	9,8513	222	0,0047	0,0140	0,0123	6,9839
CV%		6,87	9,42	23,55	19,84	13,76		104,00	72,24	58,97	11,41

ns, * e **: não significativo ($P > 0,05$) e significativos a 5 e 1% de probabilidade, respectivamente, pelo teste F.

CE₁: mensurada em pipoqueira de ar quente.

CE₂: mensurada na Metric Weight Volume Tester (MWVT).

4.2.2. Estimação dos efeitos de capacidade geral de combinação

Comparando os desempenhos individual e em cruzamento das famílias, é possível avaliar se aquelas selecionadas com base no desempenho *per se* também produziram híbridos de melhor qualidade, comparativamente aos oriundos de famílias não selecionadas. Com relação ao conjunto de famílias de 'topcross' provenientes de famílias S_3 avaliadas *per se*, as 20% de melhor qualidade em cada local serviram de referência, a título de comparação. Observou-se, nesse conjunto de famílias, predominância de material oriundo de famílias selecionadas com base no mérito individual, independentemente do ambiente ou sistema de avaliação, se em pipoqueira de ar quente ou se na MWVT. Considerando o experimento em Campos, 78% das melhores famílias de 'topcross' eram oriundas de famílias selecionadas quanto ao mérito individual e das 15 melhores famílias, 13 eram provenientes de famílias S_3 selecionadas. Em Capinópolis, 73% dos melhores híbridos avaliados em pipoqueira de ar quente eram oriundos de famílias selecionadas em razão de seu mérito individual. No primeiro e segundo ensaios em Coimbra, as proporções observadas foram de 64 e 75%, respectivamente, em avaliações feitas na MWVT.

Outro indício de que as famílias de melhor desempenho individual também produziram híbridos superiores foi observado pela estimação do efeito de capacidade geral de combinação (CGC) das famílias de 'topcross'. Em todos os ambientes predominaram efeitos positivos de capacidade geral de combinação das famílias de 'topcross' provenientes de famílias selecionadas. Em Campos, do material oriundo de famílias selecionadas em razão de seu desempenho individual, 74% apresentou CGC positiva, indicando a superioridade das famílias de 'topcross' provenientes de progênies S_3 selecionadas, em relação àquelas oriundas de material não selecionado para o caráter CE.

É importante ressaltar, ainda, que 38 das 100 famílias selecionadas com base no mérito individual não produziram sementes suficientes para serem plantadas no 'topcross', não fornecendo, portanto, famílias para avaliação quanto ao seu desempenho em cruzamento. Das 15 famílias de melhor qualidade, cinco não foram avaliadas quanto ao desempenho em cruzamento.

Além disso, nem todas as 62 famílias selecionadas foram avaliadas em todos os ambientes. Levando somente em consideração que houve predominância de progênes de melhor qualidade oriundas de famílias S_3 selecionadas, bem como predominância de progênes selecionadas com capacidade geral de combinação positiva, acredita-se que a inclusão na análise de maior número de famílias de 'topcross' provenientes de famílias selecionadas poderia ter promovido resultados ainda melhores que os observados.

As famílias de 'topcross' de qualidade inferior em cada ambiente também foram identificadas quanto à sua procedência. Mais uma vez, optou-se pela caracterização de 20% das famílias de menor CE, em razão de sua origem, se provenientes de famílias selecionadas ou não selecionadas quanto ao desempenho individual. Dentre estas, predominou material oriundo de famílias não selecionadas, independentemente do local. Em Campos, 72% dessas famílias de 'topcross' eram oriundas de famílias não selecionadas e, das 20 famílias de pior desempenho, 15 eram provenientes também de famílias não selecionadas. Resultados importantes como esses não teriam sido observados caso fossem consideradas todas as progênes.

Os valores de correlação entre CGC e média de família S_3 , apesar de positivos, não foram de magnitude elevada, variando, a depender do ambiente, entre 0,14 e 0,58, nas avaliações feitas em pipoqueira de ar quente; e entre 0,22 e 0,53, quando as avaliações foram conduzidas na MWVT.

A relação entre desempenho individual e em cruzamento das famílias não apresentou consistência quando o caráter considerado foi produção de grãos. Não necessariamente uma família de maior produção deu origem a uma família de 'topcross' mais produtiva, em comparação com as demais avaliadas.

Os efeitos de capacidade geral de combinação não foram contundentes em indicar se as famílias de maior produção originaram famílias de 'topcross' de produção elevada. Além disso, a correlação entre CGC e desempenho das famílias S_3 quanto à produção de grãos foi pouco expressiva, variando de 0,09 a 0,19, a depender do ambiente de avaliação, indicando pouca previsibilidade quanto à utilização de famílias produtivas, visando à obtenção de híbridos também produtivos.

Um aspecto, entretanto, deve ser ressaltado na avaliação do mérito das famílias quanto à produção de grãos. Quando foram consideradas somente as

20 famílias de 'topcross' de maior produção em cada ambiente, observou-se aumento na correlação entre média de família S_3 e CGC, referente à CE. Em Campos, essa correlação passou de 0,58 para 0,78, quando foram consideradas somente as famílias mais produtivas em cruzamento. Dessa forma, mesmo sem evidências de correlação entre desempenho individual e em cruzamento das famílias para o caráter produção, faz-se desejável, no processo seletivo destas, levar em consideração os dados de produção dos híbridos, em razão do aumento da previsibilidade referente ao desempenho dessas famílias quanto à qualidade.

4.3. Avaliação de famílias S_3 do programa 2

4.3.1. Análises de variância

Em virtude do plantio tardio (21/12/00) e da ocorrência de muita chuva durante o período inicial de desenvolvimento da cultura, houve muita perda de famílias nesse teste. Das 211 famílias plantadas, somente 130 foram avaliadas, uma redução de aproximadamente 38% do total inicial de famílias. Das 22 fileiras da testemunha, 11 foram perdidas.

Com base nos resultados obtidos nas análises de variância (Quadro 22), verificou-se variabilidade genética na população para quase todos os caracteres, à exceção de peso de 100 grãos, o que demonstra que, das características avaliadas, esta é, provavelmente, a que apresenta menor variabilidade genética na população.

Assim como observado anteriormente, algumas características também apresentaram coeficiente de variação elevado, tanto para famílias quanto para testemunhas. Entretanto, na maioria dos caracteres, o coeficiente de variação foi menor que aqueles descritos no teste de famílias do programa 1. Com relação à média de capacidade de expansão das famílias, ela foi inferior à média da testemunha em cerca de oito unidades. Contudo, pôde-se observar que 9% das famílias apresentaram CE maior que 30, e como a população apresenta variabilidade para esse caráter, a seleção de indivíduos de melhor qualidade pode alterar a média das linhagens, melhorando sua qualidade.

Quadro 22 - Análises de variância dos caracteres altura de planta (AP, m), altura de espiga (AE, m), estande final (SF), proporção de plantas acamadas (PPA), proporção de plantas quebradas (PPQ), proporção de espigas mal empalhadas (PEME), proporção de espigas atacadas por pragas (PEAP), proporção de espigas doentes (PED), índice de prolificidade (IP), peso de 100 grãos corrigido para umidade-padrão de 14,5% (PCGu, g), produção corrigida para umidade-padrão de 14,5% e estande final de 30 plantas (kg/ha) e capacidade de expansão (CE, mL/g), no ensaio com progênies do programa 2

FV	GL	QM											
		AP	AE	SF	PPA	PPQ	PEME	PEAP	PED	IP	PCGu	Produção	CE
Famílias	129	0,0694*	0,0289*	56,5405*	0,0495**	0,0343*	0,0264**	0,0269**	0,0098**	0,2310**	2,0220 ^{ns}	103923,92*	22,7832**
Resíduo	10	0,0224	0,0107	15,2545	0,0032	0,0102	0,0046	0,0044	0,0009	0,0244	3,5251	32263,05	4,1320
Máximo fam.		2,08	1,12	34,00	0,88	1,00	1,00	0,75	0,50	4,25	16,02	1958,90	34,67
Média fam.		1,46	0,73	16,05	0,20	0,19	0,14	0,17	0,06	0,64	12,01	703,48	23,82
Mínimo fam.		0,90	0,40	1,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,09	7,28	87,39	10,00
Média IAC 112		1,46	0,78	21,64	0,04	0,11	0,07	0,15	0,02	1,12	12,31	1536,27	31,33
CV% fam.		10,28	14,10	24,34	28,42	52,40	46,76	38,70	48,68	24,55	15,64	25,53	8,53
CV% IAC 112		10,25	13,19	18,05	134,57	88,45	93,23	44,58	126,92	13,97	15,26	11,69	6,49

ns, * e **: não significativo ($P > 0,05$) e significativos a 5 e 1% de probabilidade, respectivamente, pelo teste F.

Comparativamente ao programa 1, a média de CE das famílias do programa 2 foi um pouco maior (cerca de uma unidade), com amplitude e também valor máximo menores. Todavia, visto que aproximadamente 38% das famílias foram perdidas no teste e, provavelmente, famílias de alta e baixa qualidade tenham deixado de ser colhidas, maior amplitude e famílias com maior CE poderiam ter sido observadas. Comparadas, no entanto, às famílias S₂ do mesmo programa, que apresentaram média de CE igual a 19,10, com variação de 3,33 a 38,33 mL/g, as famílias S₃ foram cerca de cinco unidades superiores em qualidade, um indício de aumento na frequência de genes favoráveis para esse caráter de uma geração a outra e de efeito de dominância entre os genes.

Assim como no programa 1, foi verificada a possibilidade de incremento na produtividade da população pela confirmação de variabilidade genética para esse caráter. A produção de grãos das famílias foi, em média, 54% menor que a da testemunha e cerca de 40% menor que a das famílias do programa 1. Como mencionado anteriormente, as condições climáticas não foram favoráveis ao desenvolvimento inicial da cultura, e as famílias deste ensaio foram sensivelmente prejudicadas, apresentando, por exemplo, altura média 22% menor que as famílias do programa 1, um sinal de menor vigor das plantas, além, ainda, de peso de 100 grãos abaixo do esperado para a população Beija-Flor (em torno de 13 a 14 g), acarretando, por consequência, menor produção.

Levando em consideração o índice de prolificidade, um caráter relacionado à produção de grãos, puderam-se verificar maior variação e redução na média do caráter, em relação às famílias do programa 1, fato esse que deve ter ocorrido em virtude de um maior adensamento no plantio do teste do programa 2. RUSSELL (1975) acredita que a seleção de famílias mais prolíficas é desejável para se promover aumento na produção, e esses indivíduos são mais bem selecionados quando o plantio de famílias é feito de maneira mais adensada. Assim como no ensaio anterior, alguns caracteres relacionados à sanidade das plantas, como proporções de espigas atacadas por pragas e mal empalhadas e proporção de plantas acamadas, apresentaram valores médios elevados. Verificou-se, entretanto, que, diferentemente do programa 1, houve variabilidade genética na população, com alto nível de

significância para a maioria desses caracteres, indicando ser possível a seleção de plantas que melhorem aspectos relativos à sanidade e colheita.

4.2.2. Estimação de parâmetros genéticos

4.2.2.1. Variâncias genóticas e herdabilidades

Considerando CE e a produção de plantas autofecundadas, verificou-se variância genotípica entre maior que a variância dentro somente para CE (Quadro 23).

Os valores de herdabilidade em nível de média de famílias S_3 foram, em geral, bastante elevados, sendo maiores que aqueles observados nas famílias do programa 1, com exceção somente de altura de planta e produção. Comparados aos valores estimados por SANTOS (2002) com progênies S_2 oriundas da mesma população, pôde-se verificar que as estimativas de herdabilidades em S_3 foram, em sua maioria, superiores àquelas obtidas em S_2 , inclusive em produção e CE (considerando dados originais). Como famílias S_3 têm, provavelmente, maior variância genética entre que famílias S_2 , uma estimativa de herdabilidade na primeira só seria menor que na segunda se o aumento na variância fenotípica não fosse compensado com aumento em igual magnitude na variância genotípica.

Levando em consideração os valores obtidos de herdabilidade, espera-se eficiência no processo seletivo para o caráter CE, na seleção entre famílias. O uso de índice que considere produção e capacidade de expansão deverá promover alterações nas médias dos dois caracteres, com maior eficiência em CE, cujo valor de herdabilidade é de maior magnitude. Caso seja incluída qualquer uma das demais variáveis, acredita-se que a seleção nestas seja eficiente, tendo em vista os altos valores estimados de herdabilidade.

Com relação à seleção dentro, espera-se que esta venha a promover aumento na média de CE. Entretanto, como a estimativa de herdabilidade dentro para CE foi inferior às estimativas de herdabilidade entre e muito menor que a mesma estimativa observada no programa 1, há expectativa de menor eficiência do processo seletivo dentro, comparativamente à seleção entre, bem

Quadro 23 - Estimativas da variância genotípica entre (\hat{S}_{GbF}^2) e da herdabilidade (h^2) em sentido amplo, em nível de média de família S_3 , obtidas com os dados das parcelas, considerando-se os caracteres altura de planta (AP, m), altura de espiga (AE, m), estande final (SF), proporção de plantas acamadas (PPA), proporção de plantas quebradas (PPQ), proporção de espigas mal empalhadas (PEME), proporção de espigas atacadas por pragas (PEAP), proporção de espigas doentes (PED), índice de prolificidade (IP), produção corrigida para umidade-padrão de 14,5% e estande final de 30 plantas (kg/ha) e capacidade de expansão (CE, mL/g); e estimativas da variância fenotípica entre (\hat{S}_{PbF}^2), genotípica entre ($\hat{S}_{GbF(1)}^2$), fenotípica dentro (\hat{S}_{PwF}^2) e genotípica dentro (\hat{S}_{GwF}^2) e das herdabilidades em nível de média de famílias (h_b^2) e de planta dentro de família (h_w^2), considerando-se os caracteres CE e a produção de plantas autofecundadas, no ensaio com progênies do programa 2

Estimador	Característica										
	AP	AE	SF	PPA	PPQ	PEME	PEAP	PED	IP	Produção	CE
\hat{S}_{GbF}^2	0,0470	0,0183	41,2859	0,0464	0,0242	0,0218	0,0225	0,0089	0,2066	71660,77	18,6482
\hat{S}_{PbF}^2	-	-	-	-	-	-	-	-	-	426416,35	32,1074
$\hat{S}_{GbF(1)}^2$	-	-	-	-	-	-	-	-	-	214154,34	22,1589
\hat{S}_{PwF}^2	-	-	-	-	-	-	-	-	-	530052,87	32,7603
\hat{S}_{GwF}^2	-	-	-	-	-	-	-	-	-	370974,85	18,8584
h^2 (%)	67,69	63,09	73,02	93,61	70,42	82,65	83,78	91,01	89,44	68,95	81,86
h_b^2 (%)	-	-	-	-	-	-	-	-	-	50,22	69,01
h_w^2 (%)	-	-	-	-	-	-	-	-	-	69,99	57,56

como menor eficiência na seleção de indivíduos dentro de famílias no programa 2, em relação àquela praticada em indivíduos do programa 1. Caso seja empregado no processo seletivo um índice que inclua CE e produção, esperam-se alterações nas médias de ambos os caracteres, com maior eficiência em produção.

4.2.2.2. Correlações genotípicas

Com os dados de médias de parcelas foram estimadas correlações genotípicas para alturas de planta e de espiga, estande final, proporções de plantas acamadas, quebradas, espigas mal empalhadas, espigas atacadas por pragas e espigas doentes, índice de prolificidade, produção de grãos e capacidade de expansão (Quadro 24). A característica peso de 100 grãos apresentou valor de F não-significativo a 5% de probabilidade e não foi incluída no estudo de correlações.

A magnitude dos valores de correlação variou bastante, a depender do par de características avaliadas. A maior estimativa foi observada entre os caracteres altura de planta e altura de espiga. Correlações de alta magnitude são normalmente esperadas para esses dois caracteres. Avaliando a magnitude da correlação entre CE e as demais características, é possível verificar que a seleção direta nesta terá pouca influência nas demais, em virtude de as estimativas de correlação serem de pequena magnitude. Observou-se, também, evidência de correlação positiva entre CE e produção, indicando que, se houver mudança no caráter produção ao se praticar seleção direta para CE, esta será no sentido de acréscimo.

Diferentemente de CE, o caráter produção apresentou correlações de magnitudes consideráveis e positivas com alturas de planta e de espigas e índice de prolificidade. Prolificidade já tinha apresentado coeficiente de correlação positivo e de magnitude elevada com produção nas famílias do programa 1, o que indica ser essa característica de grande auxílio caso seja desejável a seleção para incremento em produção na população Beija-Flor.

Na utilização de um índice de seleção que considere os caracteres CE e produção, é provável que ocorram mudanças, no mesmo sentido, nas médias

Quadro 24 - Correlações genotípicas de famílias S₃ para os caracteres altura de planta (AP, m), altura de espiga (AE, m), estande final (SF), proporção de plantas acamadas (PPA), proporção de plantas quebradas (PPQ), proporção de espigas mal empalhadas (PEME), proporção de espigas atacadas por pragas (PEAP), proporção de espigas doentes (PED), índice de prolificidade (IP), produção corrigida para umidade-padrão de 14,5% e estande final de 30 plantas (kg/ha) e capacidade de expansão (CE, mL/g), no ensaio com progênies do programa 2

Característica	AP	AE	SF	PPA	PPQ	PEME	PEAP	PED	IP	Produção	CE
AP	1	1*	0,5522	-0,1533	-0,0774	0,1861	-0,2067	0,1447	0,1447	0,6190	0,2546
AE		1	0,5714	-0,0706	0,0751	0,1921	-0,2192	0,1258	0,1964	0,6597	0,3009
SF			1	-0,2150	-0,0279	0,3063	0,0217	0,0677	-0,2732	-0,0901	0,0710
PPA				1	-0,1877	0,1738	-0,1487	-0,0071	0,0943	0,0157	0,1181
PPQ					1	-0,0784	0,0256	-0,0557	-0,0345	-0,1911	-0,0785
PEME						1	-0,0663	0,0550	-0,3344	-0,2784	-0,0949
PEAP							1	0,3607	-0,0125	0,0478	0,0673
PED								1	-0,0417	-0,0492	0,0868
IP									1	0,6071	0,2362
Produção										1	0,2651
CE											1

* Valor aproximado, em razão de a estimativa do valor encontrar-se fora do intervalo -1 a 1.

de ambos os caracteres, bem como alterações nas características altura de planta, altura de espigas e índice de prolificidade, em razão de correlações de maior magnitude e de estimativas elevadas de herdabilidade para esses caracteres. Não há indícios, contudo, de alterações indiretas nas características relacionadas à sanidade das famílias.

Entre os caracteres CE e produção foi estimada a correlação genotípica dentro (0,48) superior àquela observada entre. Dessa forma, espera-se que a seleção direta para CE, dentro de famílias, promova maior alteração indireta em produção que a esperada com seleção entre. O uso de índice na seleção dentro promoverá ganhos em qualidade e produção.

4.2.3. Predição de ganhos

Com vistas ao melhoramento da população Beija-Flor, foram selecionadas 39 famílias S_3 no programa 2 (mesma intensidade de seleção adotada no programa 1). Assim como no programa anterior, várias estratégias de seleção foram consideradas no cálculo de ganhos preditos (Quadro 25).

A seleção direta para CE, assim como para produção, deverá proporcionar a maior estimativa de ganho para os caracteres. Com a seleção direta para CE, diferentemente do que ocorreu no programa 1, espera-se um ganho de 17 kg/ha no caráter produção. Nas demais características não há previsão de alteração, caso seja utilizada seleção direta. Esses resultados confirmam os esperados pelas análises das correlações, que não previam alterações nas características caso fosse praticada seleção direta em CE.

O índice de Mulamba e Mock mostrou-se eficiente em selecionar unidades de boa qualidade e produção. Com pesos iguais, os ganhos, comparados à seleção direta, foram de 65 e 82% para produção e CE, respectivamente. Mais uma vez, entretanto, visando maximizar ganhos em CE, optou-se pelo índice com pesos 3 e 1 para CE e produção, respectivamente, em virtude de uma estimativa de ganho de 96% para CE, além de um ganho maior em produção, em comparação com a seleção direta para CE.

Na seleção de progênieis S_4 superiores, foram selecionadas 73 famílias S_3 . Os ganhos com as estratégias de seleção consideradas estão

apresentados no Quadro 26. Com seleção direta para CE, espera-se um ganho de 27 kg/ha no caráter produção e pouca ou nenhuma variação nas demais características. O índice de Mulamba e Mock foi eficiente em selecionar indivíduos de boa qualidade e produção. Peso 3 para CE e 1 para produção foi o critério de seleção adotado, em virtude de uma estimativa de ganho de 99% para CE, além de um ganho maior em produção, em relação à seleção direta para CE.

Quadro 25 - Estimativas de ganhos com seleção de 39 famílias S₃ visando ao melhoramento populacional, considerando-se diferentes critérios de seleção^{1/} para os caracteres altura de planta (AP, m), altura de espiga (AE, m), estande final (SF), proporção de plantas acamadas (PPA), proporção de plantas quebradas (PPQ), proporção de espigas mal empalhadas (PEME), proporção de espigas atacadas por pragas (PEAP), proporção de espigas doentes (PED), índice de prolificidade (IP), produção corrigida para umidade-padrão de 14,5% e estande final de 30 plantas (kg/ha) e capacidade de expansão (CE, mL/g), no ensaio com progênies do programa 2

Característica	Critério de Seleção				
	SDCE	SDP	MeM ₁	MeM ₂	MeM ₃
AP	0,0158	0,0645	0,0255	0,0316	0,0278
AE	0,0099	0,0333	0,0090	0,0143	0,0132
SF	0,2827	0,6385	-0,1105	0,0955	0,0300
PPA	0,0240	0,0070	0,0262	0,0248	0,0203
PPQ	-0,0066	-0,0039	-0,0102	-0,0070	0,0000
PEME	-0,0016	-0,0137	-0,0143	-0,0092	-0,0066
PEAP	-0,0033	-0,0068	-0,0008	0,0007	0,0605
PED	0,0045	0,0008	0,0021	0,0085	0,0104
IP	0,0610	0,1158	0,1449	0,1236	0,1108
Produção	16,9431	133,5047	86,9736	75,8063	58,1011
CE	2,1059	0,3444	1,7333	1,9082	2,0130

^{1/}SDCE: seleção direta para CE.

SDP: seleção direta para produção.

MeM₁: seleção com base no índice de Mulamba e Mock, com pesos 1 e 1 para CE e produção, respectivamente.

MeM₂: seleção com base no índice de Mulamba e Mock, com pesos 2 e 1 para CE e produção, respectivamente.

MeM₃: seleção com base no índice de Mulamba e Mock, com pesos 3 e 1 para CE e produção, respectivamente.

O critério adotado na seleção de plantas dentro de famílias foi o mesmo daquele para seleção de famílias. Para o caráter produção, foi considerado somente o peso de grãos da espiga autofecundada. Entretanto, como o índice de prolificidade foi menor que 1, considerou-se o peso de grãos da espiga autofecundada como o peso de grãos da planta.

Quadro 26 - Estimativas de ganhos com seleção de 73 famílias S_3 visando à obtenção de famílias S_4 , e considerando-se diferentes critérios de seleção^{1/} para os caracteres altura de planta (AP, m), altura de espiga (AE, m), estande final (ST), proporção de plantas acamadas (PPA), proporção de plantas quebradas (PPQ), proporção de espigas mal empalhadas (PEME), proporção de espigas atacadas por pragas (PEAP), proporção de espigas doentes (PED), índice de prolificidade (IP), produção corrigida para umidade-padrão de 14,5% e estande final de 30 plantas (kg/ha) e capacidade de expansão (CE, mL/g), no ensaio com progênies do programa 2

Característica	Critério de Seleção				
	SDCE	SDP	MeM ₁	MeM ₂	MeM ₃
AP	0,0009	0,0227	0,0359	0,0177	0,0061
AE	0,0007	0,0054	0,0157	0,0066	0,0007
SF	0,0663	-0,8739	-0,2438	-0,1037	-0,0537
PPA	0,0165	0,0247	0,0089	0,0139	0,0146
PPQ	-0,0017	-0,0103	-0,0103	-0,0098	-0,0025
PEME	0,0060	-0,0288	-0,0208	-0,0009	0,0006
PEAP	0,0076	-0,0106	-0,0014	0,0103	0,0107
PED	0,0079	0,0011	0,0031	0,0117	0,0098
IP	0,0569	0,1882	0,1353	0,0953	0,0719
Produção	27,2085	133,5961	107,0590	65,1749	42,5003
CE	2,6740	0,4642	2,0102	2,4897	2,6392

^{1/}SDCE: seleção direta para CE.

SDP: seleção direta para produção.

MeM₁: seleção com base no índice de Mulamba e Mock, com pesos 1 e 1 para CE e produção, respectivamente.

MeM₂: seleção com base no índice de Mulamba e Mock, com pesos 2 e 1 para CE e produção, respectivamente.

MeM₃: seleção com base no índice de Mulamba e Mock, com pesos 3 e 1 para CE e produção, respectivamente.

A seleção com base no índice proporcionou expectativa de ganho em CE de 98% quando comparada com a seleção direta para o caráter e uma expectativa em produção cerca de quatro vezes maior (Quadro 27).

Considerando ganhos totais, as estimativas de ganhos com o uso do índice, comparativamente à seleção direta, foram de 98 e 279% para CE e produção de grãos, respectivamente, evidenciando o valor do índice em selecionar indivíduos com qualidade elevada e que apresentam boa produtividade.

Novamente, pôde-se observar maior contribuição da seleção dentro, comparativamente à seleção entre, nas estimativas de ganho, indicando haver, ainda, variabilidade dentro das famílias para ambas as características.

As estimativas de ganhos totais no programa 2 foram bem menores que aquelas obtidas no programa 1. Esse fato se deveu a uma redução nas estimativas de ganho dentro, consequência de uma menor variância genotípica dentro das famílias do programa 2 em relação às do programa 1.

Quadro 27 - Estimativas de ganhos dentro e total com seleção de 73 famílias e 73 plantas S_3 visando à obtenção de famílias S_4 , considerando-se seleção direta para CE (SDCE) e seleção com base no índice de Mulamba e Mock (MeM), com pesos 1 e 3 para produção e CE, respectivamente, nas características produção corrigida para umidade-padrão de 14,5% (kg/ha) e capacidade de expansão (CE, mL/g), no ensaio com progênies do programa 2

Critério de Seleção	Ganho Dentro		Ganho Total	
	Produção	CE	Produção	CE
SDCE	35,8500	2,9775	63,0585	5,6515
MeM	133,4786	2,9206	175,9789	5,5598

As origens das 73 famílias e das 73 plantas selecionadas e respectivos valores de CE e produção de grãos são apresentados no Quadro 28. Mais uma vez foi observado acréscimo em três unidades para o caráter CE, em comparação com as médias considerando seleção entre e dentro em relação àquela considerando somente seleção entre, o que mostrou ser necessário o processo de seleção dentro para aumentar as estimativas de ganhos em qualidade.

Quadro 28 – Origem das 73 famílias e das 73 plantas S₃ selecionadas, utilizando-se o índice de Mulamba e Mock com pesos 3 para capacidade de expansão (CE, mL/g) e 1 para produção e respectivos valores de CE e produção de grãos (kg/ha), no ensaio com progênies do programa 2^{1/}

Famílias S ₃			Plantas S ₃		
Origem	Produção	CE	Origem	Produção	CE
00-9-1	503,72	24,33	01-241-1	1481,23	28,00
00-9-2	711,36	23,67	01-242-2	2398,81	30,00
<u>00-10-2</u>	659,45	26,67	01-244-2	2352,93	33,00
<u>00-10-3</u>	613,29	27,67	01-245-1	1631,98	25,00
00-10-4	1009,82	23,33	01-246-1	4174,98	28,00
00-12-1	603,04	24,67	01-260-4	3231,70	33,00
00-12-2	305,40	27,00	01-263-2	2803,46	40,00
<u>00-12-3</u>	536,59	30,33	01-264-1	1245,29	30,00
<u>00-15-1</u>	1317,69	29,33	01-265-1	1668,62	29,00
00-33-1	321,77	26,50	01-265-3	1341,57	37,00
<u>00-42-2</u>	1071,94	25,33	01-271-1	1940,02	28,00
<u>00-47-1</u>	1285,61	26,33	01-273-1	3329,43	27,00
00-48-1	578,55	25,00	01-273-2	2190,77	32,00
<u>00-49-2</u>	1042,46	28,33	01-273-3	2204,09	31,00
00-49-1	430,55	25,33	01-275-1	688,18	30,00
<u>00-67-1</u>	701,10	29,33	01-287-1	2963,46	28,00
<u>00-76-1</u>	687,41	30,00	01-301-1	1881,04	25,00
<u>00-76-3</u>	1086,43	26,00	01-298-1	2995,24	34,00
<u>00-82-1</u>	622,15	27,33	01-303-3	1913,81	30,00
00-84-1	623,06	24,00	01-304-1	2110,43	24,00
<u>00-89-2</u>	643,84	27,00	01-307-2	3340,97	30,00
<u>00-95-1</u>	720,16	34,00	01-313-1	2695,37	28,00
00-104-1	620,22	24,67	01-313-3	3348,00	29,00
00-105-1	718,61	25,67	01-318-1	4711,10	30,00
00-105-2	675,67	24,33	01-318-3	1404,83	33,00
<u>00-106-2</u>	1958,90	33,81	01-318-4	2156,26	30,00
00-109-3	304,03	25,33	01-319-2	3599,75	32,00
<u>00-118-2</u>	1443,60	26,67	01-320-2	1101,09	24,33
<u>00-128-1</u>	1069,25	32,67	01-332-2	1985,90	35,00
00-128-2	1372,79	24,67	01-332-3	2162,86	29,00
00-128-3	590,81	24,33	01-336-1	1242,96	28,00
00-135-2	408,25	24,67	01-337-4	2670,60	26,00
00-135-3	583,90	26,67	01-339-2	1985,90	30,00
<u>00-136-1</u>	473,33	27,33	01-340-2	1284,61	30,00
<u>00-137-2</u>	736,32	26,67	01-342-4	1612,00	27,00
<u>00-137-3</u>	1282,64	32,67	01-345-1	4332,28	24,00
<u>00-138-1</u>	528,88	27,00	01-346-2	2803,46	30,00
<u>00-138-2</u>	417,82	30,00	01-346-3	4369,72	45,00
00-139-1	850,50	25,00	01-352-1	1731,85	29,00
00-141-2	924,47	23,00	01-352-3	2936,34	31,00
00-142-2	1199,50	24,67	01-358-2	2444,69	29,00
<u>00-146-2</u>	1538,12	25,00	01-362-1	2983,11	32,00
00-152-1	677,10	23,67	01-362-4	2943,86	34,00
00-153-3	1338,70	24,33	01-362-5	3179,37	28,00
00-168-2	739,94	24,33	01-379-2	2425,03	25,00
<u>00-169-1</u>	757,17	26,00	01-380-1	2098,25	11,00
<u>00-169-2</u>	798,10	27,00	01-381-2	1463,77	27,00
<u>00-169-3</u>	372,67	34,33	01-383-1	2031,78	35,00
00-172-2	888,90	22,67	01-385-4	3070,37	28,00

Famílias S ₃			Plantas S ₃		
Origem	Produção	CE	Origem	Produção	CE
<u>00-179-2</u>	917,75	27,00	01-401-1	1698,25	28,00
00-188-1	732,30	25,00	01-412-2	3316,39	34,00
<u>00-189-2</u>	856,77	26,00	01-412-3	1848,27	30,00
00-202-1	650,58	26,00	01-425-1	1586,90	34,00
00-205-1	428,27	25,60	01-425-2	2644,83	30,00
00-207-1	388,22	27,67	01-438-1	1586,10	28,00
00-208-1	346,81	26,67	01-443-2	1264,95	30,00
00-208-2	596,87	26,00	01-443-3	1572,99	32,00
00-209-2	451,03	26,67	01-443-4	773,39	34,67
<u>00-211-1</u>	524,21	34,67	01-445-2	1913,81	39,00
<u>00-211-3</u>	700,90	27,33	01-447-1	1127,31	29,33
<u>00-211-5</u>	786,14	29,33	01-449-1	3290,08	36,00
<u>00-212-1</u>	1311,92	31,67	01-449-2	2568,51	28,00
<u>00-212-2</u>	719,11	27,67	01-449-3	1919,77	29,00
<u>00-212-3</u>	617,13	27,00	01-450-1	1953,13	25,00
<u>00-212-4</u>	1432,15	29,67	01-460-1	1441,91	29,00
00-216-1	503,82	24,67	01-461-1	1972,79	30,00
<u>00-220-1</u>	662,79	30,00	01-461-2	2326,72	30,00
<u>00-223-3</u>	678,24	29,00	01-463-1	2313,61	29,00
<u>00-223-4</u>	799,92	26,00	01-463-2	3008,35	36,00
00-224-4	343,16	28,33	01-463-3	3958,70	30,00
<u>00-224-5</u>	846,95	32,00	01-463-4	4122,55	34,00
00-227-1	423,54	25,00	01-463-6	3204,97	32,00
<u>00-231-1</u>	788,84	26,67	01-469-3	2865,63	34,00
Média	765,11	27,04	Média	2362,19	30,12

^{1/}As origens sublinhadas são das progênies selecionadas, visando ao melhoramento populacional.

4.4. Avaliação de famílias de ‘topcross’ do programa 2

4.4.1. Análises de variância

Das 130 famílias avaliadas quanto ao desempenho individual, 97 foram analisadas em cruzamento. As médias de produção (711 kg/ha) e CE (23,70 mL/g) desse conjunto de famílias são bem próximas às médias de todas as famílias avaliadas quanto ao desempenho individual (Quadro 22). Desse modo, considerou-se esse conjunto de famílias como uma amostra representativa do número total de famílias avaliadas *per se*.

Nos ambientes, houve variabilidade genética para tratamentos (famílias e testemunhas) em CE e produção de grãos. As características proporção de espigas doentes e índice de prolificidade apresentaram comportamento diferente nos diferentes ambientes (Quadros 29 e 30).

Em geral, os coeficientes de variação foram maiores que aqueles observados nas análises dos ‘topcrosses’ do programa 1. Dentre os ambientes,

Quadro 29 – Análises de variância dos caracteres altura de planta (AP, m), altura de espiga (AE, m), proporção de plantas acamadas (PPA), proporção de plantas quebradas (PPQ), proporção de espigas mal empalhadas (PEME), proporção de espigas doentes (PED), índice de prolificidade (IP), produção corrigida para umidade-padrão de 14,5% e estande final de 30 plantas (kg/ha) e capacidade de expansão (CE, mL/g) em Maringá, PR, considerando-se famílias de ‘topcross’ (FT) do programa 2 e testemunhas (Te)

FV	GL	QM									
		AP	AE	PPA	PPQ	PEME	PED	IP	Produção	CE ₁	CE ₂
Repetições	2	0,0715	0,1317	0,0217	0,0278	0,0165	0,1279	0,4424	39959,11	45,6400	14,2480
Blocos/rep. (aj.)	33	0,0893	0,0601	0,0086	0,0084	0,0016	0,0112	0,1620	963634,26	8,4431	7,6969
Tratamentos (aj.)	(143)	0,0341 ^{ns}	0,0275*	0,0036 ^{ns}	0,0061**	0,0012 ^{ns}	0,0108 ^{ns}	0,0706 ^{ns}	657189,07*	31,6384**	19,1287**
FT	138	0,0343 ^{ns}	0,0275*	0,0037 ^{ns}	0,0059**	0,0012 ^{ns}	0,0110 ^{ns}	0,0702 ^{ns}	676522,26**	27,9248**	17,7052**
Te	4	0,0319 ^{ns}	0,0363 ^{ns}	0,0008 ^{ns}	0,0082 ^{ns}	0,0008 ^{ns}	0,0057 ^{ns}	0,0663 ^{ns}	324286,45 ^{ns}	73,2219**	38,3286**
FT vs.Te	1	0,0233 ^{ns}	0,0087 ^{ns}	0,0022 ^{ns}	0,0055 ^{ns}	0,0002 ^{ns}	0,0062 ^{ns}	0,0270 ^{ns}	64997,11 ^{ns}	334,3084**	131,9426**
Resíduo	253	0,0337	0,0209	0,0029	0,0037	0,0010	0,0088	0,0692	473936,20	10,8021	7,1857
Máximo FT		2,11	1,30	0,17	0,26	0,10	0,44	1,45	3484,40	29,45	30,82
Média FT		1,71	0,97	0,04	0,08	0,03	0,12	0,76	1983,64	20,54	24,15
Mínimo FT		1,43	0,75	0,00	0,00	0,00	0,02	0,31	796,24	13,06	17,72
Média Pais ^{1/}		1,84	1,09	0,04	0,04	0,02	0,07	0,96	2152,74	21,20	23,32
Média IAC 112		1,60	0,82	0,04	0,01	0,01	0,11	1,04	2313,05	30,72	31,44
Média Zélia		1,67	0,93	0,01	0,10	0,05	0,18	0,70	1482,68	31,94	30,40
Média Ângela		1,78	1,04	0,05	0,10	0,02	0,07	0,70	1758,16	23,46	26,98
CV%		10,71	14,89	143,16	74,98	126,22	75,44	34,24	34,71	15,86	11,05

ns, * e **: não significativo ($P > 0,05$) e significativos a 5 e 1% de probabilidade, respectivamente, pelo teste F.

CE₁: mensurada em pipoqueira de ar quente.

CE₂: mensurada na Metric Weight Volume Tester (MWVT).

^{1/}: média das populações que deram origem às famílias de ‘topcross’ do experimento.

o ensaio conduzido em Maringá apresentou, em geral, maiores coeficientes de variação. Como observado nos experimentos do programa 1, notou-se menor variação do caráter CE quando mensurado na Metric Weight Volume Tester (MWVT). Essa variação foi 30 e 53% menor que as obtidas em pipoqueira de ar quente nos experimentos de Maringá e Capinópolis, respectivamente, comprovando a maior eficiência desse processo na avaliação das amostras.

Quadro 30 – Análises de variância dos caracteres proporção de espigas doentes (PED), índice de prolificidade (IP), produção corrigida para umidade-padrão de 14,5% e estande final de 30 plantas (kg/ha) e capacidade de expansão (CE, mL/g) em Capinópolis, MG, considerando-se famílias de ‘topcross’ (FT) do programa 2 e testemunhas (Te)

FV	GL	QM				
		PED	IP	Produção	CE ₁	CE ₂
Repetições	2	0,8313	0,1071	474861,15	12,1324	154,9660
Blocos/rep. (aj.)	33	0,0324	0,0357	227936,42	15,2977	9,0930
Tratamentos (aj.)	(143)	0,0253**	0,0775*	372764,94**	30,5741**	23,0012**
FT	138	0,0234*	0,0771*	347799,00**	28,0181**	17,8692**
Te	4	0,0759**	0,0538 ^{ns}	1003408,80**	49,2646*	69,4236**
FT vs. Te	1	0,0283 ^{ns}	0,1962 ^{ns}	225519,49 ^{ns}	293,3138**	535,6726**
Resíduo	253	0,0168	0,0580	136026,77	17,6902	5,1779
Máximo FT		0,51	1,50	3040,27	27,80	30,39
Média FT		0,26	1,03	1811,76	21,35	24,77
Mínimo FT		0,07	0,47	874,27	12,31	15,12
Média Pais ^{1/}		0,33	1,05	1553,78	22,76	25,50
Média IAC 112		0,00	1,26	2614,84	31,33	34,10
Média Zélia		0,25	1,07	1454,13	27,48	35,27
Média Ângela		0,06	1,31	2511,37	25,92	34,33
CV%		50,50	23,31	20,31	19,55	9,11

ns, * e **: não significativo ($P > 0,05$) e significativos a 5 e 1% de probabilidade, respectivamente, pelo teste F.

CE₁: mensurada em pipoqueira de ar quente.

CE₂: mensurada na Metric Weight Volume Tester (MWVT).

^{1/}: média das populações que deram origem às famílias de ‘topcross’ do experimento.

Houve pouca variação entre ambientes quanto às médias de CE das famílias. Em relação aos experimentos do programa 1, notaram-se valores de CE ligeiramente inferiores no material analisado nos ensaios do programa 2. Independente do ambiente, observou-se variabilidade entre famílias de ‘topcross’ e entre testemunhas, quanto ao caráter CE. O contraste FT vs. Te, assim como no programa 1, também foi significativo, revelando a superioridade das testemunhas. Contudo, como observado anteriormente, várias famílias

apresentaram qualidade próxima àquelas obtidas pelas testemunhas, em que tanto em Maringá quanto em Capinópolis foram observadas famílias com CE superior à de Zélia e Ângela, chegando algumas a apresentar valores de CE 26% superiores ao da testemunha Ângela (Quadro 31). As cinco melhores famílias em cada local foram, em média, 11 e 9% inferiores à IAC 112, 7 e 9% inferiores à Zélia, 12% superiores e 2% inferiores à Ângela e 37 e 22% superiores a Beija-Flor, nas avaliações em pipoqueira de ar quente e na MWVT, respectivamente.

Quadro 31 - Valores médios de capacidade de expansão (CE, mL/g) das 10 melhores famílias de 'topcross' e das testemunhas IAC 112, Zélia e Ângela nas diferentes localidades, com avaliações em pipoqueira de ar quente (CE₁), na MWVT (CE₂) e na pipoqueira do CNPDIA/Embrapa (CE₃)

Capinópolis					Maringá				
Origem	CE ₁	% IAC 112	% Zélia	% Ângela	Origem	CE ₃	% IAC 112	% Zélia	% Ângela
IAC 112	31,33	100,0	114,0	120,9	IAC 112	30,72	100,0	96,2	131,0
Zélia	27,48	87,7	100,0	106,0	Zélia	31,94	104,0	100,0	136,2
Ângela	25,92	82,7	94,3	100,0	Ângela	23,46	76,3	73,4	100,0
01-650	27,80	88,7	101,2	107,3	01-710	29,45	95,9	92,2	125,6
01-674	27,51	87,8	100,1	106,1	01-580	27,70	90,2	86,7	118,1
01-618	27,45	87,6	99,9	105,9	01-703	27,11	88,2	84,9	115,6
01-579	27,41	87,5	99,8	105,8	01-699	26,76	87,1	83,8	114,1
01-641	27,32	87,2	99,4	105,4	01-706	26,75	87,1	83,7	114,1
01-559	27,00	86,2	98,3	104,2	01-543	26,62	86,6	83,3	113,5
01-615	26,22	83,7	95,4	101,2	01-709	26,42	86,0	82,7	112,7
01-709	26,03	83,1	94,7	100,4	01-541	25,98	84,6	81,3	110,8
01-569	25,89	82,6	94,2	99,9	01-485	25,58	83,3	80,1	109,0
01-640	25,82	82,4	94,0	99,6	01-686	25,42	82,7	79,6	108,4
Origem	CE ₂	% IAC 112	% Zélia	% Ângela	Origem	CE ₂	% IAC 112	% Zélia	% Ângela
IAC 112	34,10	100,0	96,7	99,3	IAC 112	31,44	100,0	103,4	116,5
Zélia	35,27	103,4	100,0	102,7	Zélia	30,40	96,7	100,0	112,7
Ângela	34,33	100,7	97,3	100,0	Ângela	26,98	85,8	88,8	100,0
01-663	30,39	89,1	86,2	88,5	01-704	30,82	98,0	101,4	114,2
01-599	30,24	88,7	85,7	88,1	01-580	29,98	95,4	98,6	111,1
01-623	30,06	88,2	85,2	87,6	01-541	29,53	93,9	97,1	109,4
01-704	29,87	87,6	84,7	87,0	01-484	28,98	92,2	95,3	107,4
01-650	29,46	86,4	83,5	85,8	01-703	28,67	91,2	94,3	106,3
01-509	29,27	85,8	83,0	85,3	01-698	28,46	90,5	93,6	105,5
01-545	29,03	85,2	82,3	84,6	01-706	28,40	90,3	93,4	105,3
01-546	28,96	84,9	82,1	84,4	01-699	28,30	90,0	93,1	104,9
01-525	28,82	84,5	81,7	84,0	01-539	28,25	89,9	92,9	104,7
01-571	28,72	84,2	81,4	83,7	01-626	28,07	89,3	92,4	104,0

Com relação à produção média das famílias, a não-significância do teste para o contrastes FT vs. Te indica a boa produtividade dessas famílias quando

comparadas com as testemunhas, e a similaridade de produção destas últimas, no experimento de Maringá, evidenciou a boa produtividade da população Beija-Flor em relação aos híbridos IAC 112 e Zélia e à variedade Ângela, todos material comercial. A comparação de médias de famílias de 'topcross' dos dois programas indicou maior produção das oriundas do programa 1 (em média, 4% a mais que o valor médio de IAC 112 e Zélia; as do programa 2 produziram, em média, 3% menos). Entretanto, a produtividade média das famílias do programa 2 pode ser considerada satisfatória. Com relação às testemunhas, nota-se menor produtividade das famílias em relação à IAC 112. Todavia, analisando a média das cinco famílias de maior produção nos dois experimentos, pôde-se constatar superioridade delas em relação a todas as testemunhas, sendo estas duas vezes mais produtivas que Zélia e 20, 43 e 52% mais produtivas que IAC 112, Ângela e Beija-Flor, respectivamente.

Diferentemente do programa 1, em que foi verificado heterose para produção de grãos, as médias de produção e qualidade das famílias foram praticamente as mesmas dos pais, indicando ausência de heterose média.

As médias das características alturas de planta e de espiga, proporções de plantas acamadas, de plantas quebradas, de espigas mal empalhadas e de espigas doentes foram semelhantes entre famílias de 'topcross' e testemunhas.

A interferência do ambiente na expressão dos caracteres foi avaliada com base na análise conjunta. As interações tratamentos x ambientes e famílias x ambientes foram significativas para os caracteres CE, produção de grãos e proporção de espigas doentes (Quadro 32). Houve, ainda, interação significativa entre ambiente e o contraste FT vs. Te para o caráter CE. Resultados dessa natureza dificultam o processo seletivo e a recomendação de material de boas produção e qualidade para áreas mais abrangentes, em razão de um comportamento relativo diferente dos tratamentos nos diferentes locais de avaliação. Os resultados confirmam a variabilidade genética quanto à CE e evidenciam pouca variação nos demais caracteres. Não foram observadas diferenças entre ambientes para os caracteres CE e proporção de espigas doentes, resultado que pode ter ocorrido em razão de pequeno número de ambientes avaliados.

Quadro 32 – Análises de variância conjuntas dos caracteres índice de prolificidade (IP), proporção de espigas doentes (PED), produção corrigida para unidade-padrão de 14,5% e estande final de 30 plantas (kg/ha) e capacidade de expansão na MWVT (CE, mL/g), considerando-se famílias de ‘topcross’ (FT) do programa 2 e testemunhas (Te)

FV	GL	QM			
		IP	PED	Produção	CE
Blocos/Ambientes	4	0,2747**	0,4796**	257410,13 ^{ns}	84,6070**
Tratamentos (T)	(143)	0,0830 ^{ns}	0,0192 ^{ns}	633142,49 ^{ns}	31,6333**
FT	138	0,0830 ^{ns}	0,0185 ^{ns}	633756,86 ^{ns}	25,5155**
Te	4	0,0590 ^{ns}	0,0399 ^{ns}	764185,58 ^{ns}	100,6891*
FT vs. Te	1	0,1843	0,0305	24187,47	599,6609
Ambientes (A)	1	15,1328**	3,7844 ^{ns}	6031245,57**	114,0503 ^{ns}
T x A	(143)	0,0829 ^{ns}	0,0192**	508853,35**	13,3906**
FT x A	138	0,0839*	0,0188**	505567,91**	13,1679**
Te x A	4	0,0585 ^{ns}	0,0368*	682831,97 ^{ns}	7,4336 ^{ns}
FT vs Te x A	1	0,0388 ^{ns}	0,0040 ^{ns}	266329,45 ^{ns}	67,9542**
Resíduo	572	0,0677	0,0138	338535,80	6,4371
CV%		28,88	61,77	30,63	10,31

ns, * e **: não significativo ($P > 0,05$) e significativos a 5 e 1% de probabilidade, respectivamente, pelo teste F.

4.4.2. Estimação dos efeitos de capacidade geral de combinação

Visando comparar os desempenhos individual e em cruzamento, optou-se, mais uma vez, pela utilização das famílias de melhor qualidade em cada ambiente, sendo consideradas as 20% de maior qualidade entre o conjunto de famílias de ‘topcross’. A análise de qualidade dessas famílias indicou predominância de famílias de ‘topcross’ oriundas de famílias S_3 selecionadas quanto ao mérito individual, independentemente do ambiente e sistema de avaliação. Em Maringá, 63% das melhores famílias de ‘topcross’ avaliadas tanto na pipoqueira do CNPDIA quanto na MWVT eram provenientes de famílias selecionadas quanto ao desempenho *per se*. Dentre as 10 famílias de maior CE avaliadas na MWVT, nove eram oriundas de material selecionado quanto ao mérito individual. Em Capinópolis, 74% das famílias de ‘topcross’ avaliadas na MWVT e que apresentavam CE superior eram oriundas de famílias selecionadas *per se*. Na análise em pipoqueira de ar quente, as quatro famílias de maior CE eram oriundas de material selecionado quanto ao mérito individual. Esses resultados se assemelham àqueles obtidos no programa 1 e

reforçam a idéia de que famílias superiores em qualidade, quanto ao mérito individual, também produzirão híbridos superiores quando em cruzamento.

Em geral, não foi observada predominância de famílias de 'topcross' provenientes de famílias S_3 selecionadas *per se* com efeitos de capacidade geral de combinação positivos, como ocorrido no programa 1. Como na avaliação dos efeitos de capacidade geral de combinação foi observado maior número de famílias de 'topcross' provenientes de famílias S_3 selecionadas do que aquelas oriundas de famílias S_3 não selecionadas quanto ao mérito individual, houve tendência de divisão igualitária dos efeitos de capacidade geral de combinação positivos e negativos.

Dentre as famílias de 'topcross' de pior qualidade, as 20% com menor CE foram avaliadas quanto à sua origem. A análise indicou que, em geral, as famílias oriundas de material não selecionado quanto ao mérito individual produziram híbridos de qualidade inferior. Em Capinópolis, 68% das famílias de pior qualidade avaliadas na MWVT eram provenientes de famílias S_3 não selecionadas quanto ao mérito individual. Essa tendência também foi observada nas avaliações de CE feitas em Maringá, na MWVT. Na pipoqueira do CNPDIA, entretanto, 58% das famílias de inferior qualidade eram provenientes de famílias selecionadas quanto ao desempenho individual. Deve-se destacar, contudo, que dentre as nove famílias de pior qualidade avaliadas, sete eram provenientes de material não selecionado.

Apesar de terem sido observadas estimativas positivas de correlação entre efeito de CGC e média de família S_3 em relação à CE, essas não foram de magnitude elevada. Em Maringá e Capinópolis, essa correlação foi de 0,16 e 0,19, respectivamente, em avaliações na MWVT.

Diferentemente do observado no programa 1, as famílias selecionadas quanto ao desempenho individual originaram famílias de 'topcross' de boa produtividade, quando comparadas com as demais. Analisando as 20% de maior produção, observou-se que em Maringá 58% delas eram originárias de famílias S_3 selecionadas. Em Capinópolis, esse percentual chegou a 74%. Quando foram analisadas as famílias de menor produção, notou-se uma freqüência equivalente entre famílias de 'topcross' oriundas de progênes selecionadas e não selecionadas.

A correlação entre média de família S_3 e capacidade geral de combinação, considerando-se o caráter produção, foi baixa, ou seja, 0,04 e 0,10 em Capinópolis e Maringá, respectivamente, não indicando se as famílias de maior produção serão progenitoras de híbridos mais produtivos. A avaliação das 20 famílias de 'topcross' de maior produção em cada ambiente proporcionou aumento na correlação entre CGC e média de família S_3 , em relação ao caráter CE avaliado na MWVT. Essa correlação passou de 0,19 para 0,42 em Capinópolis e de 0,16 para 0,22 em Maringá. Dessa forma, é conveniente no processo seletivo de famílias levar em consideração as estimativas de sua produção.

4.5. Seleção de famílias S_3 com base nos desempenhos individual e em cruzamento

Tanto na seleção de famílias S_3 visando ao melhoramento populacional quanto na seleção com o objetivo de obtenção de famílias S_4 superiores, foi considerado somente desempenho individual. Deve-se, contudo, avaliar a importância da inclusão dos efeitos de capacidade geral de combinação das famílias na identificação de material promissor na produção de híbridos. A utilização, no processo seletivo, de índices que levam em consideração os desempenhos *per se* e em cruzamento podem favorecer a identificação de linhagens superiores para produção de híbridos.

Na seleção de famílias S_3 combinando desempenhos individual e em cruzamento, consideraram-se somente aquelas que foram avaliadas quanto aos dois méritos. Dessa forma, as famílias avaliadas nos programas 1 e 2 resumem-se a 109 e 97, respectivamente. Com a alteração do número de famílias avaliadas, fez-se necessário recalcular os ganhos entre, dentro e total, considerando somente o desempenho individual, de modo a obter ganhos comparáveis das estratégias de seleção com base em desempenho individual e com base em desempenho individual e em cruzamento, mediante o emprego de índice e seleção combinada.

Nos cálculos de ganhos, considerando somente desempenho individual, foram utilizadas a seleção direta para CE e a seleção com base no índice de

Mulamba e Mock, com pesos 3 e 1 para capacidade de expansão e produção de grãos, respectivamente, em ambos os programas. Optou-se, ainda, pela seleção de 62 famílias S₃ do programa 1 e 55 do programa 2, o que correspondeu à mesma intensidade de seleção adotada na avaliação do conjunto total de famílias.

Considerando a CE, as maiores estimativas de ganhos entre e dentro foram obtidas com seleção direta (Quadro 33). Os ganhos entre foram bastante semelhantes em ambos os programas. Entretanto, assim como observado com o conjunto total de famílias, houve estimativas bem maiores para seleção dentro no programa 1, comparativamente às do programa 2. O índice de Mulamba e Mock mostrou-se, mais uma vez, eficiente em selecionar famílias superiores em qualidade e produção, proporcionando ganhos totais correspondentes a 98 e 99% nos programas 1 e 2, respectivamente, dos ganhos esperados em CE com a seleção direta para esse caráter.

Quadro 33 - Estimativas de ganhos entre, dentro e total com seleção de famílias e plantas S₃^{1/} visando à obtenção de famílias S₄, considerando-se seleção direta para CE (SDCE) e seleção com base no índice de Mulamba e Mock (MeM), com pesos 1 e 3 para produção e CE, respectivamente, nas características produção corrigida para umidade-padrão de 14,5% (kg/ha) e capacidade de expansão (CE, mL/g), nos ensaios de progênies dos programas 1 e 2

Programas	Critérios de Seleção	Ganho Entre		Ganho Dentro		Ganho Total	
		Produção	CE	Produção	CE	Produção	CE
1	SDCE	-48,4088	2,7572	260,0488	6,5164	211,6400	9,2736
	MeM	45,0816	2,6526	262,5728	6,4542	307,6543	9,1068
2	SDCE	14,9487	2,5392	5,0384	3,0005	19,9871	5,5396
	MeM	28,7061	2,5029	70,8428	2,9586	99,5489	5,4615

^{1/}Programa 1: seleção de 62 famílias e 62 plantas S₃.
Programa 2: seleção de 55 famílias e 55 plantas S₃.

Com relação à produção de grãos, em ambos os programas foram preditos ganhos maiores quando utilizado o índice de Mulamba e Mock. No programa 2, a estimativa de ganho total com o uso do índice foi cinco vezes maior que aquela predita com seleção direta para CE. Como foi observado estimativa de ganho negativa no programa 1 para seleção entre, é recomendável a adoção do índice de Mulamba e Mock no processo seletivo,

pois, além de gerar estimativas de ganhos em qualidade bem próximas daquelas esperadas com seleção direta para CE, proporcionou estimativas de ganhos em produção bem superiores, principalmente no programa 2.

4.5.1 Predição de ganhos considerando desempenhos individual e em cruzamento

Na predição de ganhos entre, foram considerados quatro índices, que ponderaram os “ranks” dos méritos individual e em cruzamento, sendo um de seleção combinada. Na seleção dentro, independentemente da estratégia adotada com seleção entre, optou-se pelo uso do índice de Mulamba e Mock com pesos 3 para CE e 1 para produção de grãos.

Considerando o caráter CE, em ambos os programas as estimativas de ganhos entre com o emprego dos índices 1, 2 e 3 foram menores que os ganhos entre obtidos pelas estratégias que consideram somente desempenho individual. Dentre os três índices, o segundo e terceiro, em que o peso do mérito individual foi duas e três vezes maior, respectivamente, que o peso do mérito em cruzamento, proporcionaram as maiores estimativas de ganhos entre para a característica CE, em ambos os programas (Quadro 34). No programa 1, as expectativas de ganhos entre com o uso dos índices, comparativamente às esperadas com seleção com base somente no desempenho individual, foram de 73, 93 e 96% para os índices 1, 2 e 3, respectivamente, quando comparados com a seleção direta para CE; e de 76, 96 e 99%, em comparação com o índice de Mulamba e Mock. No programa 2, essas estimativas foram 83, 91 e 92% para os índices 1, 2 e 3, respectivamente, em comparação com a seleção direta para CE, e de 85, 93 e 93% para os índices 1, 2 e 3, respectivamente, quando considerado o índice de Mulamba e Mock.

Mesmo com evidência de redução nas estimativas de ganhos entre em CE, com a seleção que considera desempenho *per se* e capacidade geral de combinação das famílias, em relação ao esperado, com base no desempenho individual, alguns aspectos devem ser destacados. A redução nas estimativas de ganhos entre foram de pequena magnitude para os índices 2 e 3, em

comparação com os ganhos entre na seleção com base em desempenho individual. Os ganhos com seleção dentro com base em desempenhos individual e em cruzamento foram, em geral, de mesma magnitude ou até superiores aos ganhos obtidos com seleção de plantas originárias de famílias selecionadas somente com base em desempenho *per se*. No programa 1, os ganhos totais em CE para os índices 2 e 3 foram superiores aos ganhos obtidos na seleção com base em desempenho individual. Em ambos os programas, todos os índices que consideram desempenhos individual e em cruzamento apresentaram ganhos totais em produção superiores àqueles que consideram somente desempenho *per se*. Além disso, o detrimento em ganho com a seleção que considera ambos os méritos pode ser compensado com um aumento na capacidade de combinação das famílias. Contudo, não se pode afirmar até que ponto a inclusão no processo seletivo da informação de capacidade geral de combinação favorecerá a obtenção de híbridos superiores. Os benefícios da inclusão das estimativas de capacidade de combinação das famílias só poderão ser mensurados na avaliação das linhagens em combinações híbridas.

Quadro 34 - Estimativas de ganhos entre, dentro e total com seleção de famílias e plantas S_3 ^{1/} visando à obtenção de famílias S_4 , considerando-se diferentes índices de seleção^{2/} para as características produção corrigida para umidade-padrão de 14,5% (kg/ha) e capacidade de expansão (CE, mL/g), nos ensaios de progênies dos programas 1 e 2

Programas	Critérios de Seleção	Ganho Entre		Ganho Dentro		Ganho Total	
		Produção	CE	Produção	CE	Produção	CE
1	Índice 1	91,6452	2,0220	404,3117	6,4853	495,9569	8,5073
	Índice 2	62,5492	2,5551	445,1228	6,7810	507,6720	9,3361
	Índice 3	42,6672	2,6352	404,6232	6,7187	447,2904	9,3539
2	Índice 1	18,4488	2,1169	133,6837	2,9377	152,1325	5,0546
	Índice 2	41,5525	2,3154	137,6249	3,0424	179,1774	5,3577
	Índice 3	41,6887	2,3352	127,2075	2,8958	168,8961	5,2310

^{1/}Programa 1: seleção de 62 famílias e 62 plantas S_3 .

Programa 2: seleção de 55 famílias e 55 plantas S_3 .

^{2/}Índice 1: pesos iguais para os "ranks" dos desempenhos individual e em cruzamento.

Índice 2: pesos 2 e 1 para os "ranks" dos desempenhos individual e em cruzamento, respectivamente.

Índice 3: pesos 3 e 1 para os "ranks" dos desempenhos individual e em cruzamento, respectivamente.

As origens das 62 plantas do programa 1 e das 55 plantas do programa 2 selecionadas com os índices que consideram mérito individual e em cruzamento estão apresentadas no Quadro 35. Na hipótese de seleção com base em um dos índices, tanto o segundo quanto o terceiro poderiam ser considerados. Neste, as estimativas de ganhos totais em produção foram menores que aquelas com o índice 2, mas com ganhos em CE equivalentes aos do segundo, com expectativa de ganhos maiores na seleção entre. Dessa forma, o terceiro índice tende a promover maiores ganhos totais em gerações endogâmicas posteriores.

Em ambos os programas, além da predição dos ganhos anteriormente citados, foram preditos, ainda, ganhos considerando seleção combinada. Os valores dos pesos atribuídos aos méritos individual e em cruzamento, nos índices de seleção combinada, são apresentados no Quadro 36.

Com base nos pesos apresentados, observou-se que no programa 1 o valor do índice de seleção combinada tanto para produção quanto, principalmente, para CE leva em consideração basicamente o mérito da família em cruzamento. No programa 2, diferentemente do programa 1, o valor do índice está associado, principalmente, ao desempenho da família *per se*.

Na predição de ganhos considerando índice de seleção combinada (Quadro 37), verificou-se que os ganhos totais em CE foram inferiores aos esperados com as demais estratégias de seleção avaliadas, em ambos os programas, à exceção daquela que considerou pesos iguais para desempenhos individuais e em cruzamento no programa 2. As estimativas de ganhos totais no programa 1, com seleção combinada, corresponderam a 59 e 60% daquelas obtidas com seleção direta para CE e seleção com base no índice de Mulamba e Mock. Todavia, no programa 2, essas estimativas chegaram a 93 e 94%, comparativamente à seleção direta para CE e seleção com base no índice de Mulamba e Mock, respectivamente. A diferença percentual entre as estimativas de ganhos com seleção combinada nos dois programas deve-se, provavelmente, ao fato de que no programa 1 o índice é função basicamente do desempenho da família em cruzamento, o que não necessariamente implica que essa mesma família apresente bom desempenho *per se*.

Quadro 35 – Origem das 62 e das 55 plantas S₃ selecionadas, utilizando-se índices^{1/} que consideram os méritos individual e em cruzamento, nos ensaios com progênies dos programas 1 e 2

PROGRAMA 1			PROGRAMA 2		
Índice 1	Índice 2	Índice 3	Índice 1	Índice 2	Índice 3
00-509-2	00-509-2	00-509-2	01-244-2	01-244-2	01-244-2
00-513-2	00-513-2	00-512-2	01-245-1	01-245-1	01-245-1
00-520-3	00-520-3	00-513-2	01-246-1	01-246-1	01-246-1
00-523-1	00-523-1	00-520-3	01-258-1	01-258-1	01-258-1
00-525-2	00-525-2	00-523-1	01-264-1	01-264-1	01-264-1
00-528-1	00-528-1	00-525-2	01-275-1	01-273-2	01-273-2
00-529-1	00-529-1	00-528-1	01-303-3	01-273-3	01-273-3
00-529-2	00-529-2	00-529-1	01-304-1	01-275-1	01-275-1
00-529-3	00-529-3	00-529-2	01-307-2	01-303-3	01-303-3
00-531-3	00-531-3	00-529-3	01-308-5	01-304-1	01-304-1
00-531-4	00-531-4	00-531-3	01-313-1	01-307-2	01-307-2
00-532-1	00-532-1	00-531-4	01-313-3	01-308-5	01-308-5
00-544-1	00-535-1	00-532-1	01-319-2	01-313-3	01-313-3
00-551-1	00-551-1	00-535-1	01-339-2	01-319-2	01-319-2
00-561-1	00-561-1	00-551-1	01-340-1	01-336-1	01-336-1
00-561-2	00-561-2	00-561-1	01-340-2	01-339-2	01-339-2
00-566-1	00-566-1	00-561-2	01-342-4	01-340-1	01-340-1
00-574-2	00-574-2	00-566-1	01-346-2	01-340-2	01-340-2
00-575-3	00-575-3	00-574-2	01-346-3	01-342-4	01-342-4
00-580-3	00-580-3	00-575-3	01-351-1	01-346-2	01-346-2
00-583-2	00-581-2	00-580-3	01-351-2	01-346-3	01-346-3
00-585-1	00-582-2	00-581-2	01-351-3	01-351-1	01-351-1
00-586-2	00-583-2	00-582-2	01-352-1	01-351-2	01-351-2
00-591-4	00-585-1	00-583-2	01-352-3	01-351-3	01-351-3
00-602-3	00-586-2	00-585-1	01-359-1	01-352-1	01-352-1
00-609-2	00-591-4	00-586-2	01-359-2	01-352-3	01-352-3
00-610-2	00-602-1	00-591-4	01-359-3	01-362-1	01-358-2
00-619-1	00-609-2	00-602-1	01-381-2	01-362-4	01-362-1
00-619-2	00-610-2	00-609-2	01-385-4	01-381-2	01-362-4
00-620-2	00-619-1	00-610-2	01-401-1	01-385-4	01-362-5
00-621-1	00-619-2	00-619-1	01-412-2	01-401-1	01-381-2
00-623-2	00-621-1	00-619-2	01-412-3	01-412-2	01-385-4
00-624-1	00-623-2	00-621-1	01-425-1	01-412-3	01-401-1
00-631-1	00-624-1	00-623-2	01-425-2	01-425-1	01-412-2
00-631-2	00-631-1	00-631-1	01-438-1	01-425-2	01-412-3
00-631-3	00-631-2	00-631-2	01-443-2	01-438-1	01-425-1
00-633-1	00-631-3	00-631-3	01-443-3	01-443-2	01-425-2
00-639-5	00-633-1	00-633-1	01-443-4	01-443-3	01-438-1
00-641-2	00-639-5	00-639-5	01-444-1	01-443-4	01-443-2
00-643-1	00-641-2	00-641-2	01-444-2	01-444-1	01-443-3
00-645-2	00-645-2	00-645-2	01-445-1	01-444-2	01-443-4
00-651-1	00-651-1	00-651-1	01-445-2	01-445-1	01-445-1
00-667-1	00-654-1	00-654-1	01-447-1	01-445-2	01-445-2
00-670-1	00-667-1	00-667-1	01-447-3	01-447-1	01-447-1
00-672-2	00-672-2	00-672-2	01-450-1	01-450-1	01-450-1
00-674-2	00-674-2	00-674-2	01-460-1	01-460-1	01-460-1
00-675-1	00-676-1	00-676-1	01-460-2	01-460-2	01-460-2
00-676-1	00-678-2	00-678-2	01-461-1	01-461-1	01-461-1
00-678-2	00-679-2	00-679-2	01-461-2	01-461-2	01-461-2
00-679-2	00-680-1	00-680-1	01-463-1	01-463-1	01-463-1
00-680-1	00-681-1	00-681-1	01-463-2	01-463-2	01-463-2

PROGRAMA 1			PROGRAMA 2		
Índice 1	Índice 2	Índice 3	Índice 1	Índice 2	Índice 3
00-681-1	00-681-2	00-681-2	01-463-3	01-463-3	01-463-3
00-681-2	00-690-1	00-690-1	01-463-4	01-463-4	01-463-4
00-690-3	00-690-3	00-690-3	01-463-6	01-463-6	01-463-6
00-695-1	00-695-1	00-695-1	01-469-3	01-469-3	01-469-3
00-695-2	00-695-2	00-695-2			
00-696-2	00-696-2	00-696-2			
00-697-2	00-697-2	00-697-2			
00-701-1	00-701-1	00-701-1			
00-703-1	00-703-1	00-703-1			
00-708-1	00-708-1	00-708-1			
00-708-2	00-708-2	00-708-2			

^{1/}Índice 1: pesos iguais para os “ranks” dos desempenhos individual e em cruzamento.
Índice 2: pesos 2 e 1 para os “ranks” dos desempenhos individual e em cruzamento, respectivamente.
Índice 3: pesos 3 e 1 para os “ranks” dos desempenhos individual e em cruzamento, respectivamente.

Quadro 36– Estimativas dos pesos do mérito individual (b_1) e em cruzamento (b_2) atribuídos aos índices de seleção combinada para os caracteres capacidade de expansão (CE) e produção

Pesos	Programa 1		Programa 2	
	CE	Produção	CE	Produção
b_1	0,00003270	0,00013574	0,00045994	0,00013468
b_2	0,00110605	0,00024483	-0,00021293	-0,00000811

Quadro 37 - Estimativas de ganhos entre, dentro e total com seleção de famílias e plantas S_3 ^{1/} visando à obtenção de famílias S_4 , considerando-se índice de seleção combinada para as características produção corrigida para umidade-padrão de 14,5% (kg/ha) e capacidade de expansão (CE, mL/g), nos ensaios de progênies dos programas 1 e 2

Programas	Ganho Entre		Ganho Dentro		Ganho Total	
	Produção	CE	Produção	CE	Produção	CE
1	-29,2182	0,5813	249,2189	4,8981	220,0007	5,4794
2	31,3546	2,3516	66,0157	2,7912	97,3703	5,1428

^{1/}Programa 1: seleção de 62 famílias e 62 plantas S_3 .
Programa 2: seleção de 55 famílias e 55 plantas S_3 .

Apesar da estimativa negativa de ganho em produção na seleção entre considerando o programa 1, os ganhos totais com seleção combinada foram positivos, maiores que aqueles observados com seleção direta para CE e próximos aos obtidos com o índice de Mulamba e Mock, principalmente no programa 2.

Deve-se enfatizar, novamente, que a redução nas estimativas de ganhos com estratégias de seleção que considerem mérito individual e capacidade de combinação das famílias pode vir a ser compensada com maior heterose no cruzamento de linhagens provenientes de famílias selecionadas, levando em consideração essa estratégia, em comparação com os híbridos cujas linhagens são provenientes de famílias avaliadas somente quanto ao desempenho individual. Dessa forma, a identificação das plantas selecionadas com seleção combinada (Quadro 38), bem como das selecionadas com base nos índices anteriormente citados, é indispensável para análises futuras dos benefícios de se levar em consideração, no processo seletivo, a capacidade de combinação das famílias.

Quadro 38 – Origem das 62 e das 55 plantas S_3 selecionadas com base no índice de seleção combinada, nos ensaios com progênies dos programas 1 e 2, respectivamente

PROGRAMA 1			PROGRAMA 2		
00-513-2	00-602-3	00-641-2	01-242-2	01-346-2	01-445-2
00-523-1	00-603-1	00-642-2	01-244-2	01-346-3	01-447-1
00-525-1	00-609-2	00-643-1	01-245-1	01-352-1	01-447-3
00-525-2	00-610-2	00-645-2	01-264-1	01-352-3	01-450-1
00-528-1	00-619-1	00-654-1	01-273-2	01-362-1	01-460-1
00-531-3	00-619-2	00-657-1	01-273-3	01-362-4	01-461-1
00-531-4	00-620-2	00-670-1	01-275-1	01-367-1	01-461-2
00-532-1	00-621-1	00-671-1	01-301-1	01-379-2	01-463-1
00-544-1	00-623-2	00-672-2	01-303-3	01-381-2	01-463-2
00-544-2	00-624-1	00-674-2	01-304-1	01-385-4	01-463-3
00-551-1	00-625-1	00-675-1	01-307-2	01-401-1	01-463-4
00-566-1	00-626-1	00-678-2	01-308-5	01-403-1	01-463-6
00-566-3	00-627-1	00-679-2	01-313-3	01-412-2	01-469-3
00-574-1	00-629-2	00-680-1	01-319-2	01-412-3	
00-574-2	00-631-1	00-681-1	01-336-1	01-425-1	
00-575-3	00-631-2	00-681-2	01-339-2	01-425-2	
00-583-2	00-631-3	00-696-2	01-340-1	01-438-1	
00-586-2	00-636-1	00-697-2	01-340-2	01-443-2	
00-591-2	00-639-3	00-708-1	01-342-4	01-443-3	
00-591-4	00-639-4	00-708-2	01-344-1	01-443-4	
00-602-1	00-639-5		01-345-1	01-445-1	

4.6. Eficiência da seleção entre e dentro de famílias S_3

Visando avaliar a eficiência da seleção entre e dentro de progênies S_3 , foram calculados os ganhos realizados totais. Estes foram estimados como a

diferença entre a média das famílias S_4 derivadas de plantas S_3 oriundas dos programas 1 e 2 e selecionadas pelo índice de Mulamba e Mock, com pesos 3 e 1 para CE e produção de grãos, respectivamente, considerando-se desempenho individual e a média de todas as famílias S_4 .

Os ganhos previstos em CE e produção de grãos não foram confirmados pelos ganhos realizados. Houve pequeno aumento da média em CE (0,57 mL/g) de S_3 para S_4 . O ganho realizado em produção (-45 kg/ha) foi em sentido contrário ao previsto. Disparidades dessa natureza também foram observadas por VILARINHO (2001) e SANTOS (2002) na seleção de progênies S_2 oriundas da mesma população.

É certo, contudo, que o valor calculado de ganho realizado em qualidade está subestimado. Na instalação do teste de progênies S_4 , consideraram-se somente as plantas S_3 de maior CE. O critério adotado na escolha do material a ser plantado fez com que a média de CE das famílias S_4 derivadas das plantas S_3 não selecionadas não fosse representativa da média de CE do conjunto total de progênies derivadas de planta S_3 não selecionada com seleção entre e dentro, comprometendo, assim, o cálculo de ganho realizado, pelo menos em relação à característica CE. Dessa forma, a constatação de ganho positivo em qualidade, mesmo sendo este subestimado, deve ser atribuído à eficiência do processo seletivo em S_3 .

Outro fato que evidencia a eficiência da seleção entre e dentro em S_3 está na caracterização das progênies S_4 de melhor qualidade. Caso sejam selecionadas 60 famílias S_4 com base em seleção direta para CE, 73% destas serão oriundas de plantas S_3 selecionadas com seleção entre e dentro. Resultados dessa natureza são comprobatórios da eficiência do processo seletivo em S_3 . Observou-se, contudo, que dentre as famílias S_4 de melhor qualidade, 14 são provenientes de plantas S_3 não selecionadas. Esse material teria sido perdido caso fossem avançadas somente famílias selecionadas. Embora a perda de material de qualidade durante o processo seletivo não seja desejável, é consenso entre os melhoristas que em qualquer programa de melhoramento existe sempre a possibilidade de que ocorram perdas de material promissor durante o processo seletivo.

4.7. Eficiência da seleção entre e dentro de famílias S₂

Com relação ao programa 1, avaliando a genealogia das plantas S₃ selecionadas, verificou-se que o processo seletivo entre progênies S₂ adotado por VILARINHO (2001), índice de Mulamba e Mock com pesos iguais para CE e produção, teve excelente eficiência. Sessenta e quatro por cento das famílias selecionadas originaram pelo menos uma planta S₃ superior em qualidade e produção.

A avaliação da genealogia das plantas S₃ selecionadas do programa 2 revelou que o processo de seleção entre e dentro adotado por SANTOS (2002), empregando índice de Mulamba e Mock com pesos 3 para CE e 1 para produção, foi até mais eficiente: 69% das plantas S₃ superiores são derivadas de plantas S₂ selecionadas.

Como verificado por SANTOS (2002), ao julgar a eficiência da seleção entre famílias S₁ da população Beija-Flor, 31 a 36% das famílias S₃ selecionadas são derivadas de famílias ou plantas S₂ não selecionadas.

5. RESUMO E CONCLUSÕES

O objetivo principal deste trabalho foi avaliar as importâncias relativas do desempenho *per se* e em cruzamento na seleção de famílias S₃ da população de milho-pipoca Beija-Flor, visando ao melhoramento populacional e à obtenção de linhagens-elite.

Para avaliação das famílias quanto ao mérito individual, foram instalados testes com repetição somente das testemunhas, no Campo Experimental do Setor de Genética da Universidade Federal de Viçosa, em Viçosa, MG. Na avaliação das famílias em cruzamento, foram utilizados dados provenientes de seis ensaios de 'topcross', conduzidos em látices simples, um em Maringá, PR, um em Campos dos Goytacazes, RJ, dois em Capinópolis, MG, e dois em Coimbra, MG. Os dados dos testes foram empregados na estimação de parâmetros genéticos e predição de ganhos com várias estratégias de seleção. Empregaram-se, ainda, seleção combinada e índices que ponderaram os "ranks" dos desempenhos *per se* e em cruzamento, quanto aos caracteres CE e produção de grãos, na identificação de progênies superiores quanto aos desempenhos individual e em cruzamento.

Nos dois programas avaliados, observou-se variabilidade genotípica para vários caracteres, dentre os quais CE e produção, os quais apresentaram evidência de correlação genotípica positiva. Em razão dessa variabilidade, a seleção de famílias com base em CE e produção é justificável.

A melhor estratégia de seleção, visando ao melhoramento populacional e à obtenção de progênes S_4 superiores, foi o índice de Mulamba e Mock com pesos 3 e 1 para CE e produção de grãos, respectivamente. No primeiro caso, o índice proporcionou estimativas de ganhos em CE de 2,04 e 2,01 mL/g e em produção de 56 e 58 kg/ha, nos programas 1 e 2, respectivamente. No segundo caso, foram preditos ganhos totais em CE de 8,72 e 5,56 mL/g e em produção, de 390 e 176 kg/ha, nos programas 1 e 2, respectivamente.

Com relação às famílias de 'topcross', estas foram, em média, inferiores em qualidade e equivalente em produção, comparativamente às testemunhas comerciais. Entretanto, em todos os ambientes foram observadas famílias com CE equivalente ou superior à das testemunhas, evidenciando-se o potencial do cruzamento entre as populações Beija-Flor e Viçosa na obtenção de híbridos de boa qualidade

Na maioria dos caracteres, à exceção de CE, não houve interação das famílias de 'topcross' com os ambientes. Das famílias de 'topcross' de maior CE, com efeitos de capacidade geral de combinação positivos, predominaram as provenientes de progênes selecionadas em razão de seu desempenho *per se*. A seleção de famílias com base nos desempenhos individual e em cruzamento proporcionou estimativas de ganhos equivalentes em qualidade e superiores em produção para dois dos quatro índices empregados, comparativamente aos critérios que consideraram somente desempenho individual.

Os ganhos realizados em CE (0,57 mL/g) e produção (-45 kg/ha) não corresponderam aos estimados. Entretanto, pelo menos em relação à CE, acredita-se que o valor de ganho tenha sido subestimado, uma vez que na instalação do teste de S_4 foi considerado somente o plantio das famílias derivadas das plantas S_3 de maior CE, o que comprometeu a representatividade, no teste, da média de CE das famílias S_4 derivadas das plantas não selecionadas.

A eficiência do processo seletivo em S_3 , em relação à CE, foi comprovada pela predominância de progênes S_4 (73%) provenientes de plantas S_3 selecionadas por seleção entre e dentro.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ABEL, B. C.; POLLAK, L. M. Rank comparisons of unadapted maize populations by testers and per se evaluation. **Crop Science**, Madison, v.31, p.650-656, 1991.

AGUILAR MORAN, J. F. **Comparação de testadores para avaliação da capacidade de combinação de linhagens de milho (*Zea mays* L.)**. Piracicaba, SP: ESALQ, 1990. 166f. Tese (Doutorado em Agronomia) – Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Universidade de São Paulo, Piracicaba.

ALLISON, J. C. S.; CURNOW, R. W. On the choice of tester parent for the breeding of synthetic varieties of maize (*Zea mays* L.). **Crop Science**, Madison, v.6, p.541-544, 1966.

ARAÚJO, P. M. **Dialelo parcial circulante interpopulacional e cruzamento “top-cross” na avaliação de linhagens parcialmente endogâmicas de milho (*Zea mays* L.)**. Piracicaba, SP: ESALQ, 2000. 170f. Tese (Doutorado em Agronomia) – Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Universidade de São Paulo, Piracicaba.

BAKTASH, F.Y.; YOUNIS, M. A.; AL-YOUNIS, A. H. Correlation coefficients between topcrosses and diallel crosses in corn (*Zea mays* L.). **Mesopotamia Journal of Agriculture**, Mosul, v.15, p.51-58, 1981.

BAUMAN, L. F. Review of methods used by breeders to develop superior inbreeds. P.199-208. In: ANNU. CORN SORGHUM IND. RES. CONF., 36, 1981, Chicago. **Proceedings...** Washington, DC.: IL. 9-11 Dec. Am. Seed Trade Assoc., 1981. p.199-208.

BERNARDO, R. Correlation between testcross performance of lines at early and late selfing generations. **Theor. Appl. Genet.**, Berlin, v.82, n.1, p.17-21, 1991.

BERNARDO, R. Retention of genetically superior lines during early-generation testcrossing of maize. **Crop Science**, Madison, v.32, p.933-937, 1992.

BRUNSON, A. M. Pop corn selecting for added popping expansion would pay large growers. **Yearbook of Agriculture**, Washington, DC., p.441-443, 1931.

COMSTOCK, R. E.; ROBINSON, H. F.; HARVEY, P. H. A breeding procedure designed to make maximum use of both general and specific combining ability. **Agronomy Journal**, Geneva, v.41, p.360-367, 1949.

CRUZ, C. D. **Programa genes**: aplicativo computacional em genética e estatística. Viçosa, MG: UFV, 1997. 442 p.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 2.ed. Viçosa, MG: UFV, 1997. 390 p.

DALBELLO, O.; PREVIERO, C. A.; ALVES, D. G. et al. Capacidade de expansão do milho pipoca (*Zea mays* L.) em função de parâmetros de secagem, umidade e armazenamento do produto. In: CONGRESSO BRASILEIRO DE ENGENHARIA AGRÍCOLA, 24, 1995, Viçosa, MG. **Anais...** Viçosa, MG: UFV, Imp. Univ., 1995.

DAVIS, R. L. Report of the plant breeder. **Ann. Repts. Agr. Exp. Sta.**, Puerto Rico, p.14-15, 1927.

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

ELIAS, H. T.; CARVALHO, S. P.; ANDRÉ, C. G. M. Comparação de testadores na avaliação de famílias S₂ de milho. **Pesq. Agrop. Bras.**, Brasília, v.35, n.6, p.1135-1142, 2000.

FEDERER, W. T.; SPRAGUE, G. F. A comparison of variance components in corn yield trials. I. Error, tester x line. and line components in topcross experiments. **Journal of the American Society of Agronomy**, Madison, v.39, p.453-463, 1947.

GARDNER, O. C. Simplified methods for estimating constants and computing sums of equares for diallel cross analysis. **Fitotecnia Latinoamericana**, Caracas, v.4, p.1-12, 1967.

GORGULHO, E. P. **Avaliação de variedades de milho (*Zea mays* L.) sob dois esquemas de cruzamento**: dialélico parcial e top-cross intergrupos. Piracicaba, SP: ESALQ, 1997. 117f. Tese (Doutorado em Agronomia) – Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Univ. de São Paulo, Piracicaba.

- GREEN, J. M. The inheritance of combining ability in maize hybrids. **Journal of the American Society of Agronomy**, Madison, v.40, p.58-63, 1948.
- HALLAUER, A. R. Relation of gene action and type of testers in maize breeding procedures. In: CORN AND SORGHUM RESEARCH CONFERENCE, 30, 1975, Chicago. **Proceedings...** Washington, DC.: ASTA, 1975. p.150-165.
- HALLAUER, A. R.; LOPEZ-PEREZ, E. Comparisons among testers for evaluating lines of corn. In: ANNUAL HYBRID CORN INDUSTRY RESEARCH CONFERENCE, 34, 1979, Washington, DC. **Proceedings...** Washington, DC.: [s.n.], 1979. p.57-75.
- HALLAUER, A. R.; MIRANDA FILHO, J. B. **Quantitative genetics in maize breeding**. Ames: Iowa State University, 1981. 468 p.
- HAUGH, C. G.; LIEN, R. M.; HANES, R. E.; ASHMAN, R. B. Physical properties of popcorn. **Transactions of the ASAE** (American Society of Agricultural Engineering), v.19, n.1, p.168-171; 176, 1976.
- HOLLAND, J. B.; GOODMAN, M. M. Combining ability of tropical maize accessions with U. S. germplasm. **Crop Science**, Madison, v.35, p.767-773, 1995.
- HORNER, E. S.; LUNDY, H. W.; LUTRICK, M. C.; WALLACE, R. W. Relative effectiveness of recurrent selection for specific and for general combining ability in corn. **Crop Science**, Madison, v.3, p.63-66, 1963.
- HORNER, E. S.; LUTRICK, M. C.; CHAPMAN, W. H.; MARTIN, F. G. Effect of selection for combining ability with a single-cross tester in maize. **Crop Science**, Madison, v.16, p.5-8, 1976.
- HORNER, E.S.; MAGLOIRE, E.; MORERA, J.A. Comparison of selection for S₂ vs. "testcross" performance for population improvement in maize. **Crop Science**, Madison, v.29, p.868-874, 1989.
- HOSENEY, R. C.; ZELEZNAK, K.; ABDELRAHMAN, A. Mechanism of popcorn popping. **Cereal Chem.**, Minnesota, v.1, p.43-52, 1983.
- HULL, F. H. Recurrent selection for specific combining ability in corn. **Journal of the American Society of Agronomy**, Madison, v.37, p.134-145, 1945.
- ILCHOVSKA, M.; KHRISTOVA, P.; KHRISTOV, K. Evaluation of the combining ability of maize lines obtained by genetic transformation. **Rasteniev"dni-Nauki**, Knezha, n.32, p.9-10, 53-55, 1995.
- JENKINS, M. T. The effect of inbreeding and of selection within inbreed lines of maize upon the hybrids made after successive generations of selfing. **Iowa State Col. Journ. Sci.**, v.6, p.429-450, 1935.

JENKINS, M. T. The segregation of genes affecting yield of grain in maize. **Journal of the American Society of Agronomy**, Madison, v.32, p.55-63, 1940.

JENKINS, M. T.; BRUNSON, A. M. Methods of testing inbred lines of maize in crossbred combination. **Journal of the American Society of Agronomy**, Madison, v.24, p.523-530, 1932.

JOHNSON, I. J.; HAYES, H. K. The combining ability of inbred lines of Golden Bantam sweet corn. **Journal of American Society of Agronomy**, Madison, v.26, p.246-252, 1936.

KELLER, K. R. A comparison involving the number of, and relationship between, testers in evaluating inbred lines of maize. **Agronomy Journal**, Madison, v.41, p.323-331, 1949.

KEMPTHORNE, O. **An introduction to genetic statistic**. New York: John Wiley, 1966. 545 p.

KHRISTOVA P.; KHRISTOV, K. Possibilities of using an incomplete topcross for evaluating the combining ability of maize lines. **Rasteniiev"dni-Nauki**, Knezha, v.32, p.9-10; 33-36, 1995.

LEE, M.; DAVID, F. A.; SENIOR, M. L. Identification of QTL with hybrid progeny of F_{2:3} and F_{6:8} generation inbred lines of maize. In: INTERNATIONAL PLANT e ANIMAL GENOME CONFERENCE, 5, 1997, San Diego. **Proceedings...** San Diego: [s.n.], 1997.

LILE, S. M.; HALLAUER, A. R. Relation between S₂ and later generation testcrosses of two corn populations. **Journal of the Iowa Academy of Science**, Ames, v.101, n.1, p.19-23, 1994.

LIMA, M.; ZINSLY, J. R.; MÔRO, J. R. Seleção massal estratificada no milho pipoca (*Zea mays* L.) visando o aumento da produtividade, caracteres agrônômicos e capacidade de expansão. **Relatório Científico da ESAL**, Piracicaba, v.7, p.83-88, 1973.

LONNQUIST, J. H. The development and performance of synthetic varieties of corn. **Agronomy Journal**, Madison, v.41, p.153-156, 1949.

MAGALHÃES, P. C.; GAMA, E. E. G.; MAGNAVACA, R. Eficiência de diferentes tipos de despendoamento no comportamento e produção de alguns genótipos de milho. **Pesquisa em andamento**, EMBRAPA, n.12, p.4, junho, 1993.

MATTA, F. P. **Seleção entre e dentro de famílias de meios-irmãos**. Viçosa, MG: UFV, DGU, 2000. 83f. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento) – Universidade Federal de Viçosa, Viçosa.

MATZINGER, D. F. Comparison of three types of testers for the evaluation of inbred lines of corn. **Agronomy Journal**, Madison, v.45, p.493-495, 1953.

METZGER, D. D.; HSU, K. H.; ZIEGLER, K. E.; BERN, C. J. Effect of moisture content on popcorn popping volume for oil and hot-air popping. **Cereal Chemistry**, Minnesota, v.66, n.3, p.247-248, 1989.

MIRANDA FILHO, J. B.; VIEGAS, G. P. Milho híbrido. In: PATERNIANI, E.; VIEGAS, G. P. (Eds.). **Melhoramento e produção de milho**. 2. ed. Campinas: Fundação Cargill, 1987. v.1, cap.5, p.277-340.

MULAMBA, N. N.; MOCK, J. J. Improvement of yield potential of the Eto Blanco maize (*Zea mays* L.) population by breeding for plant traits. **Egypt J. Gen. Cytol.**, Alexandria, v.7, p.40-51, 1978.

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

PACHECO, C. A. P.; CASTOLDI, F. L.; ALVARENGA, E. M. Efeito do dano mecânico na qualidade fisiológica e na capacidade de expansão de sementes de milho pipoca. **Revista Brasileira de Sementes**, Brasília, v.18, n.2, p.267-270, 1996.

PAJIC, Z.; BABIC, M. Popcorn hybrids - development and utilization. **Selekcija-i-Semenarstvo**, Belgrade, v.1, n.1, p.21-24, 1994.

PAJIC, Z.; BABIC, M.; PESEK, J.; HERMAN, M.; HARTMANN, J. Interrelation of popping volume and some agronomic characteristics in popcorn hybrids. In: BIOMETRICS IN PLANT BREEDING: MEETING OF THE EUCARPIA SECTION BIOMETRICS ON PLANT BREEDING, 80, 1991, Brno. **Proceedings...** Brno [s.n.], 1991. p. 387-394.

PORDESIMO, L. O.; ANANTHESWARAN, R. C.; MATTERN, P. J. Quantification of horny and floury endosperm in popcorn and their effects on popping performance in a microwave oven. **Journal of Cereal Science**, v.14, n.2, p.189-198, 1991.

RAWLINGS, J. O.; THOMPSON, D. L. Performance level as criterion for the choice of maize testers. **Crop Science**, Madison, v.2, p.217-220, 1962.

REHDER, M. Indústria de base tem faturamento recorde. **O Estado de São Paulo**, São Paulo, 28 de janeiro de 2002. (O Estado Economia, caderno 1).

RUSSELL, W. A. **Produção e estabilidade de comportamento de híbridos não prolíficos e prolíficos**. Campinas: Fundação Cargill, 1975.

SANTOS, J. F. **Eficiências de estratégias de seleção de progênies S₂ de milho pipoca (*Zea mays* L.)**. Viçosa, MG: UFV, DGU, 2002. 86f. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento) – Univ. Federal de Viçosa, Viçosa.

- SAWAZAKI, E. **Parâmetros genéticos em milho pipoca (*Zea mays* L.)**. Piracicaba, SP: ESALQ, 1996. 157f. Tese (Doutorado em Agronomia) – Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Universidade de São Paulo, Piracicaba.
- SMITH, O. S. Covariance between line per se and testcross performance. **Crop Science**, Madison, v.26, p.540-543, 1986.
- SONG, A.; ECKHOFF, S. R. Optimum popping moisture content for popcorn kernels of different sizes. **Cereal Chemistry**, Minnesota, v.71, n.5, p.458-460, 1994.
- SPRAGUE, G. F. Early testing of inbred lines of corn. **Journal of the American Society of Agronomy**, Madison, v.38, p.108-117, 1946.
- SPRAGUE, G. F.; TATUM, L. A. General vs. specific combining ability in single crosses of corn. **Journal of the American Society of Agronomy**, Madison, v.34, p.923-932, 1942.
- UHT, D. V.; GOODMAN, M. M. Temperate maize inbreds derived from tropical germplasm: I. Testcross yield trials. **Crop Science**, Madison, v.35, n.3, p.779-784, 1995.
- VASAL, S. K.; DHILLON, B. S.; SRINIVASAN, G.; McLEAN, S. D.; CROSSA, J.; ZHANG, S. H. Effect of S₃ recurrent selection in four tropical maize populations on their selfed and randomly mated generations. **Crop Science**, Madison, v.35, p.697-702, 1995.
- VASAL, S. K.; DHILLON, B. S.; SRINIVASAN, G.; ZHANG, S. H.; McLEAN, S. D. Recurrent selection for inbreeding-stress tolerance in four intermediate-maturity maize populations. **Maydica**, Bergamo, v.40, p.159-164, 1995.
- VASAL, S. K.; SRINIVASAN, G.; HAN, G. C.; GONZALEZ, C. F. Heterotic patterns of eighty-eight white subtropical CIMMYT maize lines. **Maydica**, Bergamo, v.37, n.4, p.319-327, 1992.
- VENCOVSKY, R.; CRUZ, C. D. Comparação de métodos de correção do rendimento de parcelas com estandes variados. I. Dados simulados. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.26, p.647-657, 1991.
- VILARINHO, A. A. **Seleção de progênies Endogâmicas S₁ e S₂ em programas de melhoramento intrapopulacional e de produção de híbridos de milho pipoca (*Zea mays* L.)**. Viçosa, MG: UFV, DGU, 2001. 79f. Dissertação (Mestrado em genética e Melhoramento) – Universidade Federal de Viçosa, Viçosa.
- WANG, Y. L.; QIAO, C. G.; WANG, Q. Y.; ZHAO, R.G. Relation between genetic divergence and heterosis in popcorn. **Acta-Agronomica-Sinica**, v.20, n.2, p.223-228, 1994.

WHITE, G. M.; ROSS, I. J.; PONELEIT, C. G. Influence of drying parameters on the expansion volume of popcorn. **TRANSACTIONS of the ASAE**, v.23, n.5, p.1272-1276, 1980.

WILLIER, G. J.; BRUNSON, A. M. Factors affecting the popping quality of popcorn. **Journal of Agricultural Research**, v.35, n.7, p.615-625, 1927.

ZANETTE, V. A. Análise da variabilidade genética em populações de milho pipoca (*Zea mays* L.). I. Heterose da capacidade de expansão do grão **Agronomia-Sulriograndense**, Porto Alegre, v.25, n.2, p.173-181, 1989.

ZIEGLER, K. E.; ASHMAN, B. Popcorn. In: HALLAUER, A. R. (Ed.). **Specialty Corns**, Iowa, CRC Press, 1994. cap.7, p.189-223.

ZINSLY, J. R.; MACHADO, J. A. Milho pipoca. In: PATERNIANI, E.; VIEGAS, G. P. (Eds.). **Melhoramento e produção de milho**. Campinas: Fundação Cargill, 1987. v.2, p.413-422.