PARÂMETROS GENÉTICOS EM MILHO PIPOCA (*Zea mays* L.)

EDUARDO SAWAZAKI

Engenheiro Agrônomo

Orientador : Prof. Dr. José Branco de Miranda Filho

Tese apresentada à Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", da Universidade de São Paulo, para obtenção do título de Doutor em Agronomia. Área de Concentração: Genética Melhoramento de Plantas.

PIRACICABA

Estado de São Paulo - Brasil
Abril - 1996

Dados Internacionais de Catalogação na Publicação (CIP)
DIVISÃO DE BIBLIOTECA E DOCUMENTAÇÃO - Campus "Luiz de Queiroz"/USP

Sawazaki, Eduardo

Parâmetros genéticos em milho pipoca (*Zea mays* L.) / Eduardo
Sawazaki. - - Piracicaba, 1996.
157p.

Tese (doutorado) - - Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz,
1996.

Bibliografia.

1. Milho pipoca - Característica agronômica 2. Milho pipoca - Variação
genética I. Título

CDD 633.18

PARÂMETROS GENÉTICOS EM MILHO PIPOCA (*Zea mays* L.)

EDUARDO SAWAZAKI

Aprovada em : 29-05-96

Comissão julgadora:

Prof. Dr. José Branco de Miranda Filho	ESALQ/USP
Prof. Dr. Ernesto Paterniani	ESALQ/USP
Prof. Dr. João Antonio da Costa Andrade	FEIS/UNESP
Dr. Luciano Lourenço Nass	EMBRAPA/CENARGEN
Dr. Paulo de Souza Gonçalves	EMBRAPA/IAC

Prof. Dr. José Branco de Miranda Filho
Orientador

Aos meus pais Sawajiro Sawazaki e Emiko,

Ao meu sogro Shigueru e minha sogra Mitico,

O F E R E Ç O

À minha esposa Haiko,

Aos meus filhos André e Paulo,

D E D I C O

AGRADECIMENTOS

O autor expressa seus agradecimentos a todos que direta ou indiretamente participaram deste trabalho, em especial :

- Ao prof. Dr. José Branco de Miranda Filho pela orientação e sugestões dada ao trabalho.

- Aos pesquisadores científicos Paulo Boller Gallo, Guido D'Sordi, Luiz Alberto Saes, respectivamente das Estações Experimentais do IAC de Mococa, Ribeirão Preto e Pariquera-Açu; e ao eng^o agr^o Silmar Denucci, da Fazenda de Milho Híbrido de Ataliba Leonel; pela colaboração na execução dos ensaios de campo.

- À pesquisadora científica Maria Eliza A.G. Zagatto Paterniani, da Seção de Arroz e Cereais de Inverno do IAC, pelo auxílio na revisão do texto.

- Aos funcionários da Seção de Milho e Cereais Diversos do IAC, Joel Marcos Assis e Dorival Fávaro, pelo auxílio nos trabalhos de laboratório e campo.

SUMÁRIO

	Página
RESUMO	viii
SUMMARY	x
1 INTRODUÇÃO	01
2 REVISÃO DE LITERATURA	04
2.1 Milho pipoca	04
2.1.1 Aspectos gerais	04
2.1.1 Importância econômica	05
2.1.2 Transformação em pipoca	05
2.1.3 Capacidade de expansão	07
2.1.4 Caracteres associados à qualidade da pi- poca	09
2.2 Estimativas de parâmetros genéticos	10
2.2.1 Considerações gerais	10
2.2.1 Cruzamentos dialélicos	10
2.2.1.1 Aspectos Gerais	10
2.2.1.2 Método de Gardner e Eberhart	13
2.2.2 Progênies interpopulacionais de milho	15
2.3 Correlação entre caracteres	22
3 MATERIAL E MÉTODOS	26
3.1 Material	26
3.1.1 Identificação das variedades	26
3.1.2 Progênies interpopulacionais de irmãos ger- manos	27
3.2 Métodos	28
3.2.1 Execução Experimental	28
3.2.1.1 Cruzamento dialélico	28
3.2.1.2 Progênies interpopulacionais de irmãos germanos.....	29
3.2.2 Caracteres avaliados	31
3.2.2.1 Cruzamento dialélico	31

3.2.2.2	Progênes interpopulacionais de irmãos germanos	32
3.2.3	Análise da variância	33
3.2.3.1	Ensaio dos cruzamentos dialéli- cos	33
3.2.3.2	Ensaio de irmãos germanos	35
3.2.3.3	Ensaio de irmãos germanos obti- dos por cruzamentos em cadeia	39
3.2.4	Análise da tabela dialélica e estimação de parâmetros	39
3.2.5	Predição de médias de compostos	46
3.2.6	Componentes da variância interpopulacional e estimativas de parâmetros	47
3.2.6.1	Irmãos germanos	47
3.2.6.2	Irmãos germanos obtidos por cruza- mentos em cadeia	49
3.2.7	Análise da covariância e estimativas de parâmetros de covariâncias	50
3.2.8	Estimativas de correlações genéticas e am- bientais	51
3.2.9	Erros de estimativas de parâmetros genéticos	52
3.2.9.1	Cruzamento dialélico	52
3.2.9.2	Progênes de irmãos germanos	53
3.2.9.3	Progênes de irmãos germanos obtidos por cruzamentos em cadeia	55
4	RESULTADOS E DISCUSSÃO	57
4.1	Análise geral dos ensaios	57
4.1.1	Cruzamentos dialélicos	57
4.1.2	Progênes de irmãos germanos	58
4.1.3	Progênes de irmãos germanos em cadeia	59
4.2	Médias das populações e dos cruzamentos intervarie- tais	60
4.3	Médias da população de irmãos germanos	61

4.4 Análises da variância das tabelas dialélicas	64
4.5 Estimativas dos parâmetros do modelo de Gardner e Eberhart	67
4.6 Correlação entre médias dos híbridos e das respecti- vas variedades	74
4.7 Predição de médias de compostos	76
4.8 Estimativas de parâmetros genéticos interpopulacio- nais	79
4.8.1 Coeficiente de variação genética	79
4.8.2 Heterose	80
4.8.3 Herdabilidade	80
4.8.4 Variâncias genéticas para peso de grãos	81
4.8.5 Variâncias genéticas para capacidade de ex- pansão	84
4.8.6 Variâncias genéticas para caracteres da planta	85
4.8.7 Variâncias genéticas para caracteres da espiga e do grão	86
4.8.8 Relação entre variâncias ambientais ao nível de planta e parcela	87
4.8.9 Correlações entre caracteres	87
4.8.9.1 Correlação genética	88
4.8.9.2 Correlações fenotípicas e ambientais	90
5. CONCLUSÕES	93
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	95
TABELAS	106
FIGURAS	148
APÊNDICES	151

PARÂMETROS GENÉTICOS EM MILHO PIPOCA (*Zea mays* L.)

Autor : **EDUARDO SAWAZAKI**

Orientador : Prof. Dr. **JOSÉ BRANCO DE MIRANDA FILHO**

RESUMO

Para o estudo de parâmetros genéticos, utilizou-se de dados obtidos no programa de melhoramento de milho pipoca do Instituto Agronômico de Campinas, sobre cruzamentos dialélicos de variedades e de ensaios com dois tipos de progênies interpopulacionais de irmãos germanos. Estes trabalhos foram realizados com os seguintes objetivos: avaliar o potencial genético de seis variedades de milho pipoca e estimar a variabilidade genética da interpopulação SAM x IAC 64, com relação aos caracteres agronômicos e de qualidade da pipoca.

Os ensaios do dialélico foram desenvolvidos em cinco locais do Estado de São Paulo em 1983/84. Os ensaios de progênies de irmãos germanos, obtidos por cruzamentos em cadeia e normal, foram desenvolvidos respectivamente em Mococa e Campinas, em 1993/94.

Para as análises estatística e genética das tabelas dialélicas, adotou-se o modelo completo sugerido por GARDNER & EBERHART (1966). A capacidade geral de combinação foi estimada segundo o método de GRIFFING (1956 b).

Os parâmetros genéticos em progênies de irmãos germanos foram estimados com base nos componentes de variâncias dos quadrados médios das análises conjunta dos ensaios. As estimativas das correlações genética, fenotípica e ambiental, foram obtidas com base nos parâmetros de covariância.

As variedades diferiram quanto ao seu potencial genético, apresentando maior capacidade geral de combinação, as seguintes variedades: Guarani: para produtividade, prolificidade, resistência a doenças (*Exserohilum turcicum*, (Pass.) Leonard & Suggs e a podridão da espiga) e para pericarpo fino; UFV Amarelo para capacidade de expansão da pipoca; e Americano para redução de porte da planta e pericarpo grosso.

Os compostos que incluem a variedade Guarani são os mais promissores quanto a produção, prolificidade e resistência às doenças, enquanto que os formados com a variedade Pirapoca Amarela e Americano, poderão ter melhor qualidade da pipoca. Para fins de melhoramento genético, o composto amplo é o material mais promissor, apresentando a maior variabilidade, associada com alta produtividade e qualidade da pipoca.

A interpopulação SAM x IAC 64 apresentou alta variabilidade genética para produção (PG) e capacidade de expansão da pipoca (CE). A relação σ_D^2/σ_A^2 foi de 2,01 para PG e 1,01 para CE, indicando que a variância genética dominante é o componente mais importante da variação genética para PG. Esta variabilidade não é aproveitada pela seleção recorrente, mas pode ser explorada nos híbridos intervarietais e de linhagens. Para caracteres da planta e da espiga, a variabilidade genética da interpopulação foi baixa.

Não houve correlação genética entre produção e capacidade de expansão da pipoca, indicando a possibilidade de obtenção de híbridos entre SAM e IAC 64, com alta produtividade e qualidade da pipoca. A produção correlacionou-se positivamente com a prolificidade, altura da espiga, diâmetro e comprimento da espiga; e negativamente com o número de ramificações do pendão. A capacidade de expansão correlacionou-se positivamente com número de fileiras e comprimento da espiga, prolificidade e altura da planta.

GENETIC PARAMETERS IN POPCORN

(*Zea mays* L.)

Author: **EDUARDO SAWAZAKI**

Adviser: **Prof. Dr. JOSÉ BRANCO DE MIRANDA FILHO**

SUMMARY

Data on diallel crosses among varieties and two kinds of interpopulation full-sib progenies of popcorn from Instituto Agronômico of Campinas, were used to estimate genetic parameters for genetic improvement in Central Brazil. The study was carried out with the following purposes: to evaluate the genetic potential of six popcorn varieties and to estimate the genetic variability for agronomic characters and popcorn quality of the interpopulation SAM x IAC 64.

Diallel trials were carried out in five localities of São Paulo State, Brazil, during the years 1983/84. Full-sib progenies obtained from chain crosses and ordinary crosses were carried out in the years 1992/93, at Mococa and Campinas, respectively.

Genetic and statistic analyses were based on the diallel table, using the method suggested by Gardner and Eberhart. General combining ability was obtained according Griffing method.

Genetic parameters from full-sib progenies were estimated based on means squares components of combined statistic analysis. Genetic, phenotypic and environmental correlations, were estimated based on parameters of

covariance.

The varieties showed differences for breeding potential. The following varieties had higher general combining ability: Guarani for grain yield, prolificacy, resistance to disease (*Exserohilum turcicum* (Pass.) Leonard & Suggs and ear rot), and for thinner pericarp; UFV Amarelo for popping expansion; and Americano for lower plant and ear height, and the thicker pericarp.

Composites that include Guarani variety are the most promising concerning yield, prolificacy, resistance to *E. turcicum* and diseases of ears. While those obtained from Pirapoca Amarela and Americano, should display better popcorn quality. For genetic breeding program the best material is the broad composite, which presented higher variability associated with high productivity and quality of popcorn.

Interpopulation SAM x IAC 64 showed a high genetic variability for yield (PG) and popping expansion (CE). The σ_D^2/σ_A^2 rate was 2,01 for PG and 1,01 for CE, showing that dominant genetic variance represents the main component of genetic variability of PG. This variance is not used substantially in recurrent selection. However it can be used on intervarietal crosses and hybrids among inbred lines. The results showed that the genetic variability for plant and ear characters was somewhat low.

No genetic correlation was found between yield and popping expansion, showing the possibility of having hybrids between SAM and IAC 64 with high productivity and popping expansion. The grain yield was positively correlated to prolificacy, ear height, diameter and length of the ear, and negative correlated to tassel-branch-number. Popping expansion was correlated to kernel-row-number and length of the ear, prolificacy and plant height.

1. INTRODUÇÃO

No melhoramento do milho pipoca foram obtidos progressos consideráveis nos Estados Unidos da América, principalmente com relação a melhoria da qualidade da pipoca, cujo principal caráter é a capacidade de expansão (CE). A evolução da CE nos híbridos americanos, segundo ALEXANDER (1988) , atingiu valores de 30 em 1947, 42,7 em 1964 e de 44 em 1982.

No Brasil, o milho pipoca não recebeu a mesma atenção dada ao milho comum, sendo que pouco progresso foi obtido no seu melhoramento, devido o número limitado de Instituições e melhoristas envolvidos com esta cultura. Os cultivares recomendados para plantio no Estado de São Paulo, atualmente se limitam a uma variedade, um híbrido intervarietal e um híbrido triplo, sendo que todos apresentam problemas de suscetibilidade à doenças e qualidade da pipoca inferior aos híbridos americanos.

O programa de melhoramento de milho pipoca no IAC iniciou-se na década de oitenta, com avaliação preliminar de duas variedades do IAC e de materiais introduzidos do banco de germoplasma do Centro Nacional de Pesquisa de Milho e Sorgo (CNPMS) da Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária (EMBRAPA) e do Departamento de Genética da ESALQ/USP. Inicialmente, o programa teve como objetivo, o melhoramento intrapopulacional de duas variedades geneticamente divergentes, visando a exploração da heterose no híbrido intervarietal, seguindo a mesma

linha de trabalho que estava sendo conduzida nas populações de milho IAC Maya e IAC 1 (MIRANDA *et al.*, 1984).

Com a necessidade de obtenção de materiais competitivos aos híbridos americanos, o programa passou a ter como objetivo a obtenção de híbridos de linhagens. A seleção recorrente recíproca passou a ser utilizada visando atender este objetivo e também ao melhoramento interpopulacional das variedades SAM, Guarani e IAC 64.

O estudo do potencial genético de variedades através de cruzamentos dialélicos tem sido amplamente utilizado no estudo de populações brasileiras de milho (MIRANDA FILHO, 1974; LIMA, 1982; NASPOLINI FILHO *et al.*, 1981; MÔRO, 1987). Entretanto, não se encontrou nenhuma literatura sobre cruzamento dialélico em milho pipoca.

Estimativas de parâmetros obtidas ao nível intra e interpopulacional, têm sido muito utilizadas no estudo da variabilidade genética e para estimação de progressos genético em populações de milho. Em populações brasileiras de milho pipoca, encontrou-se apenas três trabalhos, sendo dois ao nível intrapopulacional (LIRA, 1983; REGITANO NETO, 1993) e um ao nível interpopulacional (LINARES, 1987), com "test-crosses" de meios irmãos.

O uso de progênies de irmãos germanos obtidos por cruzamentos em cadeia para estimação de parâmetros, proposto por MIRANDA FILHO (1982), tem sido usado em populações de milho (BENITEZ TORRES, 1986), tendo a vantagem de se estimar a variância dominante.

O estudo proposto com as estimativas de parâmetros genéticos em cruzamentos dialélicos e nas interpopulações de irmãos germanos obtidas por cruzamentos em cadeia e no esquema normal, para vários caracteres de interesse para o melhoramento do milho pipoca, foi abrangente e extenso, visando suprir a falta de informações sobre parâmetros genéticos em

milho pipoca, tendo os seguintes objetivos:

1. Avaliar o potencial de seis variedades de milho pipoca quanto a caracteres agronômicos e de qualidade da pipoca;

2. Prever médias de compostos e identificar os mais promissores com relação aos caracteres agronômicos e de qualidade da pipoca;

3. Estimar a variabilidade genética da interpopulação SAM x IAC 64 para caracteres agronômicos e de qualidade da pipoca.

2. REVISÃO DE LITERATURA

2.1. Milho pipoca

2.1.1. Aspectos gerais

A principal característica que separa o milho pipoca dos outros milhos é o tipo de grão duro e pequeno que, quando aquecido a cerca de 180°C, tem a propriedade de estourar, transformando-se em pipoca (ZINSKY & MACHADO, 1987). Essa característica foi encontrada nos milhos primitivos (MANGELSDORF & REEVES, 1939) e no teosinte (*Zea mexicana*), um dos prováveis ancestrais do milho (BEADLE, 1972).

Nos Estados Unidos, as plantas dos híbridos de milho pipoca em comparação às dos híbridos de milho, segundo revisão feita por ZIEGLER & ASHMAN (1994), apresentam de modo geral: maior tamanho de pendão e prolificidade, espigas menores, situadas numa posição mais alta; colmos mais finos e fracos, mais suscetíveis ao acamamento e quebramento; maior suscetibilidade às doenças e menor produtividade. Isto se deve ao fato dos caracteres agrônômicos no milho pipoca serem menos importantes do que os caracteres de qualidade, sofrendo portanto, menor pressão de seleção.

Existe uma grande variabilidade no formato, tamanho e na cor dos grãos do milho pipoca, sendo os tipos de maior

aceitação comercial, os de grãos redondos, tipo pérola, de endosperma amarelo a laranja. Nos Estados Unidos, este tipo de pipoca representou cerca de 94,3% do total produzido em 1990 (ZIEGLER & ASHMAN, 1994).

2.1.2. Importância econômica

O maior produtor mundial de milho pipoca são os Estados Unidos. Neste país, segundo dados de ZIEGLER & ASHMAN (1994), foram colhidos em 1990, uma área de 101.538 mil hectares, com produtividade média de 3.700 kg/ha, obtendo uma produção de 380.127 toneladas de grãos e movimentado uma indústria que faturou cerca de 1,155 bilhão de dólares.

No Brasil, a cultura do milho pipoca não tem expressão econômica, carecendo de dados oficiais sobre área plantada, produtividade e quantidade importada. Com dados fornecidos pelas empresas que atuam no setor, estima-se em cerca de 30 mil toneladas/ano o consumo de pipoca no país, concentrado nos meses de maio a julho. A valorização do real em relação ao dólar, aproximou o preço do produto importado com o produto nacional, favorecendo deste modo, a importação de grãos de milho pipoca da Argentina e dos Estados Unidos. O fato do produto nacional apresentar qualidade muito inferior ao importado, está restringindo o seu mercado e desestimulando a sua cultura no Brasil. Esta situação poderá reverter-se, com um grande aumento de preço na pipoca importada, ou, se os cultivares nacionais forem melhorados para uma mesma qualidade dos híbridos americanos.

2.1.3. Transformação em pipoca

Várias teorias existem para explicar esta característica do milho pipoca. Segundo WILLIER & BRUNSON (1927)

e BRUNSON (1937), o estouro do milho pipoca é devido a uma relativa proporção de amido duro no endosperma, cujos grânulos de amido estão encrustados em uma matriz coloidal muito resistente e elástica, a qual retém e impede a liberação da pressão de vapor gerada dentro destes grânulos quando aquecidos, até que eles alcancem uma força explosiva.

O pericarpo também tem a função de reter a pressão gerada dentro do endosperma e quanto maior a sua resistência, maior a explosão e conseqüentemente maior a expansão do endosperma. Deste modo, a expansão é maior em grãos de pericarpo íntegro e mais grosso. Correlação positiva e significativa entre espessura do pericarpo com a capacidade de expansão (CE), entre variedades de milho pipoca, foi encontrada por FANTIN *et al.* (1991). Estudos de danos variando de cortes à remoção do pericarpo, realizados por HOSENEY *et al.* (1983), mostraram grande efeito desses tratamentos na CE, comprovando que a integridade do pericarpo é fator necessário para transformação do grão em pipoca.

ZINSLY & MACHADO (1987) relatam a importância do teor de óleo e umidade do endosperma, que quando aquecidos exercem forte pressão no pericarpo até que este alcance uma força explosiva, transformando-se em flor de pipoca. A importância do teor de umidade do grão na CE tem sido comprovada por vários autores (WILLIER & BRUNSON, 1927; ELDREDGE, 1949; HOSENEY *et al.*, 1983; SAWAZAKI *et al.*, 1986), que encontraram uma distribuição quase normal da CE em função da umidade. O teor de umidade do grão que proporciona máxima expansão da pipoca, encontrado por estes autores, tem variado de 10,5% a 14%, em função dos genótipos empregados e também dos equipamentos utilizados para determinação da umidade.

2.1.4. Capacidade de expansão

Vários métodos foram empregados para medir essa propriedade de estourar do grão de milho pipoca, sendo a capacidade de expansão (CE), o índice universalmente empregado, com algumas variações. Mas de modo geral, a CE é dada pela relação: $CE = \text{volume pipoca} / \text{volume ou peso de grãos}$. Todos os fatores que afetam a transformação do grão em pipoca, afetam diretamente a CE, havendo necessidade da sua uniformização ao ponto ideal, principalmente do teor de umidade.

Os grãos podem ser medidos em volume ou em peso, sendo que, a amostra em peso é mais precisa do que a de volume. O valor da CE em peso (cm^3/g) é ligeiramente superior ao obtido em volume.

Revisando trabalhos sobre herança da CE, ALEXANDER & CREECH (1977), encontraram muitas evidências que ela é de origem poligênica. Estudos de herança realizado por DOFING et al. (1991), utilizando gerações obtidas de linhagens de milho pipoca x milho, mostraram que o principal componente da variação genética da capacidade de expansão é dada pelos efeitos genéticos aditivos, sendo que, em um dos casos, também houve significância do efeito de dominância, enquanto que os efeitos epistáticos não foram significativos em nenhum dos cruzamentos estudados. Resultado semelhante já tinha sido relatado por LYERLY (1942), que observou em cruzamentos de linhagens de baixa com alta CE, a obtenção de híbridos com CE próxima da média, dando evidência de predominância de efeitos aditivos. Entretanto, em alguns cruzamentos ocorreu efeito de dominância e de sobredominância, mostrando a ação significativa do efeito de dominância.

Estimativas elevada da herdabilidade para CE

foram obtidas por Grisson¹, citado por CLARY (1954) e LIRA (1983). Resultado semelhante foi obtido por ROBBINS & ASHMAN (1984), avaliando gerações **F₂** e **F₃**, originadas de cruzamento de linhagens de milho pipoca com linhagens de milho dentado e milho duro, que observaram com relação a CE, correlação significativa entre plantas **F₂** e suas progênes **F₃**, o que indica alta herdabilidade do caráter, possibilitando a utilização da seleção massal.

Vários autores têm relatado a eficiência do método de seleção massal para aumento da CE (BRUNSON, 1937, ZINSLY & MACHADO, 1987), sendo mais significativo, o resultado reportado por WEAVER & THOMPSON (1957), de 15 gerações de seleção massal para melhoria da CE em uma variedade de base genética estreita, elevando a CE de 22,2 para 35,8.

DOFING et al. (1990) relatam que o melhoramento de milho pipoca nos Estados Unidos tem sido dirigido principalmente para o melhoramento da qualidade da pipoca. O aumento do uso de microondas para estourar pipoca tem levado ao desenvolvimento de cultivares para serem usados em microondas e pipocador convencional. Avaliando a CE de diversos híbridos em microondas e pipocador convencional, observaram que esta foi sempre maior no método convencional, entretanto houve efeito significativo da interação de método x híbrido para os caracteres da CE e porcentagem de piruás, indicando que o efeito do método (equipamento) não é constante nos genótipos de milho pipoca, tendo materiais que se comportam melhor no microondas.

Como consequência da correlação negativa da CE com a maioria dos caracteres agrônômicos, temos em geral que as plantas dos cultivares de milho pipoca são mais delicadas,

¹/GRISSON, D.B. Heritability and association of characters affecting popping volume in dentcorn-popcorn crossers. Ames, 1951. (MS - Iowa State College).

suscetíveis às doenças, ao acamamento e quebramento do colmo. Para melhoramento desses caracteres tem-se introduzido genes de linhagens elites de milho.

Estudando cruzamento de diversas linhagens de milho pipoca com linhagens elites de milho dentado, CRUMBAKER *et al.* (1949) e JOHNSON & ELDREDGE (1953), mostraram que a capacidade de expansão pode ser recuperada com dois retrocruzamentos seguidos de seleção para CE. ROBBINS & ASHMAN (1984) estudaram o cruzamento de linhagens de milho pipoca com linhagens de milho dentado e flint e observaram que a recuperação da CE foi ligeiramente maior nas progênies originadas do cruzamento com milho duro, indicando que nem todos os genes que contribuem para dureza do endosperma afetam a capacidade de expansão da pipoca e que o milho dentado também pode ser usado como fonte de genes para o melhoramento de milho pipoca.

2.1.5. Caracteres associados à qualidade da pipoca

O principal parâmetro que está associado à qualidade do milho pipoca é a capacidade de expansão, entretanto, existem outros fatores de menor importância, tais como: formato, maciez, sabor, aroma e coloração da flor de pipoca.

A capacidade de expansão tem relação direta com a maciez da pipoca. Como o grão de milho não é constituído só de endosperma, a qualidade da pipoca não pode ser medida somente pela CE. RICHARDSON (1960), considerando o efeito de outras partes do grão na qualidade da pipoca, relata que o germe contribui significativamente na textura da pipoca e com a sua retirada ela assume uma natureza esponjosa. A ponta do grão, que é o ponto de ligação ao sabugo, é dura e sua presença deprecia a qualidade da pipoca. O pericarpo recobre todo o grão e apesar de fino, é muito duro e resistente. Na explosão do grão, ele pode ser fragmentado em pedaços de tamanhos variáveis, que po-

dem ser liberados ou ficar retidos entre a flor da pipoca. Esses fragmentos podem ser extremamente duros ou quebradiços, sendo que no primeiro caso, a sua presença deprecia muito a qualidade da pipoca. Nos híbridos americanos de alta CE, segundo ALEXANDER (1988), já se introduziu a característica de pericarpo quebradiço, que fica crocante na pipoca, não afetando deste modo a sua qualidade.

2.2. Estimativas de parâmetros genéticos

2.2.1. Considerações gerais

Segundo VENCovsky (1970), estimativas de parâmetros genéticos podem ser obtidas a partir de médias e variâncias. O estudo das propriedades genéticas das populações a partir de médias, apresentam a vantagem de menor erro das estimativas e exige métodos mais simples de cruzamentos, mas tem como inconvenientes que as médias são funções lineares de efeitos genotípicos, podendo não haver efeito cumulativo sobre as médias quando estes forem positivos e negativos nos locos. Estimativas de parâmetros obtidas a partir de variâncias são em geral função linear de quadrados médios, apresentando erros inadmissíveis, havendo necessidade de experimentação precisa e em larga escala para contornar o problema.

2.2.2. Cruzamentos dialélicos

2.2.2.1. Aspectos gerais

Os cruzamentos dialélicos têm sido extensivamente utilizados no milho em materiais que variam de linhagens puras a populações de ampla base genética. Segundo HALLAUER & MIRANDA FILHO (1981), o número de plantas utilizadas

nos cruzamentos pode ser apenas o suficiente para obtenção das sementes necessárias no caso de linhagens, enquanto que, no caso de populações, há necessidade de se trabalhar com um número maior de plantas, de modo que represente a população. Neste caso recomenda-se cerca de 100 a 150 plantas por cruzamento.

A definição de cruzamento dialélico dada por diversos autores (MIRANDA FILHO, 1974, SOUZA JUNIOR, 1981) é como sendo todos os cruzamentos possíveis entre um grupo de n linhagens, variedades ou populações, onde a análise dos dados se baseia em tabelas dialélicas.

De modo geral são conhecidos três processos básicos de cruzamentos dialélicos, desenvolvidos por diferentes autores. Esses autores são HAYMAN (1954a e b), GRIFFING (1956a e b) e GARDNER & EBERHART (1966).

O método apresentado por HAYMAN (1954b) é possível apenas com linhagens homozigotas; o de GRIFFING (1956b) considera quatro tipos de tabelas dialélicas, uma completa incluindo os tipos parentais e todos os híbridos inclusive os recíprocos e, outras três incompletas em relação a primeira; e o de GARDNER & EBERHART (1966) foi desenvolvido para aplicação em variedades ou populações em equilíbrio de Hardy-Weinberg. Uma variação destes métodos foi apresentada por KEMPTHORNE & CURNOW (1961) visando estudo de um maior número de materiais, chamada de dialélico parcial e cuja análise dos dados é similar ao dialélico completo.

O método de Hayman segundo citação de VENCOVSKY (1970), possibilita obter as seguintes informações : estima o grau médio de dominância dos genes que controlam o caráter; classifica as linhagens empregadas segundo a quantidade de genes dominantes que cada uma possui; identifica a presença de interações gênicas epistáticas; estima o número mínimo de genes envolvidos no controle do caráter; avalia a maneira (simétrica

ou não) como os alelos com dominância estão distribuídos nas linhas puras; detecta a presença de dominância e verifica se ela é unidirecional ou não; estima os diversos componentes genéticos da variabilidade fenotípica e determina o limite de seleção que pode ser atingido se esta for aplicada em gerações segregantes obtidas a partir das linhagens estudadas. Apesar do grande número de informações que este método permite obter, ele é muito rigoroso, exigindo uma série de condições para sua aplicação, limitando o seu uso.

No método de GRIFFING (1956b), através da análise de variância é possível estimar os parâmetros da capacidade geral (CGC) e específica de combinação (CEC), segundo os modelos fixos ou aleatórios. A primeira relaciona-se com efeitos gênicos aditivos e a segunda, aos efeitos gênicos não aditivos. HALLAUER & MIRANDA FILHO (1981) denominam de modelo I, quando os pais representam a população (efeito fixo) e modelo II, quando os pais constituem uma amostra da população (efeito aleatório). No modelo I a esperança de quadrado médio dos cruzamentos, é desdobrada em capacidade geral e específica de combinação. No modelo II o principal interesse é a estimação dos componentes da variância, a qual pode ser obtida conhecendo-se a relação de parentesco entre os pais e fazendo a esperança de quadrado médio em termos da covariância genética entre parentes.

O modelo de GARDNER & EBERHART (1966), apesar de ter sido desenvolvido para aplicação em populações em equilíbrio de Hardy-Weinberg, é muito flexível e de uso geral. Segundo VENCOVSKY (1970) pode ser aplicado para analisar geneticamente, médias de populações, seus cruzamentos F_1 e outras populações geradas a partir dessas.

2.2.2.2. Método de Gardner e Eberhart

O modelo de GARDNER & EBERHART (1966) se baseia na representação da média de um caráter quantitativo numa população, em função de efeitos e frequências gênicas. A média fica expressa em um modelo estatisticamente aditivo, contendo componentes aditivos (a_j), de dominância (d_j), do efeito de variedades (v_j) e do componente heterótico (h_{jj}), que aparece nos cruzamentos intervarietais.

Segundo VENCOVSKY (1970), os parâmetros podem ser representados em função de efeitos genotípicos e frequências gênicas. Os componentes a_j e d_j ($j = 1, 2, \dots, J$) são respectivamente a contribuição dos locos em homozigose e heterozigose na média da população j . Na análise de variância é possível verificar a significância da variação devida a cada um dos componentes. O modelo é fixo, tendo como fontes de variação, os efeitos de variedades, de heterose média, de heterose de variedades e de heterose específica.

Os resultados observados nos trabalhos encontrados em literatura para o caráter produção de grãos em milho, estão resumidos na Tabela 1. Tomou-se como fonte inicial os dados agrupados por VENCOVSKY (1970). Analisando esses dados com base nas considerações feitas por MÔRO (1987) sobre os resultados apresentados por VENCOVSKY (1970), concluímos que:

- A heterose média para produção manifestou-se em todos os cruzamentos de variedades, indicando que elas apresentaram razoável diversidade genética em todos os trabalhos;
- Na maioria dos trabalhos houve diferença entre a heterose dos cruzamentos. Nestes casos, verifica-se que a CGC de cada variedade é dada pela sua média e a heterose em seus cruzamentos.
- A heterose específica foi não significativa na maioria dos trabalhos, indicando que as variedades utilizadas, com algumas exceções, não possuem frequência elevada de genes dominantes,

Tabela 1. Significância dos quadrados médios da análise da variância da tabela dialélica de médias de populações de milho, para os parâmetros de feito de variedade (v_j), heterose média ($\bar{h}_m$), heterose de variedade (h_j) e heterose específica (s_{jj}), da produção de grãos.

Parâ- metros	Referências ^a													
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14
v_j	**	**	**	**	**	**	**	*	**	*	*	*	*	**
$\bar{h}_m$	**	**	**	**	*	**	**	**	**	*	*	*	*	**
h_j	ns	ns	*	ns	ns	**	**	**	**	*	*	*	*	**
s_{jj}	ns	ns	ns	ns	ns	*	ns	**	ns	*	ns	ns	ns	**

**, *significativo pelo teste F a 5% e a 1%, respectivamente.

^a1 = GARDNER (1965); 2 = GARDNER & EBERHART (1966); 3 = VENCOSKY (não publicado, dados de PATERNIANI (1961); 4 = GARDNER & PATERNIANI (1967); 5 = CASTRO *et al.* (1968); 6 = HALLAUER & SEARS (1968); 7 = HALLAUER & EBERHART (1966); 8 = TROYER & HALLAUER (1968); 9 = MIRANDA FILHO (1974); 10 = HALLAUER (1970); 11 = VENCOSKY (1970); 12 = BARRIGA & VENCOSKY (1973); 13 = SOUZA JUNIOR (1981); 14 = MÔRO (1987).

Fonte: VENCOSKY (1970) modificada.

de forma que a heterose se manifeste de forma expressiva, pelo menos em algumas combinações híbridas.

Resultados obtidos para caracteres de altura da planta e da espiga, reportados por MIRANDA FILHO (1974), SOUZA JUNIOR (1981) e MÔRO (1987), mostraram em todos os casos, efeitos significativos de variedades e heterose média. A heterose de variedades foi significativa na maioria dos casos e o inverso ocorreu para a heterose específica. Apesar do pouco número de trabalhos, os resultados se assemelham aos obtidos para

produção.

Estudando outros caracteres, como "índice de área foliar" em cruzamentos dialélicos entre dez linhagens de milho, com aplicação do método de Gardner e Eberhart, JOHNSON (1973) obteve significância para efeito de linhagens ($\mathbf{v}_j$), para heterose média ($\bar{\mathbf{h}}_m$) e para heterose específica ($\mathbf{s}_{jj}$).

Este modelo tem sido muito utilizado na avaliação do potencial heterótico de populações de milho brasileiras, abrangendo desde variedades sintéticas a composto de ampla base genética. VENCOVSKY et al. (1988), apresentam as estimativas obtidas nestas populações por diversos autores, para médias e heteroses médias, cujos valores têm-se situados respectivamente entre 74,7 g/planta e 108,1 g/planta e entre 9,7% e 41,2%.

Apesar dos cruzamentos dialélicos terem sido amplamente utilizados para estudo do potencial de variedades e predição de compostos de milho, não se encontrou em literatura nenhum trabalho envolvendo estudo de populações de milho pipoca em cruzamentos dialélicos.

2.2.3. Progenies interpopulacionais de milho

A variância genética entre plantas de um híbrido intervarietal, obtidas de duas populações panmíticas, em equilíbrio de Hardy-Weinberg, ignorando-se os componentes de natureza epistáticas, compreende-se segundo VENCOVSKY & BARRIGA (1992), de três componentes, sendo duas semelhantes ou homólogas à variância aditivas (σ_A^2) e a terceira semelhante à variância dominante (σ_D^2). Todas, porém, têm uma natureza mista, relacional, pois dependem das frequências alélicas de ambas as populações.

Segundo VENCOVSKY (1978), pode-se representar σ_G^2 por :

$$\sigma_G^2 = \frac{\sigma_{A12}^2 + \sigma_{A21}^2}{2} + \sigma_{D12}^2$$

sendo,

$$\sigma_{A12}^2 = 2p(1 - p)[a + (1 - 2r)\delta]^2$$

$$\sigma_{A21}^2 = 2r(1 - r)[a + (1 - 2p)\delta]^2;$$

$$\sigma_{D12}^2 = [2p(1 - p)r(1 - r)\delta]^2;$$

p = frequência gênica da população 1;

r = frequência gênica da população 2;

a = efeito aditivo dos genes e

δ = efeito de dominância dos genes.

Para obtenção das estimativas dos componentes da variância genética entre plantas do híbrido interpoblacional, é importante conhecer a relação de parentesco entre elas. No caso delas estarem em uma estrutura de irmãos germanos a variância genética ($\hat{\sigma}_p^2$) é constituída pelos seguintes componentes, segundo HALLAUER & MIRANDA FILHO (1981):

$$\hat{\sigma}_{p(12 \text{ ou } 21)}^2 = 1/4(\hat{\sigma}_{A12}^2 + \hat{\sigma}_{A21}^2) + 1/4(\hat{\sigma}_{D12}^2).$$

Estimativas de variâncias genéticas aditivas ao nível interpoblacional em milho obtidas de diversas populações de milho do Brasil, foram relatadas por VENCOVSKY & BARRIGA (1992) e ARIAS (1995), as quais estão apresentadas na Tabela 2. A maioria das estimativas de $\hat{\sigma}_{A(12)}^2$, obtidas nestes trabalhos, tem se situado na faixa de 134,3(g/planta)² a 497,1(g/planta)². Nos casos em que as estimativas foram obtidas de progênies de irmãos germanos (IG), foi preciso estimar valores para $\hat{\sigma}_{D(12)}^2$, a fim de se obter a variância genética aditiva. Nestes trabalhos tem sido adotado que o valor da $\hat{\sigma}_{D(12)}^2$ está situado entre zero e um valor igual a $\hat{\sigma}_{A(12)}^2$.

O valor médio da relação entre $\hat{\sigma}_D^2/\hat{\sigma}_A^2$, obtido de 99 estimativas encontradas na literatura, por HALLAUER & MIRAN-

Tabela 2. Estimativas de variâncias genéticas aditivas ao nível interpopulacional para produção de grãos (g/planta)² em populações de milho.

Ref.	População (1x2)	Variâncias aditivas		
		$\hat{\sigma}_{A12}^2$	$\hat{\sigma}_{A21}^2$	$\hat{\sigma}_{A(12)}^2$ *
(¹)	ESALQ VD2 x ESALQ VF1	258,6	205,1	231,8
(²)	Piranão VD2 x Piranão VF1	--	--	331,4 a 497,1 ⁺
(³)	ESALQ VD2 x ESALQ VF1	--	--	184,9 a 277,4 ⁺
(⁴)	Pirame x Cateto	236,1	79,9	158,0
(⁵)	ESALQ PB1 x BR 105	370,4	150,6	260,5
(⁶)	Piranão VD2 x Piranão VF1	358,4	126,1	242,2
(⁷)	ESALQ PB1 x BR 105	249,8	131,4	190,6
(⁸)	BR 106 x BR 105	145,7	136,6	141,1
(⁹)	EE1 x EC4	--	--	134,34 a 201,6

$$*\hat{\sigma}_{A(12)}^2 = \frac{1}{2}(\hat{\sigma}_{A12}^2 + \hat{\sigma}_{A21}^2)$$

⁺ = limites de $\hat{\sigma}_{A(12)}^2$, considerando $\hat{\sigma}_{D12}^2 = \hat{\sigma}_{A(12)}^2$ e $\hat{\sigma}_{D12}^2 = 0$

(¹)PATERNIANI & VENCovsky (1978); (²)MIRANDA FILHO (1979); (³)SOUZA JUNIOR et al. (1980); (⁴)MIRANDA FILHO & PATERNIANI (1983); (⁵)SOUZA JUNIOR (1983); (⁶) MARTINS (1986); (⁷)SOUZA JUNIOR & MIRANDA FILHO (1989); (⁸)SOUZA JUNIOR et al. (1993) e (⁹)NASS (1992).

Fonte : VENCovsky & BARRIGA (1992) modificada.

DA FILHO (1981), foi de 0,9377 e no caso da relação entre as médias das estimativas, o valor foi de 0,6113. Este resultado mostra que na maioria das populações estudadas, a variância genética aditiva foi maior do que a variância genética dominante, para o caráter produção.

As estimativas de variâncias genéticas aditivas interpopulacionais obtidas nos programas de seleção recorrente recíproca (SRR), têm a finalidade de inferir sobre a magnitude da variabilidade genética das populações envolvidas. Nos esquemas de SRR com irmãos germanos (IG), se considera a $\hat{\sigma}_{A12}^2 = \hat{\sigma}_{A21}^2$, sendo que essas variâncias podem se diferenciar significativamente, conforme dados obtidos da Tabela 2. A relação entre variância intra e interpopulacional, investigada por diversos autores (MIRANDA FILHO & PATERNIANI, 1983; SOUZA JUNIOR & MIRANDA FILHO, 1989), mostrou que a $\hat{\sigma}_{A(12)}^2$ é maior que as das populações. Para as variâncias $\hat{\sigma}_{A12}^2$ e $\hat{\sigma}_{A21}^2$, na população de maior variabilidade, a estimativa intra ($\hat{\sigma}_{A11}^2$ ou $\hat{\sigma}_{A22}^2$) é maior em relação a inter; para população de menor variabilidade, as estimativas intra e inter tiveram valores aproximados.

A relação entre variâncias aditivas intra e interpopulacional, segundo SOUZA JUNIOR (1993), é dada pela expressão :

$$\sigma_{A12}^2 = \sigma_{A11}^2 + \sigma_{\pi12}^2 + 4 \text{Cov}_{(A1\pi12)},$$

sendo,

σ_{A11}^2 = variância genética aditiva da população 1;

$\sigma_{\pi12}^2$ = variâncias dos desvios dos efeitos aditivos intra por interpopulacional;

$\text{Cov}_{(A1\pi12)}$ = covariância dos efeitos aditivos com desvios de intra por interpopulacional.

Desta forma, se $\sigma_{\pi12}^2 + 4 \text{Cov}_{(A1\pi12)} \neq 0$, então $\sigma_{A12}^2 \neq \sigma_{A11}^2$, portanto a variância interpopulacional será diferente da intrapopulacional. Se $\sigma_{\pi12}^2 + 4 \text{Cov}_{(A1\pi12)}$ apresentar valor negativo, então $\sigma_{A12}^2 < \sigma_{A11}^2$, se for positivo, ocorrerá o inverso, $\sigma_{A12}^2 > \sigma_{A11}^2$.

No melhoramento do milho pipoca, poucos trabalhos têm sido conduzidos com a seleção recorrente recíproca. THOMAS

& GRISSOM (1961) avaliaram os resultados de dois ciclos de SRR em duas populações de milho pipoca, uma constituída por geração avançada de um híbrido simples e outra pela variedade Hycross. Usando como parâmetros a média e a distribuição de frequência, avaliou-se os efeitos de dois ciclos de seleção recorrente recíproca para produção, capacidade de expansão e porcentagem de plantas acamadas. Os resultados da SRR foram comparados com a obtenção de linhagens através de autofecundação sucessiva, a partir das plantas S_1 iniciais da seleção SRR. Os resultados indicaram que a seleção recorrente recíproca foi efetiva nas duas populações, proporcionando aumento das médias de produção, CE e diminuição na porcentagem de plantas acamadas. O método de autofecundação foi ligeiramente inferior à SRR.

O método de seleção recorrente recíproca com "test-crosses" de progênies de meios irmãos, sugerido por PATERNIANI & VENCOSKY (1977), foi empregado por LINARES (1987) no melhoramento das populações de milho pipoca Composto Normal e Pirapoca. Com base nas análises dos ensaios dos "test-crosses" foram estimados parâmetros genéticos somente para produção de grãos, obtendo os seguintes valores : $\hat{\sigma}_{p21}^2 = 1,2704$ (g/planta)² e $\hat{\sigma}_{p12}^2 = 0,6804$ (g/planta)². Considerando que em progênies de meios irmãos a $\hat{\sigma}_A^2 = 4 \hat{\sigma}_p^2$, obteve-se a partir destes valores as seguintes estimativas para as variâncias genéticas aditivas : $\hat{\sigma}_{A21}^2 = 5,0816$ (g/planta)² e $\hat{\sigma}_{A12}^2 = 2,7216$ (g/planta)², sendo a população 1 o Composto Normal e população 2 a variedade Pirapoca. As estimativas são baixas, devido ao alto erro experimental. A interpopulação de "test-crosses" do composto normal apresentaram o dobro da variância genética aditiva em relação a interpopulação de "test-crosses" de Pirapoca.

Na falta de informações sobre estimativas interpopulacionais para os caracteres da planta : altura da planta (AP), altura da espiga (AE), índice de espigas (IE) e número de ramificações do pendão (NRP); e da espiga : diâmetro (DE),

comprimento (CoE) e número de fileiras de grãos (NF), tomou-se como referências dados obtidos ao nível intrapopulacional para se ter uma noção da magnitude desses parâmetros em milho. A média da estimativa de um parâmetro genético obtida em diversas populações de milho serve como ponto de referência para se avaliar a magnitude de uma estimativa. HALLAUER & MIRANDA FILHO (1981) obtiveram as médias das estimativas das variâncias aditivas, dominantes, nível de dominância (Var.dominante/var. aditiva) e herdabilidade, para caracteres da planta e da espiga, de dados disponíveis em literatura, cujos valores estão resumos na Tabela 3.

Tabela 3. Médias das estimativas para as variâncias aditivas ($\hat{\sigma}_A^2$) e dominantes ($\hat{\sigma}_D^2$), herdabilidade ao nível de parcela ($\hat{h}^2$) e da relação $\hat{\sigma}_D^2/\hat{\sigma}_A^2$ em populações de milho, de dados encontrados em literatura.

Caracteres*	$\hat{\sigma}_A^2$	$\hat{\sigma}_D^2$	$\hat{\sigma}_D^2/\hat{\sigma}_A^2$	$\hat{h}^2$ (%)	N**
AP (cm)	212,900 ± 51,60	36,200 ± 46,50	0,53	56,9	45
AE (cm)	152,700 ± 35,50	11,100 ± 36,50	0,37	66,2	52
IE	0,046 ± 0,01	0,012 ± 0,01	0,44	39,0	39
DE (cm)	0,046 ± 0,01	0,009 ± 0,01	0,33	36,1	35
CoE (cm)	1,524 ± 0,378	0,504 ± 0,47	0,37	38,1	36
NF	1,890 ± 0,455	0,145 ± 0,78	0,18	57,0	18
PNG (g)	34,900 ± 8,50	9,50 ± 9,40	0,55	41,8	11

*AP = altura da planta, AE = altura da espiga, IE = número de espiga/planta, DE = diâmetro da espiga, CoE = comprimento da espiga, NF = número de fileiras de grãos na espiga e PNG = peso de n grãos.

** número de estimativas usadas para obtenção da média

Fonte : HALLAUER & MIRANDA FILHO (1981).

Tabela 4. Estimativas de variâncias genéticas aditivas ($\hat{\sigma}_a^2$) e herdabilidade ao nível de médias ($\hat{h}^2$) para caracteres do pendão em populações de milho, de dados encontrados em literatura.

Caracteres do pendão	$\hat{\sigma}_a^2$	$\hat{h}^2$ (%)	População	Ref.*
Número de ramificação	14,1245	74,1	ESALQ PB1	1
"	12,812	64,0	ESALQ VD2	2
"	15,824	48,5	ESALQ VF1	2
"	10,555	--	Composto Flint branco	3
"	15,232	--	Centralmex	3
"	23,442	--	Piranão VD2	4
"	48,670	--	ESALQ PB1xEntrelaçadol	5
"	25,400	--	ESALQ PB1 x Cravo4	5
Peso (g)	1,663	71,8	ESALQ PB1	1
Comprimento (cm)	13,307	73,6	ESALQ PB1	1

*1= ANDRADE & MIRANDA FILHO (1979); 2= MAMEDE (1991); 3= GERALDI (1977); 4= LORDÊLO (1982); 5= NASS (1992).

Para caracteres do pendão, o número de ramificações tem sido mais estudado por apresentar maior herdabilidade e menor erro das estimativas (ANDRADE & MIRANDA FILHO, 1979).

Estimativas de variância genética aditiva em populações de milho para NRP, reportadas por diversos autores (Tabela 4), tem variado de 10,555 (ramif/pendão)² a 48,670 (ramif./pendão)², dando um valor médio de 20,76 (ramif./pendão)². Para peso e comprimento dos pendões, ANDRADE & MIRANDA FILHO (1979), reportam valores de variância genética aditiva, respec-

tivamente de 1,663 (g/pendão)² e 13,307 (cm/pendão)²; e para herdabilidade, valores de 71,8% e 73,6%, respectivamente para peso e comprimento do pendão.

2.3. Correlação entre caracteres

A correlação entre caracteres que somos capazes de visualizar diretamente ao nível de um experimento, segundo VENCOVSKY & BARRIGA (1992), é de natureza fenotípica, sendo provocada por dois fatores, a saber, os genéticos e os ambientais. No melhoramento, são importantes as associações de natureza genética, as quais têm como causa, os efeitos pleiotrópicos dos genes ou então a falta de equilíbrio de ligação (VENCOVSKY, 1978)

Estudos de correlação entre caracteres da planta, da espiga e do grão com capacidade de expansão, (CE), têm sido efetuados em diversas populações de milho pipoca. Na Tabela 5 estão resumidos os dados de " $\hat{r}$ " encontrados em literatura. Observa-se que os valores do coeficiente de correlação " $\hat{r}$ " entre os caracteres da planta, da espiga e do grão com a CE, variaram de uma população para outra, e, de modo geral, os de maior importância agrônômica relacionaram-se negativamente com a CE. Apenas a densidade e a relação largura/espessura dos grãos, número de fileiras na espiga e prolificidade, apresentaram valores positivos de " $\hat{r}$ ".

A porcentagem de amido mole e largura do grão, correlacionaram-se negativamente com a CE. O valor negativo de " r " entre largura do grão e CE, se deve ao fato da mesma estar associada com alta porcentagem de amido mole.

Correlação entre prolificidade e produção de grãos, tem sido observada em milho (GOODMAN, 1965, LONNQUIST, 1967, SOUZA JUNIOR *et al.*, 1985), e em milho pipoca (LIRA, 1983). Devido a maior herdabilidade do NRP em relação ao PG

Tabela 5. Valores dos coeficientes de correlação fenotípica ($\hat{r}_p$) e genética ($\hat{r}_g$) entre capacidade de expansão (CE) e peso de grãos (PG), com caracteres da planta, da espiga e dos grãos, em diversos genótipos de milho pipoca, encontrados em literatura.

Caracteres	CE	PG	Genótipos	Ref.*
Peso de 100 grãos	-0,31 ^a		Yellow Pearl	1
Amido mole no grão..	-0,59			
Comprimento do grãos	-0,44			
Largura do grão	-0,29			
Espessura do grão	-0,17			

Peso de grãos.....	-0,44 ^a		Yellow Pearl e	2
Comprimento do grão.....	-0,60		Japanese Hullness	
Largura do grão.....	-0,50			
Espessura do grão.....	0,26			
Densidade do grão.....	0,26			
Espessura/largura.....	0,57			

Produção de grãos.....	-0,34 ^a	---	Linhagens de	3
Comprimento da espiga....	-0,40	0,79 ^a	pipoca x milho	
Diâmetro da espiga.....	-0,82	0,65		
Peso de 50 grãos	-0,84	0,61		
Número fileiras de grãos	0,12	0,13		

Produção de grãos.....	-0,16 ^b		População	4
Peso de 100 grãos.....	-0,61	0,58 ^b	de Lavras.	
Diâmetro do colmo.....	-0,35	0,54		
Altura da planta.....	-0,28	1,00		
Altura da espiga.....	-0,32	0,57		
Índice de espigas.....	0,02	0,59		

^aCorrelação fenotípica ($\hat{r}_p$);

^bCorrelação genética ($\hat{r}_g$).

*1 = WILLIER & BRUNSON, 1927; 2 = LYERLY, 1942; DOPING *et al.*, 1991; e LIRA, 1983.

(ANDRADE & MIRANDA FILHO, 1979; SMITH *et al.*, 1982), a seleção para prolificidade pode dar resposta correlacionada significa-

tiva na produção. A seleção para prolificidade seria uma maneira de se aumentar a produtividade e a qualidade do milho pipoca. Alta prolificidade observada nos materiais indígenas e melhorados de milho pipoca, é uma evidência de que a seleção de plantas prolíficas pode ter sido uma prática usual neste tipo de milho.

Outro caráter que pode estar correlacionado negativamente à produção de grãos em milho, é o número de ramificações (NRP) ou peso do pendão. Estudos dos caracteres do pendão : comprimento, número de ramificações e peso, realizados por ANDRADE & MIRANDA FILHO (1980), mostraram que o caráter NRP possui maior herdabilidade (74,1%) entre eles, estando relacionado a AP, AE e na relação AE/AP, sendo o caráter mais indicado para estudo do pendão. Alta herdabilidade do NRP também foi encontrada por SMITH *et al.* (1982).

Apesar dos dados da Tabela 6, obtidos por diversos autores, mostrarem na maioria dos casos, tendência de correlação negativa entre PG e NRP e com valores da correlação genética aditiva ($\hat{r}_A$), variando de uma população para outra de 0,11 a -0,65, estudos realizados por SOUZA JUNIOR *et al.* (1985), mostraram que a correlação negativa entre PG e NRP se deve à correlação negativa entre NRP e prolificidade. Estes autores mostraram que o valor de " $\hat{r}$ " de -0,44 entre PG e NRP passou a 0,66 quando se fez a correlação genética parcial fixando a prolificidade. Segundo os autores, os dados de 0,96 e -0,77, obtidos respectivamente para correlação genética parcial entre PG e prolificidade e entre NRP e prolificidade, mostram que o efeito do NRP na produção ocorre através da prolificidade. Segundo PATERNIANI (1980), as plantas com pendões menores possuem menor dominância apical, o que favorece a prolificidade.

No milho pipoca faltam informações sobre estudo de pendão e sua relação com PG e prolificidade. O fato do pen-

Tabela 6. Correlação genética aditiva ($\hat{r}_A$) entre peso de grãos e número de ramificações do pendão em diversas populações de milho.

$\hat{r}_A$	Populações	Ref.*
-0,65**	C. Dentado, C. flint, C. branco, Centralmex	1
0,11	Piranão VD -2	2
-0,24	Piranão VF-1	2
-0,12	ESALQ VD -1	3
0,23	ESALQ VF - 1	3
-0,44	BR 105	4

* 1 = GERALDI, 1977; 2 = LORDÊLO, 1982; 3 = MAMEDE, 1991; 4 = SOUZA JUNIOR. et al. (1985).

dão grande ser uma característica geral nos milho pipoca (ZIEGLER & ASHMAN, 1994), a seleção para redução do NRP poderá indiretamente aumentar a produção, desde que esse caráter esteja correlacionado negativamente com a PG.

A seleção para aumento da CE acarreta modificações em caracteres correlacionados com a produção de grãos. WEAVER & THOMPSON (1957) relatam que a seleção massal a longo prazo para aumento da CE acarretou uma redução do diâmetro e peso da espiga despilhada.

3. MATERIAL E MÉTODOS

3.1. Material

3.1.1. Identificação das variedades

Foram utilizadas as seguintes variedades de milho pipoca, as quais receberam os seguintes números de ordem:

Variedades	Identificação
V1	South American Mushroom (SAM)
V2	Pirapoca Amarela
V3	Americano
V4	UFV Amarelo
V5	Sintético
V6	Guarani

A descrição resumida de cada variedade é dada a seguir :

V1 - SAM : material sintetizado a partir da seleção em amostras de introduções da variedade South American Mushroom, feita em 1941 pelo Instituto Agrônômico. Foi lançada comercialmente em 1946/47, e desde então vem sendo mantida pela Seção de Milho e Cereais Diversos do Instituto Agrônômico. Apresenta grãos re-

dondos tipo pérola de cor laranja, ciclo precoce, porte médio, suscetibilidade a *Exserohilum turcicum* (Pass; Leonard & Suggs) e aos enfezamentos pálido e vermelho;

V2 - Pirapoca Amarela : variedade de grãos redondos tipo pérola, de cor laranja, ciclo precoce, procedente do Departamento de Genética da ESALQ /USP. Segundo ZINSLY & MACHADO (1978), esta variedade foi obtida a partir do Composto I GEN-2, através de três ciclos de seleção massal estratificada para produtividade, caracteres agronômicos e capacidade de expansão;

V3 - Americano : variedade de grãos redondos tipo pérola e de cor laranja, ciclo precoce, procedente do Banco de Germoplasma do Centro Nacional de Pesquisa de Milho e Sorgo da EMBRAPA (CNPMS);

V4 - UFV Amarelo : variedade de grãos redondos tipo pérola e de cor laranja, ciclo precoce, procedente do Banco de Germoplasma do CNPMS;

V5 - Sintético : material procedente dos Estados Unidos sem identificação de origem, foi mantido por duas gerações de polinização livre pela Estação Experimental de Ribeirão Preto do Instituto Agrônomo, apresenta grãos tipo pérola e ciclo precoce;

V6 - Guarani : material de ampla variabilidade no tipo e coloração dos grãos, apresenta plantas de altura média, ciclo semi-precoce, plantas geralmente com perfilhos e prolíficas; procedente do Banco de Germoplasma do CNPMS.

3.1.2. **Progênies interpopulacionais de irmãos germanos**

Foram utilizadas progênies interpopulacionais de irmãos germanos obtidas entre as variedades de milho pipoca SAM e IAC 64. As variedades têm as seguintes origens: a SAM corresponde à população inicial utilizada nos cruzamentos dialélicos,

após dois ciclos de seleção massal; e a IAC 64 é uma população obtida do cruzamento das variedades Guarani e UFV Amarelo, seguido de um retrocruzamento para Guarani e três ciclos de seleção massal, com ênfase para grãos redondos, endosperma amarelo, resistência a *E. turcicum* e maior capacidade de expansão.

3.2. Métodos

3.2.1. Execução experimental

3.2.1.1. Cruzamentos dialélicos

Em 1982/83, obteve-se aumento de sementes das variedades SAM, Pirapoca Amarela, UFV Amarelo, Americano, Sintético e Guarani, por polinização controlada, usando mistura de pólen de todas as plantas da mesma população. Em um lote à parte, obteve-se os cruzamentos dialélicos entre estas variedades através de polinização manual, usando mistura de pólen das plantas de cada população.

Em 1983/84, as seis variedades e os quinze respectivos cruzamentos intervarietais, sem considerar os recíprocos, foram avaliados em cinco locais do Estado de São Paulo: nas Estações Experimentais do Instituto Agrônomo de Mococa, Ribeirão Preto, Campinas e Pariqueira-Açu; e na Fazenda de Milho Híbrido de Ataliba Leonel em Manduri, pertencente à CATI. As características de cada local bem como as condições climáticas que ocorreram nos ensaios estão resumidas na Tabela 7. Utilizou-se o delineamento de blocos casualizados com três repetições, parcela de duas fileiras de 5 m espaçadas de 1,0 m por 0,33 m entre covas com duas plantas/ cova.

Os ensaios foram instalados no período de setembro a outubro, com exceção do ensaio de Pariqueira-Açu, instalado em fins de fevereiro, visando a favorecer o ataque de

doenças.

3.2.1.2. Progênie interpopulacionais de irmãos germanos.

No ano agrícola 91/92 foram obtidos os cruzamentos em cadeia planta a planta, entre as variedades SAM e IAC 64. Para obtenção desses cruzamentos foram utilizadas 212 progênie de meios irmãos de cada uma das variedades, em fileiras de 5 m intercaladas, correspondendo as linhas ímpares, à SAM e às pares a IAC 64. Apenas as plantas prolíficas foram utilizadas e para favorecer essa condição, usou-se o espaçamento de 1,0 m entre linhas por 0,4 m entre plantas.

No florescimento, efetuaram-se os cruzamentos conforme representado a seguir:

Pólen de uma planta prolífica ímpar, foi usado para autofecundar a sua segunda espiga e para cruzar com a primeira espiga da planta da linha par seguinte. E assim sucessivamente, até fechar a cadeia, de modo que o pólen da última planta par foi cruzado com a primeira espiga da linha ímpar inicial da cadeia. Obtiveram-se então, nas plantas trabalhadas, uma espiga resultante de cruzamento interpopulacional e uma de autofecundação (S_1). Para garantir a obtenção dos cruzamentos em cadeia com todas as progênie, iniciaram-se três séries de plantas cruzadas em cadeia, as quais foram etiqueta-

das. Devido a diversos fatores, como plantas quebradas, falha na polinização, diferença de florescimento, não desenvolvimento da segunda espiga, houve interrupções nas cadeias. Um total de 10 cadeias abertas foram aproveitadas, resultando em 239 progênies de irmãos germanos. As progênies que não foram utilizadas nas cadeias formaram um grupo separado e foram avaliadas como progênies interpopulacionais de irmãos germanos.

No ano agrícola 1992/93, 94 progênies de irmãos germanos originadas das populações SAM x IAC 64 ou IAC 64 x SAM, foram avaliadas em Campinas. Devido ao grande número de progênies, foram realizados três ensaios de blocos casualizados com quatro repetições, onde foram incluídas como testemunhas as variedades parentais SAM e IAC 64.

As progênies obtidas em cadeia foram avaliadas na Estação Experimental de Mococa do Instituto Agrônomo, constituindo-se cada cadeia de um experimento em blocos casualizados com quatro repetições. No campo, as repetições dos ensaios foram agrupadas em quatro blocos grandes, de modo que o bloco 1 foi constituído pelas primeiras repetições dos 10 ensaios, sendo o mesmo repetido para o segundo bloco com as segundas repetições e sucessivamente com os demais blocos.

A parcela experimental nos ensaios de Mococa, constituiu-se de uma fileira de 4 m espaçada de 0,9 m entre linhas por 0,25 m entre covas, onde foram semeadas duas sementes. Nos ensaios de Campinas, a parcela experimental variou apenas com o espaçamento entre fileiras, que foi de 1,0 m. Não se efetuou o desbaste destes ensaios pelo fato do milho pipoca suportar uma população maior de plantas e das plantas sem competição emitirem perfilhos, compensando as falhas de germinação.

Os ensaios foram instalados em outubro/1992 e colhidos em maio/1993. Para adubação de plantio utilizou-se a fórmula 4-14-8 + Zn, na dose de 400 kg/ha e em cobertura, 200

kg/ha de sulfato de amônio.

3.2.2. Caracteres avaliados

3.2.2.1. Cruzamento dialélico

Nos ensaios de Campinas, Mococa, Ribeirão Preto e Manduri, foram anotados os caracteres agrônômicos descritos a seguir:

- **Estande final na colheita (EF)**;
- **Peso de grãos (PG)**: obtido por debulha manual das espigas despalhadas da parcela, corrigido para umidade de 14,5% e para estande médio do ensaio, utilizando o método da covariância descrito por VENCOVSKY & BARRIGA (1992);
- **Capacidade de expansão (CE)**: relação entre volume de pipoca/volume de grãos, foi avaliada em três amostras de 30 cm³ de grãos de cada parcela dos ensaios, após uniformização para umidade. Obteve-se a expansão dos grãos, utilizando um pipocador elétrico, sendo o volume de pipoca medido em uma proveta de 1000 cm³;
- **Número total de espigas da parcela (NE)**;
- **Altura da planta (AP) e espiga (AE)**: medidas em cinco plantas competitivas da parcela, tomadas respectivamente do nível do solo até a inserção da última folha bandeira e até a inserção basal da espiga principal. As anotações só foram realizadas no ensaio de Campinas;
- **Número de espigas doentes (NED)**: espigas com grãos atacados por fungos;
- **Severidade de *E. turcicum* (NEt)**: o critério de avaliação adotado seguiu a orientação de ELLIOTT & JENKINS (1946), utilizando escala diagramática de notas de 0 (sem infecção) a 5 (grande número de lesões em todas as folhas), avaliado na fase final de enchimento dos grãos, aos 30 dias após florescimento,

em cinco plantas da parcela. Só foi avaliado em Campinas e Pariquera-Açu.

- **Espessura do pericarpo na coroa (EPC) e região abgerminal (EPA):** foram avaliados apenas nas amostras de grãos dos tratamentos do ensaio de Campinas. Em amostras de 10 grãos normais por tratamento, determinou-se a espessura do pericarpo na posição central da coroa e na região mediana da face abgerminal (lado oposto ao embrião), utilizando um relógio comparador com escala de 0,001-2 mm. Para facilitar a extração do pericarpo, eles foram embebidos por 16 horas em solução de glicerol e água (1:2), método este sugerido por MARTIN *et al.* (1980).

- **Umidade dos grãos da parcela:** foi determinada em estufa elétrica de desidratação, com ventilação adequada mas não forçada, a temperatura de $105^{\circ}\text{C} \pm 3^{\circ}\text{C}$ por 24 horas.

No ensaio de Pariquera-Açu, foi avaliado apenas a incidência de *E. turcicum*, onde a ocorrência da doença foi alta, comprometendo a avaliação dos caracteres de produção.

3.2.2.2. **Progênie interpopulacionais de irmãos germanos**

As seguintes anotações por progênie foram efetuadas nos experimentos de irmãos germanos de Campinas e no de irmãos germanos em cadeia de Mococa:

- **Altura da planta (AP) e da espiga (AE) :** medidas em seis plantas competitivas de cada parcela, tomadas respectivamente do nível do solo até a folha bandeira e o nó de saída da espiga principal;
- **Estande final (EF):** número de plantas observadas na época da colheita, com desenvolvimento normal;
- **Número de espigas total (NE);**
- **Peso de espigas despilhada (PE):** pesada em balança eletrônica com etiquetadora, em kg/parcela;

- **Peso de grãos (PG)**: pesada em balança eletrônica com etiquetadora, em kg/parcela, foi corrigido para umidade de 14,5% e para o estande ideal de 20 plantas/parcela, utilizando o método da covariância (VENCOVSKY & BARRIGA, 1992).

Em amostras de pendões de seis plantas competitivas da parcela nas quatro repetições, anotou-se:

- **Número de ramificações por pendão (NRP)**;
- **Peso seco de seis pendões em gramas (PS6P)**: pesado em balança eletrônica Mettler P1000 com precisão de 0,1 grama, após secagem em estufa a 60°C, até atingir peso constante.

Em amostras de seis espigas despalhadas das parcelas de três repetições, anotou-se em cada espiga :

- **Diâmetro tomado na região central em cm (DE)**;
- **Comprimento em cm (CoE)**;
- e **Número de fileiras de grãos (NF)**.

Em amostras de grãos de cada parcela, inicialmente determinou-se a umidade, utilizando o medidor Universal, e no restante da amostra, após secagem e armazenamento em câmara fria (a $\pm 12^{\circ}\text{C}$ e 45% de umidade do ar), obteve-se o peso de 100 grãos (P100G) em uma balança eletrônica Mettler P1000 e a capacidade de expansão (CE). Para determinação da CE utilizou-se três repetições de 35 cm³ de grão por amostra, as quais foram estouradas em um pipocador elétrico.

3.2.3. Análise da variância

3.2.3.1. Ensaios dos cruzamentos dialélicos

Foram analisados individualmente no esquema de blocos casualizados ao nível de total ou média de parcela, os seguintes caracteres :

- **Peso de grãos, em kg/10m² (PG)**;
- **Capacidade de expansão (CE)**;

- Índice de espigas ($IE = NE/EF$);
- Altura da planta em cm (AP);
- Altura da espiga em cm (AE);
- Porcentagem de espigas doentes ($\%ED = (NED/NE) \times 100$); e
- Escala diagramática de notas de *E. turcicum* (NEt).

Os dados da porcentagem de espigas doentes ($\%ED$) foram transformados em arco seno da $\sqrt{(\%/100)}$ para análise. Os dados de espessura do pericarpo nas posições da coroa (EPC, em μ) e abgerminal (EPA, em μ) do grão, foram analisados no modelo inteiramente casualizado. Os caracteres avaliados em mais de um local foram agrupados em uma análise conjunta, utilizando-se os totais de tratamentos.

Os modelos estatísticos utilizados para as análises da variância individual e conjunta no esquema de blocos casualizados foram respectivamente :

$$Y_{ij} = m + b_j + t_i + e_{ij};$$

$$Y_{ijk} = m + L_k + b_{j(k)} + t_i + (tL)_{ik} + e_{ijk}, \text{ onde:}$$

Y_{ij} : é a observação no tratamento i no bloco j;

m : é a média geral;

b_j : é o efeito de bloco j ($j = 1, 2, \dots, J$), aleatório;

t_i : é o efeito do tratamento i ($i = 1, 2, \dots, I$), fixo;

e_{ij} : é o erro experimental ao nível de parcela, sendo $e_{ij} \cap N(0, \sigma_e^2)$;

Y_{ijk} : é a observação no local k do tratamento i no bloco j;

L_k : é o efeito do local k ($k = 1, 2, \dots, K$), fixo, por representar áreas distintas.

$(tL)_{ik}$: é o efeito da interação do local k com o tratamento i, fixo.

Para análise da variância no esquema inteiramente casualizado, o modelo foi equivalente, retirando-se apenas o efeito de blocos (b_j). Os esquemas das análises individual e

conjunta dos experimentos em blocos casualizados foram os seguintes :

Análise individual

Fonte de Variação	G.L.	QM	F
Blocos	J-1	QM1	QM1/QM3
Tratamentos	I-1	QM2	QM2/QM3
Resíduo	(J-1) (I-1)	QM3	

Análise conjunta

Fonte de Variação	G.L.	QM	F
Blocos/Local	K(J-1)	QM1	QM1/QM5
Local	K-1	QM2	QM2/QM5
Tratamentos	I-1	QM3	QM3/QM5
LocalxTrat.	(K-1) (I-1)	QM4	QM4/QM5
Resíduo médio	K(J-1) (I-1)	QM5	

3.2.3.2 Ensaios de irmãos germanos

Foram analisados em blocos casualizados com quatro repetições, ao nível de parcela, os seguintes caracteres:

- Peso de grãos, corrigidos a 14,5% de umidade e para o estande ideal de 20 plantas em kg/parcela (PG);
- Índice de espigas ($IE = NE/EF$);
- Capacidade de expansão (CE);

- Peso de 100 grãos em gramas (P100G);
- Peso seco de seis pendões em gramas (PS6P).

Foram analisados em blocos casualizados, com quatro repetições, ao nível de seis plantas por parcela, os seguintes caracteres :

- Altura da planta em cm (AP);
- Altura da espiga em cm (AE);
- Número de ramificações do pendão (NRP).

O mesmo esquema de análise foi utilizado para os seguintes caracteres da espiga anotados em apenas três repetições :

- Diâmetro da espiga em cm (DE);
- Comprimento da espiga em cm (CoE);
- Número de fileiras na espiga (NF).

Para análise dos ensaios de progênies de irmãos germanos, os quais foram distribuídos em três ensaios em blocos casualizados, com número diferenciado de tratamentos, utilizaram-se os esquemas apresentados nas Tabelas 7 e 8, para as análises individuais e combinada dos experimentos, respectivamente ao nível de parcelas e de plantas.

Os modelos matemáticos utilizados nas análises em blocos casualizados, com informação ao nível de parcela e ao nível de plantas, foram respectivamente :

$$Y_{ij} = m + b_j + t_i + e_{ij} ;$$

$$Y_{ijq} = m + b_j + t_i + e_{ij} + d_{ijq} ,$$

onde :

Y_{ij} : é a observação na progênie i no bloco j;

Y_{ijq} : é a observação na progênie i do bloco j e na planta

$q (q = 1, 2, \dots, Q)$;

m : é a média geral;

b_j : é o efeito de bloco j ($j = 1, 2, \dots, J$), aleatório;
 t_i : é o efeito da progênie i ($i = 1, 2, \dots, I$), aleatório;
 e_{ij} : é o erro experimental ao nível de parcela, sendo
 $e_{ij} \cap N(0, \sigma_e^2)$;
 d_{ijq} : é o erro experimental entre plantas dentro de parcela,
 sendo $d_{ijq} \cap N(0, \sigma_d^2)$; .

Tabela 7. Esquema de análise de variância e esperança matemática dos quadrados médios $[E(QM)]$ ao nível de parcelas das análises individual e combinada dos experimentos.

Fonte de variação	G.L.*	QM	F	E (QM) **
Individual				
Blocos	J-1	QM1	QM1/QM3	
Progênies	I-1	QM2	QM2/QM3	$\hat{\sigma}_{e(12)}^2 + r\hat{\sigma}_{p(12)}^2$
Erro	(J-1) (I-1)	QM3		$\hat{\sigma}_{e(12)}^2$
Combinada				
Prog./exp.	$\Sigma_k (I-1)$	QM4	QM4/QM5	$\hat{\sigma}_{e(12)}^2 + r\hat{\sigma}_{p(12)}^2$
Erro médio	$\Sigma_k (J-1) (I-1)$	QM5		$\hat{\sigma}_{e(12)}^2$

*J = numero de repetições; I = número de progênies; K = número de experimentos.

** $\hat{\sigma}_{p(12)}^2$ e $\hat{\sigma}_{p(21)}^2$ = variância genética entre progênies da população (12) ou (21), respectivamente para análise individual e combinada; $\hat{\sigma}_{e(12)}^2$ e $\hat{\sigma}_{e(21)}^2$ = variância do erro ambiental entre parcelas das populações (12) ou (21), respectivamente para as análises individual e combinada; r = número de repetições.

Tabela 8. Esquema de análise de variância e esperança matemática dos quadrados médios $[E(QM)]$ ao nível de plantas obtidos das análises individual e combinada dos experimentos.

Fonte de variação	G.L.*	QM	F	E (QM) **
Individual				
Blocos	J-1	QM1	QM1/QM3	
Progênies	I-1	QM2	QM2/QM3	$\hat{\sigma}_{d(12)}^2 + q\hat{\sigma}_{(12)}^2 + qr\hat{\sigma}_{p(12)}^2$
Erro	(J-1) (I-1)	QM3	QM3/QM4	$\hat{\sigma}_{d(12)}^2 + q\hat{\sigma}_{(12)}^2$
Dentro	IJ(q-1)	QM4		
Combinada				
Prog./exp.	$\Sigma_k (I-1)$	QM5	QM5/QM6	$\hat{\sigma}_{d(12)}^2 + q\hat{\sigma}_{(12)}^2 + qr\hat{\sigma}_{p(12)}^2$
Erro médio	$\Sigma_k (J-1) (I-1)$	QM6	QM6/QM7	$\hat{\sigma}_{d(12)}^2 + q\hat{\sigma}_{(12)}^2$
Dentro	$\Sigma_k [IJ(q-1)]$	QM7		$\hat{\sigma}_{d(12)}^2$

*J = número de repetições; I = número de progênies; K = número de experimentos; q = número de plantas dentro da parcela.

** $\hat{\sigma}_{p(12)}^2$ e $\hat{\sigma}_{p(12)}^2$ = variância genética entre progênies da população (12) ou (21), respectivamente para as análises individual e combinada; $\hat{\sigma}_{(12)}^2$ e $\hat{\sigma}_{(12)}^2$ = variância do erro ambiental entre parcelas das populações (12) ou (21), respectivamente para as análises individual e combinada; $\hat{\sigma}_{d(12)}^2$ e $\hat{\sigma}_{d(12)}^2$ = variância do erro ambiental entre plantas dentro de parcela, respectivamente para as análises individual e combinada; número de repetições e q = número de plantas por parcela.

As testemunhas, SAM e IAC 64, foram excluídas dos dados analisados para todos os caracteres.

3.2.3.3. Ensaios de irmãos germanos obtidos por cruzamentos em cadeia

Apenas os caracteres de peso de grãos (corrigidos para umidade de 14,5% e para o estande ideal de 20 plantas/parcela) e a capacidade expansão foram analisados. Inicialmente, analisou-se individualmente os experimentos nos esquemas de blocos casualizados, excluindo-se as testemunhas. Com totais de tratamentos foi efetuada a análise conjunta dos experimentos ou cadeias, seguindo o mesmo procedimento descrito para irmãos germanos.

Com as médias de tratamentos obtidos na análise preliminar em blocos, ordenaram-se os tratamentos de acordo com o esquema original em cadeia. Para a análise de variância ao nível de média de cada experimento e para a análise agrupada, adotou-se o esquema empregado por BENITEZ TORRES (1986), adaptado para cadeia aberta, que é dado na Tabela 9.

3.2.4 Análise da tabela dialélica e estimação de parâmetros

Para as análises das tabelas dialélicas organizadas com médias dos tratamentos das análises conjuntas, utilizou-se o método descrito por CRUZ & REGAZZI (1994), seguindo orientação de GARDNER & EBERHART (1966) e GARDNER (1967), conforme esquematizado na Tabela 10.

Nos casos em que a interação locais x tratamentos foi significativa, fez-se o desdobramento da interação utilizando a metodologia descrita por MIRANDA FILHO & VENCOVSKY (1995).

As somas de quadrados associados aos parâmetros ($B'X'Y = SQ(m, v_1, \dots)$), obtidas pelo método dos quadrados míni-

mos, correspondendo $\mathbf{Y}$ a matriz dos dados, $\mathbf{X}'$ a matriz transposta dos coeficientes dos parâmetros e $\boldsymbol{\beta}$ a matriz dos parâmetros, chega-se as mesmas expressões dadas por GARDNER (1967).

O modelo estatístico empregado é representado por:

$$Y_{jj'} = u + \frac{1}{2}(v_j + v_{j'}) + \theta h_{jj'} + \bar{e}_{jj'},$$

onde:

u = média das populações parentais;

$v_j + v_{j'}$ = "efeito de variedade" de j ou j' ($j = 1, 2, \dots, J$), fixo;

$h_{jj'}$ = "efeito de heterose" que aparece no híbrido entre as variedades j e j' ;

θ = coeficiente de condicional, se $j = j'$, então $\theta = 0$, se $j \neq j'$, então $\theta = 1$.

O efeito de heterose pode ainda ser subdividido em:

$$h_{jj'} = \bar{h}_m + h_j + h_{j'} + s_{jj'},$$

onde,

$\bar{h}_m$ = heterose média

h_j ou $h_{j'}$ = heterose de variedade, que é a contribuição da variedade j (ou j') para efeito de heterose ($h_{jj'}$).

$s_{jj'}$ = heterose específica do cruzamento entre as variedades j e j' .

$\bar{e}_{jj'}$ = erro experimental médio;

Para a estimação da média (m), dos efeitos de variedades (v_j), e da heterose ($\bar{h}_m$, h_j , $h_{j'}$ e $s_{jj'}$), foi empregado o modelo estatístico completo, independente da significância dos efeitos na análise da variância:

Tabela 9. Esquema de análise de variância e esperança matemática dos quadrados médios $[E(QM)]$ obtidos da análise de cruzamento em cadeia, no esquema em blocos casualizados ao nível médias de parcela.

F.V.	G.L.*	QM	F	E(QM)**
análise individual de uma cadeia				
Genótipos	I-2	QM1	QM1/QM3	$W_1\hat{\sigma}_e^2 + W_1r\hat{\sigma}_s^2 + W_2r\hat{\sigma}_g^2$
Progênies/Genót.	I-1	QM2	QM2/QM3	$\hat{\sigma}_e^2 + r\hat{\sigma}_s^2 + r\hat{\sigma}_g^2$
Resíduo	(I-1)(r-1)	QM3		σ_e^2
análise agrupada das cadeias				
Cadeias	k-1	QM1	QM1/Q4	
Genót./cadeias	$\Sigma(I_k-2)$	QM2	QM2/Q4	$W_1\hat{\sigma}_e^{2'} + W_1r\hat{\sigma}_s^{2'} + W_2r\hat{\sigma}_g^{2'}$
Prog./Genót./Cad.	$\Sigma(I_k-1)$	QM3	QM3/Q4	$\hat{\sigma}_e^{2'} + r\hat{\sigma}_s^{2'} + r\hat{\sigma}_g^{2'}$
Resíduo médio	$\Sigma(I_k-1)(r-1)$	QM4		$\sigma_e^{2'}$

*I : número de genótipos da cadeia ($I = 1, 2, \dots, I$), aleatório; K : número de cadeias ($k = 1, 2, \dots, K$), fixo; I : número de tratamentos ($i = 1, 2, \dots, I$), aleatório; r : número de repetições ($r = 1, 2, \dots, r$; aleatório).

** $W_1 : (\bar{I}-2)/(\bar{I}-1)$; $W_2 : (3\bar{I} - 8)/(\bar{I}-1)$, sendo $\bar{I}$ a média dos genótipos das cadeias; $\hat{\sigma}_e^2$ e $\hat{\sigma}_e^{2'}$: variância ambiental entre parcelas, respectivamente para as análises individual e agrupada; $\hat{\sigma}_s^2$ e $\hat{\sigma}_s^{2'}$: variância para capacidade específica = $(\text{Cov}_{IG} - 2\text{Cov}_{MI}) = 1/4\hat{\sigma}_D^2$, para $F = 0$ e ausência de epistase, respectivamente para as análises individual e agrupada; $\hat{\sigma}_g^2$ e $\hat{\sigma}_g^{2'}$ = variância para capacidade geral = $\text{Cov}_{MI} = 1/4\hat{\sigma}_A^2$ para $F = 0$ e ausência de epistase, respectivamente para as análises individual e agrupada.

Tabela 10. Esquema da análise de variância das tabelas dialélicas.

F.V.	GL	SQ	QM
Tratamentos*	$[n(n+1)/2]-1$	$S1=\beta'X'Y_{(4)} - C$	QM1
Variedades	$n-1$	$S2=\beta'X'Y_{(1)} - C$	QM2
Heteroses (H)	$n(n-1)/2$	$S3=\beta'X'Y_{(4)} - \beta'X'Y_{(1)}$	QM3
H. média	1	$S4=\beta'X'Y_{(2)} - \beta'X'Y_{(1)}$	QM4
H. de Variedade	$n-1$	$S5=\beta'X'Y_{(3)} - \beta'X'Y_{(2)}$	QM5
H. específica	$n(n-3)/2$	$S6=\beta'X'Y_{(4)} - \beta'X'Y_{(3)}$	QM6
Resíduo médio**	f	SQ resíduo	QM7

* Sob a denominação de tratamentos são consideradas as populações parentais e os híbridos entre elas. Sob a denominação de variedades são incluídas apenas as populações parentais.

**Obtido da análise conjunta, com QM dividido pelo número de repetições.

Fonte : CRUZ & REGAZZI, 1994.

$$Y_{jj'} = m + \frac{1}{2}(v_j + v_{j'}) + \theta(\bar{h}_m + h_j + h_{j'} + s_{jj'}) + \bar{e}_{jj'}$$

Em que : $Y_{jj'}$ = valor médio observado em um progenitor ($j=j'$) ou em uma combinação híbrida ($j \neq j'$).

O modelo pressupõe que a heterose não é a mesma em todos os cruzamentos varietais, onde cada variedade tem um efeito heterótico próprio resultante da heterose específica de cada cruzamento.

Para obtenção das somas de quadrados pelo modelo completo, utilizou-se as fórmulas apresentadas por GARDNER (1967) envolvendo n parentais e todos os cruzamentos possíveis.

Em complementação à análise da tabela dialélica, obteve-se a soma de quadrado da capacidade geral de combinação (CGC) pelo método 4, modelo I de GRIFFING (1956b), segundo orientação de VENCovsky & BARRIGA (1992). A soma de quadrado (SQ) da CGC foi obtida pela seguinte expressão :

$$SQ(CGC) = 1/(n-2) \sum_j Y_{.j}^2 - 4/(n(n-1)) Y^2..$$

sendo :

n = número variedades

$Y_{.j}$ = soma das médias dos cruzamentos em que participa a variedade j ;

$Y.. = Y_v + Y_g$ = soma geral das médias da tabela dialélica.

O quadro da ANOVA conjunta dos experimentos incluindo a análise da tabela dialélica e CGC, está esquematizado na tabela 11.

As estimativas dos parâmetros no modelo completo foram obtidos pelas seguintes fórmulas:

$$\hat{\mu} = Y_v/n = \bar{Y}_v$$

$$\hat{v}_j = Y_{jj} - \bar{Y}_v$$

$$\hat{h}_{jj'} = Y_{jj'} - 1/2(Y_{jj} + Y_{j'j'}) = \hat{h}_a + \hat{h}_j + \hat{h}_{j'} + \hat{s}_{jj'}.$$

para subdividir $\hat{h}_{jj'}$:

$$\hat{h}_a = \frac{2}{n(n-1)} \sum_{j < j'} Y_{jj'} - \frac{1}{n} \sum_{j=1}^n Y_{jj} = \bar{Y}_h - \bar{Y}_v$$

$$\hat{h}_j = \frac{n-1}{n-2} (\bar{Y}_h - \bar{Y}_h) - \frac{1}{2} (Y_{jj} - \bar{Y}_v)$$

$$\hat{s}_{jj'} = Y_{jj'} + \frac{n}{n-2} \bar{Y}_h - \frac{n-1}{n-2} (\bar{Y}_{h.} + \bar{Y}_{h.}'))$$

sendo :

Y_v = soma das médias das variedades;

$\bar{Y}_v$ = média das variedades;

Y_h = soma das médias dos cruzamentos.

$\bar{Y}_h$ = média dos cruzamentos;

$Y_{h.}$ = soma das média dos cruzamentos que participa a variedade j;

$\bar{Y}_{h.}$ = média dos cruzamentos que participa a variedade j;

$\bar{Y}_h$ = média de todos os cruzamentos;

$\hat{u}$ = estimativa da média das variedades ($\bar{Y}_v$);

$\hat{v}_j$ = estimativa do efeito de variedade;

$\hat{h}_{jj'}$ = estimativa do efeito de heterose;

$\hat{h}_m$ = estimativa da heterose média;

$\hat{h}_j$ e $h_{j.}$ = estimativa da heterose de variedade;

$\hat{s}_{jj'}$ = estimativa da heterose específica.

Os efeitos das estimativas dos parâmetros da capacidade geral de combinação (CGC) nos termos do modelo completo dos cruzamentos dialélicos, segundo VENCOVSKY & BARRIGA(1992) é dada pela expressão : $\hat{g}_j = 1/2 \hat{v}_j + \hat{h}_j$. Esses valores podem ser obtidos na análise utilizando o mesmo método de análise para obtenção da SQ(CGC).

Um outro parâmetro de importância para o melhoramento é o conhecimento da correlação entre as médias dos híbridos e as médias das respectivas variedades parentais. Essa relação permite avaliar o quanto das médias dos híbridos depende das médias das variedades parentais, ou inversamente, o quanto que a heterose contribui para as médias dos híbridos.

Tabela 11. Esquema de análise de variância conjunta dos experimentos incluindo a análise da tabela dialélica.

Fonte de Variação	G.L.*	QM	F
Locais(L)	K-1	QM1	QM1/QM16
Blocos/L	K(J-1)	QM2	QM2/QM16
Tratamentos(T)	I-1	QM3	QM3/QM16
Variedades(V)	n-1	QM4	QM4/QM16
Heteroses(h_{jj})	$n(n-1)/2$	QM5	QM5/QM16
H. média (h_m)	1	QM6	QM6/QM16
H. variedade(h_j)	n-1	QM7	QM7/QM16
H. específica(h_{jj})	$n(n-3)/2$	QM8	QM8/QM16
L x T	(I-1)(K-1)	QM9	QM9/QM16
(V x L)	(n-1)(K-1)	QM10	QM10/QM16
(h_{jj} x L)	$[n(n-1)/2](K-1)$	QM11	QM11/QM16
(h_m x L)	(K-1)	QM12	QM12/QM16
(h_j x L)	(n-1)(K-1)	QM13	QM13/QM16
(s_{jj} x L)	$[n(n-3)/2](K-1)$	QM14	QM14/QM16
CGC	n-1	QM15	QM15/QM16
Resíduo	K(I-1)(J-1)	QM16	

* I = número de tratamentos ($i = 1, 2, \dots, I$; fixo); J = número de repetições ($j = 1, 2, \dots, J$; aleatório); K = número de locais ($k = 1, 2, \dots, K$; fixo); n = número de variedades.

O coeficiente de correlação entre médias dos híbridos e a média das respectivas variedades parentais no modelo de GARDNER & EBERHART (1966), expressas em função das variâncias e covariâncias, é dada pela seguinte expressão, reportada por

MIRANDA FILHO (1974):

$$\hat{r} = \frac{1/2 \hat{\sigma}_{Vj}^2 + C\hat{o}v_{VE}}{\sqrt{1/2 \hat{\sigma}_{Vj}^2 + 2 \hat{\sigma}_{Hj}^2 + 2 C\hat{o}v_{VE} + [n(n-3)] / [n(n-1) - 2] \hat{\sigma}_s^2}}$$

sendo:

n = número de variedades parentais;

$\hat{\sigma}_{Vj}^2$ = variância dos efeitos de variedades;

$\hat{\sigma}_{Hj}^2$ = variância dos efeitos de heterose de variedade;

$\hat{\sigma}_s^2$ = variância dos efeitos de heterose específica;

$C\hat{o}v_{VE}$ = covariância entre os efeitos de variedade e de heterose;

Nesta expressão, segundo MIRANDA FILHO (1974), o valor de $\hat{r}$ repende em grande parte da magnitude de $\hat{\sigma}_{Vj}^2$ e relativamente aos outros componentes, cujas expressões estão relacionadas com as diferenças dos efeitos heteróticos. Se estes não diferenciarem entre si (heterose nula ou constante em todos os híbridos), o coeficiente r tende para seu valor máximo, ou

seja: $\lim_{\hat{\sigma}_{Hj}^2 \rightarrow 0} \hat{r} = 1.$

3.2.5. Predição de médias de compostos

Para predição de médias de compostos balanceados foi utilizada a expressão geral de predição, apresentada por Vencovsky¹, citado por MIRANDA FILHO (1974):

¹2\VENCOVSKY, R. Processo geral para estimar a média de um carater quantitativo numa população obtida por cruzamento. Mimeografado. Trabalho apresentado na XXIV Reunião da SBPC (São Paulo, 1972).

$$Y_{co}^r = (f_i P_i) (f_j P_j), \text{ onde}$$

Y_{co}^r = média predita do composto obtido por recombinação através de cruzamento ao acaso dos híbridos intervarietais;

f_i ou f_j : proporção com que a variedade i ou j participa na formação do composto;

P_i ou P_j : representa cada variedade parental.

No desenvolvimento do produto, os termos $P_i P_i$ (ou $P_j P_j$) são substituídos pelas respectivas médias das variedades parentais (P_i ou P_j) e os produtos são substituídos pelas médias dos respectivos híbridos C_{ij} , de modo que:

$$Y_{co}^r = \sum_j f_j^2 P_j + 2 \sum_{j < i} f_j f_i C_{ij},$$

Segundo VENCOVSKY (1970) esta expressão é aplicável para estimação de médias de compostos a partir das médias observadas em cruzamento dialélico.

3.2.6. Componentes da variância interpopulacional e estimativas de parâmetros

3.2.6.1. Irmãos germanos

As estimativas das variâncias genéticas e ambientais interpopulacionais foram obtidas ao nível de totais de parcela para produção de grãos (PG); ao nível de médias para índice de espiga (IE), capacidade de expansão (CE), peso seco de seis pendões (PS6P) e peso de 100 grãos (P100G); ao nível de plantas para altura da planta (AP) e da espiga (AE), número de ramificações do pendão (NRP), comprimento (CoE), diâmetro (DE) e número de fileiras da espiga (NF).

As estimativas obtidas ao nível de totais de parcela ou de plantas, foram de acordo com as esperanças de qua-

drado médio (QM), conforme os esquemas apresentados respectivamente nas Tabelas 7 e 8, para as análises combinadas dos experimentos.

De acordo com as esperanças de QM, foram obtidas as estimativas da variância genética entre progênies ($\hat{\sigma}_{p(12)}^2$), da variância do erro ambiental entre parcelas ($\hat{\sigma}_{e(12)}^2$) e do erro ambiental entre plantas dentro de parcela ($\hat{\sigma}_{d(12)}^2$).

As estimativas das variâncias genéticas aditivas interpopulacionais ($\hat{\sigma}_{A(12)}^2$, ou $\hat{\sigma}_{A(21)}^2$), variância fenotípica entre médias de parcelas ($\hat{\sigma}_{Pm(12)}^2$, ou $\hat{\sigma}_{Pm(21)}^2$), do coeficiente de herdabilidade interpopulacional no sentido restrito, ao nível de médias ($\hat{h}_{u12}^2$, ou $\hat{h}_{u21}^2$), foram obtidas através das seguintes equações:

$$\hat{\sigma}_{A(12)}^2 \text{ ou } \hat{\sigma}_{A(21)}^2 = 2\hat{\sigma}_{p(12)}^2 \text{ se considerarmos } \hat{\sigma}_{D(12)}^2 = 0 \text{ e}$$

$$\hat{\sigma}_{A(12)}^2 = 4/3\hat{\sigma}_{p(12)}^2 \text{ se considerarmos } \hat{\sigma}_{D(12)}^2 = \hat{\sigma}_{A(12)}^2;$$

$$\hat{\sigma}_{e(12)}^2 = \text{QM5 (análise com totais);}$$

$$\hat{\sigma}_{d(12)}^2 = (\text{QM6-QM7})/q \text{ (análise com q plantas por parcela);}$$

$$\hat{\sigma}_{d(12)}^2 = \text{QM7;}$$

$$\hat{\sigma}_{Pm(12)}^2 = \text{QM4}/r \text{ (análise com totais) ou}$$

$$\hat{\sigma}_{Pm(12)}^2 = \text{QM5}/qr \text{ (análise com q plantas);}$$

$\hat{h}_{u(12)}^2 = \hat{\sigma}_{p(12)}^2 / \hat{\sigma}_{Pm(12)}^2$, esta expressão é válida para a herdabilidade no sentido restrito ao nível de média de progênies, somente para o caso de se considerar $\hat{\sigma}_{D(12)}^2 = 0$.

Para o caso de $\hat{\sigma}_{D(12)}^2 = \hat{\sigma}_{A(12)}^2$, a expressão da herdabilidade é a seguinte :

$$\hat{h}_{u(12)}^2 = (4/3) (\hat{\sigma}_{p(12)}^2 / \hat{\sigma}_{Pm(12)}^2)$$

O coeficiente de variação genético (CVg), foi obtido pela seguinte expressão :

$$\hat{CVg}_{(12)} = (\hat{\sigma}_{p(12)} / \bar{X}_{(12)}) \times 100 ,$$

sendo:

$\hat{\sigma}_{p(12)}$ = desvio da variância genética entre progênies ao nível de plantas da população (12) ou (21),

$\bar{X}_{(12)}$ = média do caráter ao nível de plantas na população (12) ou (21).

3.2.6.2 Irmãos germanos obtidos por cruzamentos em cadeia.

A análise de variância segundo o esquema de cruzamentos em cadeia, com finalidade de estimação dos componentes da variância genética, seguiu a orientação de MIRANDA FILHO (1982). Utilizaram-se esperanças de quadrados médios adaptadas por BENITEZ TORRES (1986), para os casos do número de genótipos (I) por cadeia serem pequenos. Para o delineamento em blocos casualizados com repetições, a análise da variância para cruzamentos em cadeia aberta seguiu o esquema apresentado na Tabela 9.

Deste modo, obteve-se as seguintes estimativas:

$$\hat{\sigma}_g^2 = \frac{Q_1 - W_1 Q_2}{I(W_2 - W_1)}$$

$$\hat{\sigma}_s^2 = \frac{1}{I(W_2 - W_1)} [W_2 Q_2 - Q_1 - (W_2 - W_1) Q_3]$$

$$\hat{\sigma}_e^2 = Q^3$$

$$\hat{\sigma}_A^2 = 4 \hat{\sigma}_g^2$$

$$\hat{\sigma}_D^2 = 4 \hat{\sigma}_s^2$$

3.2.7. Análise da covariância e estimativas de parâmetros de covariâncias

Para as estimativas de correlações entre peso de grãos e capacidade de expansão com os demais caracteres foram efetuadas análises individuais e da soma de pares de caracteres, dos ensaios de progênies interpopulacionais de irmãos germanos em Campinas, de modo que a covariância foi obtida pela expressão (KEMPTHORNE, 1966):

$$PM_{xy} = 1/2(QM(x+y) - QM_x - QM_y)$$

Os produtos médios entre os caracteres foram obtidos a partir do quadrado médio da soma dos caracteres e dos quadrados médios individuais de cada caráter, como mostra o modelo seguinte, para cada fonte de covariância:

F. V.	QM			PM _{xy}
	X	Y	Z	
Progênies	QM _{px}	QM _{py}	QM _{pz}	PM _{pxy} = ½(QM _{pz} - QM _{px} - QM _{py})
E. comb.	QM _{ex}	QM _{ey}	QM _{ez}	PM _{mexy} = ½(QM _{ez} - QM _{ex} - QM _{ey})

sendo

X e Y = caracteres em estudo;

Z = X + Y;

QM_p, QM_e = quadrados médios entre progênies e do erro entre parcelas, respectivamente;

PM_p, PM_e = produtos médios entre progênies e do erro entre parcelas, respectivamente.

As esperanças matemáticas para produtos médios,

referentes a cada fonte de variação ao nível de médias de parcelas, para interpopulação, são representadas da seguinte forma:

F. variação	GL	PM	E (PM)
(população (12))			
Prog/exp.	GL1	PM1	$\hat{C}ov_{e(12)} + r\hat{C}ov_{p(12)}$
Erro médio	GL2	PM2	$\hat{C}ov_{e(12)}$

As estimativas das covariâncias genéticas e fenotípicas, ao nível de médias de parcela, entre os caracteres em estudo foram obtidas a partir dos produtos médios das análises combinadas, através das seguintes equações:

$$\hat{C}ov_{e(12)} = PM2;$$

$$\hat{C}ov_{p(12)} = (PM1 - PM2)/r,$$

$$\hat{C}ov_{f(12)} = \hat{C}ov_{p(12)} + (\hat{C}ov_{e(12)}/r) = PM1/r$$

sendo,

$\hat{C}ov_{e(12)}$ = estimativa da covariância do erro ambiental entre parcelas da população (12) ou (21);

$\hat{C}ov_{p(12)}$ = estimativa da covariância genética entre progênes da população (12) ou (21);

$\hat{C}ov_{f(12)}$ = estimativa da covariância fenotípica entre médias de progênes da população (12) ou (21);

r = número de repetições.

3.2.8. Estimativas de correlações genéticas e ambientais

As correlações genéticas, fenotípicas e ambientais

entre os caracteres foram estimadas de acordo com os procedimentos relatados por FALCONER (1960) E KEMPTHORNE (1966), e adaptadas para a interpopulação, como segue :

$$\hat{r}_{G(12)}(X,Y) = \text{C}\hat{o}v_{P(12)X,Y} / (\hat{\sigma}_{P(12)X} \times \hat{\sigma}_{P(12)Y})$$

$$\hat{r}_{F(12)}(X,Y) = \text{C}\hat{o}v_{F(12)X,Y} / (\hat{\sigma}_{F(12)X} \times \hat{\sigma}_{F(12)Y})$$

$$\hat{r}_{E(12)}(X,Y) = \text{C}\hat{o}v_{E(12)X,Y} / (\hat{\sigma}_{E(12)X} \times \hat{\sigma}_{E(12)Y})$$

sendo,

$\hat{r}_{G(12)}(X,Y)$ = estimativa do coeficiente de correlação genética entre os caracteres X e Y na interpopulação (1x2);

$\hat{r}_{F(12)}(X,Y)$ = estimativa do coeficiente de correlação fenotípica entre os caracteres X e Y na interpopulação (1x2); e

$\hat{r}_{E(12)}(X,Y)$ = estimativa do coeficiente de correlação ambiental entre os caracteres X e Y na interpopulação (1x2).

3.2.9. Erros de estimativas de parâmetros genéticos

3.2.9.1. Cruzamento dialélico

O erro das estimativas dos parâmetros obtidos nos cruzamentos dialélicos segundo o modelo de GARDNER & EBERHART(1966), foi obtido conforme as indicações descritas por VENCOVSKY(1969, 1970) e VENCOVSKY & BARRIGA (1992).

Sendo, $\text{Var.}(\hat{u}) = \hat{\sigma}^2/n$;

$\text{Var.}(\hat{v}_j) = (n-1/n) \hat{\sigma}^2$;

$\text{Var.}(\hat{h}_{jj'}) = 3/2 (\hat{\sigma}^2)$;

$\text{Var.}(\hat{h}_m) = [n+1/n(n-1)] \hat{\sigma}^2$;

$\text{Var.}(\hat{h}_j) = [(n-1)(n+2)/4n(n-2)] \hat{\sigma}^2$;

$\text{Var.}(\hat{s}_{jj'}) = [n-3/n-1] \hat{\sigma}^2$;

onde,

$\hat{u}$ = estimativa da média geral dos genitores;

$\hat{v}_j$ = estimativa do efeito da variedade ou genitor j;

$\hat{h}_{jj'}$ = estimativa da heterose do cruzamento jj';

$\hat{h}_a$ = média de todas as heteroses;

$\hat{h}_j$ = desvio de heterose conferido pelo genitor j a todos os cruzamento em esta participa;

$\hat{s}_{jj'}$ = desvio de heterose específica do cruzamento ou capacidade específica de combinação própria do cruzamento jj'.

$\hat{\sigma}^2$ = variância residual ao nível de médias (QM residual/r), em experimentos com r repetições;

n = número de variedades parentais.

3.2.9.2 Progênie de irmãos germanos

As estimativas de parâmetros, obtidas de dados experimentais, são variáveis aleatórias, tendo portanto um erro a elas inerentes (VENCOVSKY & BARRIGA, 1992). Em ensaios de progênie, avaliadas em diferentes repetições e com várias plantas por parcela, temos que os erros das estimativas para as variâncias são dados pelas seguintes expressões descritas por VELLO & VENCOVSKY, 1978; GERALDI, 1977 e por VENCOVSKY & BARRIGA, 1992:

$$Var.(\hat{\sigma}_p^2) = \frac{2}{k^2 r^2} \left[\frac{QM^2_1}{n_1+2} + \frac{QM^2_2}{n_2+2} \right]$$

$$Var.(\hat{\sigma}_e^2) = \frac{2}{k^2} \left[\frac{QM^2_2}{n_2+2} + \frac{QM^2_3}{n_2+2} \right]$$

$$Var.(\hat{\sigma}_d^2) = \frac{2QM^2_3}{n_2+2}$$

sendo,

r = número de repetições;

k = número de plantas por parcela;

QM1, QM2, QM3 = quadrados médios relativos às fontes de variação de progênie, do resíduo e da componente dentro de progênie, respectivamente;

n_1, n_2, n_3 = número de graus de liberdade de QM1, QM2 e QM3, respectivamente.

O erro da estimativa do coeficiente de herdabilidade ao nível de médias para seleção entre progênies é dado por:

$$Var.(\hat{h}_m^2) = 2(1-\hat{h}_m^2)^2 \left[\frac{1}{n_1+2} + \frac{1}{n_2+2} \right]$$

Segundo VENCOVSKY & BARRIGA (1992), a verificação da significância do coeficiente de correlação estimado a partir de componentes de variância, não deve seguir os mesmos procedimentos utilizados para coeficiente de correlação fenotípica calculado diretamente de um conjunto de n pares de dados. Os autores indicam que o teste t adequado para verificação da significância da correlação genética (r_g) é dado pela expressão:

$$t = \frac{\hat{r}_g}{\sqrt{Var(\hat{r}_g)}}$$

com aproximadamente $n-2 = g_1-1$ graus de liberdade, sendo, n o número de tratamentos genéticos avaliados. A variância de r_g sob hipótese da nulidade, obtida pela expressão:

$$Var(\hat{r}_g) = \frac{1}{g_1 b_2 t_1 t_2} [1 + (b-1) t_1] [1 + (b-2) t_2 + \hat{r}_f^2] + \frac{1}{g_2 b_2 t_1 t_2} [(1-t_1)(1-t_2) + \hat{r}_f^2]$$

sendo :

g_1, g_2 = número de graus de liberdade relativos a tratamentos e resíduos, respectivamente;

b = número de repetições do ensaio;

$$t_1 = \frac{\hat{\sigma}_{px}^2}{\hat{\sigma}_{px}^2 + \hat{\sigma}_{ex}^2}$$

$$t_2 = \frac{\hat{\sigma}_{py}^2}{\hat{\sigma}_{py}^2 + \hat{\sigma}_{ey}^2}$$

$$r_f = \frac{Cov_{pxy} + Cov_{exy}}{\sqrt{(\hat{\sigma}_{px}^2 + \hat{\sigma}_{ex}^2)(\hat{\sigma}_{py}^2 + \hat{\sigma}_{ey}^2)}}$$

3.2.9.3. Progenies de irmãos germanos obtidos por cruzamentos em cadeia

Os desvios padrão das estimativas dos componentes de variância do modelo hierárquico de cruzamento em cadeia, foram obtidos utilizando-se as fórmulas desenvolvidas por BENITEZ TORRES (1986) com base na metodologia apresentada por VELLO & VENCovsky (1978):

$$V(\hat{\sigma}_G^2) = \left[\frac{1}{W^2 - W^1} \right]^2 [V(QM_1) + W^2 V(QM_2) - 2W^1 Cov(QM_1, QM_2)]$$

$$V(\hat{\sigma}_S^2) = \left[\frac{1}{W_2 - W_1} \right]^2 [W_2 V(QM_2) + V(QM_1) + (W_2 - W_1)^2 V(QM_3) - 2W_2 Cov(QM_3, QM_4)],$$

sendo:

$\hat{\sigma}_g^2$ = variância para capacidade geral,

$\hat{\sigma}_s^2$ = variância para capacidade específica,

$$W_1 = (\bar{I}-2)/(\bar{I}-1),$$

$$W_2 = (3\bar{I}-8)/(\bar{I}-1),$$

sendo $\bar{I}$ = número médio de genótipos; QM1, QM2 e QM3, respectivamente quadrados médios entre genótipos dentro de cadeias, de progênies dentro de genótipos e cadeias, e do erro médio entre parcelas ao nível de médias; os símbolos V e Cov se referem a variâncias e covariâncias, respectivamente.

A Cov(QM3, QM4) não é nula porque os quadrados médios QM3 e QM4 não têm distribuição independente. Como as covariâncias não são estimáveis a partir dos quadrados médios, as estimativas de $V(\hat{\sigma}_g^2)$ e $V(\hat{\sigma}_e^2)$ foram calculadas ignorando-se os componentes devido a covariância. Este critério foi descrito por BENITEZ TORRES (1986), ficando a expressão das variância simplificadas do seguinte modo:

$$V(\hat{\sigma}_g^2) = \frac{2}{(W_2 - W_1)^2} \left[\frac{QM^2_1}{GL1+2} + \frac{QM^2_2}{GL2+2} \right]$$

$$V(\hat{\sigma}_e^2) = \frac{2}{(W_2 - W_1)^2} \left[\frac{(W_2 QM_2)^2}{GL2+2} + \frac{QM^2_1}{GL1+2} + \frac{(W_2 - W_1)^2 QM^2_3}{GL3+2} \right]$$

4. RESULTADOS E DISCUSSÃO

4.1 Análise geral dos ensaios

4.1.1. Cruzamentos dialélicos

As condições climáticas que ocorreram nos ensaios foram favoráveis à cultura apenas nos ensaios de Campinas e Pariqueira-Açu (Tabela 12). Nos outros locais houve incidência de períodos de baixa precipitação, que ocorreu em toda fase inicial da cultura em Manduri e durante o florescimento em Mococa e Ribeirão Preto

O intervalo de variação dos coeficientes de variação (CV) nos ensaios foram de: 10,23% a 22,00% para peso de grãos (PG); 4,63% a 5,79% para capacidade de expansão (CE); 7,71% a 21,03% para índice de espigas (IE); 22,16% a 28,05% para porcentagem de espigas doentes (%ED); 12,45% a 20,83% para notas de *Exserohilum turcicum* (NEt). Para altura da planta (AP), altura da espiga (AE), espessura do pericarpo na coroa (EPC) e posição abgerminal (EPA) do grão, os CV's foram respectivamente de 5,62%, 11,17%, 14,67% e 19,49% (Tabelas 14 a 19). Valores acima de 20% do coeficiente de variação, ocorreram para PG e IE no ensaio de Manduri, como consequência do estresse hídrico e manchas de fertilidade do solo. Para %ED os CV's foram altos, mas estão dentro dos limites aceitáveis, considerando que a ocorrência de fungos nos grãos depende de vários fatores cuja incidência não é uniforme. O mesmo aconteceu para

o CV da NEt em Campinas, onde a severidade da doenças foi baixa e com muita variação entre plantas e entre parcelas.

Os quadrados médios (QM's) residuais dos experimentos agrupados para análise da variância nas Tabelas 14 a 19, foram homogêneos para todos os caracteres, exceto para IE, onde a relação entre o maior e o menor QM residual foi de 5,3. BOX (1954) considera que as variâncias residuais são homogêneas quando a relação entre a maior e a menor não for superior a três, para experimentos de tratamentos com mesmo número de repetições. PIMENTEL GOMES (1990) demonstra que essa relação pode ser até sete, para que a análise da variância (ANOVA) e os testes correlatos possam ser efetuados sem prejuízos sérios. Em vista disso, considerou-se como homogêneos os QM's residuais para IE.

A correção dos dados de PG para o estande médio dos ensaios, foi a mais adequada, em vista da grande diferença observada nas médias da população de plantas entre os locais.

A análise conjunta dos ensaios mostrou efeitos significativos para locais (L), tratamentos (T) e para interação (LxT), para os caracteres: PG, IE, CE, %ED e NEt. O fato dos locais serem bem distintos, representando diferentes regiões do Estado de São Paulo, contribuiu para a significância da interação (Tabelas 21 a 23).

Para os caracteres: AP, AE, EPC, e EPA, avaliados em apenas um experimento, os efeitos de tratamentos foram significativos em todos eles (Tabelas 24).

4.1.2. Progênies de irmãos germanos

As condições climáticas que ocorreram nos ensaios em Campinas (Tabela 13) foram favoráveis até a fase inicial do florescimento, tendo a partir desta fase até a granação, sofrido estresse hídrico. A média geral dos ensaios para PG de

1,51 kg/4 m², equivalendo a 3.775 kg/ha, foi menor que as médias obtidas nos ensaios de dialélico em 83/84 em Campinas e dos ensaios de IG em Mococa, respectivamente de 4.427 kg/ha e 4.184 kg/ha.

O intervalo de variação dos CV's dos ensaios (Tabelas 36 a 38) foram de 15,78% a 16,84% para PG, 16,92% a 19,82% para IE, 8,00% a 10,40% para CE, 5,22% a 5,62% para peso de 100 grãos (P100G), 11,67% a 13,56% para peso seco de seis pendões (PS6P), 4,12% a 4,46% para AP, 5,86% a 6,24% para AE, 9,09% a 12,11% para número de ramificações do pendão (NRP), 2,43% a 2,78% para diâmetro da espiga (DE), 3,82% a 5,13% para comprimento da espiga (CoE), e 4,44% a 5,53% para número de fileiras da espiga (NF). De modo geral, os valores obtidos indicam que houve boa precisão experimental na coleta dos dados para todos os caracteres avaliados nos ensaios, estando dentro de limites aceitáveis para experimentação de campo. Os QM's residuais dos experimentos agrupados para análise foram homogêneos para todos os caracteres estudados.

4.1.3. Progenies de irmãos germanos em cadeia

As condições climáticas que ocorreram em Mococa foram semelhantes as que ocorreram nos ensaios de IG de Campinas (Tabela 13). Pelo fato do ensaio ter sido instalados mais cedo, o veranico ocorreu na fase final de granação, causando menor prejuízo na produção.

O intervalo de variação dos CV's dos ensaios (Tabela 47) foi de : 14,36% a 21,44% para PG e de 6,62% a 11,61% para CE, estando dentro dos limites aceitáveis para experimentação de campo. O fato dos experimentos terem sido instalados no campo constituindo blocos grandes, onde se colocou aleatoriamente uma repetição de cada ensaio, contribuiu para aumento dos CV's, devido a variação do terreno e maior interação de

progênes com blocos. Esta disposição dos ensaios tem a vantagem de permitir uma melhor avaliação entre cadeias ou experimentos. O resultado da análise combinada das 10 cadeias (Tabela 48), mostrou diferenças entre elas, provavelmente devido às diferenças no número de progênes entre cadeias, que variaram de 14 a 45. E também devido a variação de fertilidade do solo dentro dos blocos da área experimental.

Outros fatores que também contribuíram para o aumento do erro experimental foram a falta de bordaduras nas parcelas laterais dos experimentos e acamamento das plantas provocados por ventos e ataque de *Diabrotica* spp. nas raízes.

4.2. Médias das populações e dos cruzamentos intervarietais

As médias obtidas para peso de grãos, na Tabela 20, são comparáveis às obtidas por FANTIN *et al.* (1991). As médias obtidas para PG, AP e AE, são geralmente menores que as de milho comum. Enquanto que para %ED e NEt, as médias são maiores pelo fato do milho pipoca apresentar maior suscetibilidade a podridão de espigas e ao *E. turcicum* que os cultivares de milho. A severidade de doença que ocorreu nos ensaios foi alta, obtendo-se médias de notas semelhantes as obtidas por SOARES *et al.* (1993) com inoculação artificial.

As médias da espessura do pericarpo, em comparação aos dados obtidos por SAWAZAKI *et al.* (1990) em cultivares de milho verde, apresentaram um intervalo de variação maior na espessura da coroa, enquanto que para posição abgerminal, todas as variedades de milho pipoca apresentaram maior espessura em relação ao milho.

Em relação ao grupo de variedades, destacou-se a Guarani (V6), apresentando as maiores médias para PG, IE, AP e AE; e as menores para CE, %ED, NEt, EPC e EPA. Esta variedade tem muitos caracteres desejáveis como a alta produtividade,

prolificidade, resistência a *E. turcicum*, pericarpo fino e espigas sadias por serem bem empalhadas. Entretanto, tem muitos caracteres indesejáveis, como a baixa qualidade da pipoca, plantas muitas altas e com inserção da espiga no terço superior [(AE/ AP) = 0,65].

Outras variedades que se destacaram foram a Pirapoca Amarela para qualidade da pipoca (CE) e suscetibilidade a *E. turcicum*; e Americano para menor porte da planta e maior espessura do pericarpo na posição abgerminal (EPA).

A alta heterose observada para PG é consequência da grande divergência genética da variedade Guaraní em relação às outras. Este fato se deve a sua origem indígena, enquanto que as demais, pela semelhança aos híbridos americanos, quanto ao tipo e cor dos grãos, porte e precocidade das plantas, suscetibilidade às doenças e melhor qualidade da pipoca, provavelmente são originadas de germoplasma americano.

Os híbridos intervarietais (HI's) apresentaram médias superiores às variedades apenas para os caracteres: PG, CE, AP e AE. Para os outros caracteres, o intervalo de variação dos HI's foi a mesma das variedades.

4.3. Médias da população de irmãos germanos

Na Tabela 39, estão resumidas as médias dos caracteres avaliados na interpopulação de progênes de irmãos germanos entre SAM e IAC 64, avaliadas em Campinas e Mococa.

As produtividades médias de 1,51 kg/4m² e 1,03 kg/4m² de grãos de milho pipoca, obtidas respectivamente para as progênes de IG e média das testemunhas (SAM e IAC 64) em Campinas, correspondem respectivamente a 3.775 kg/ha e 2.550 kg/ha, com uma heterose de 47,6%. Em Mococa, a média ao nível de parcela foi semelhante, mas como foi utilizada parcela de área menor, a produtividade foi respectivamente de 4.194 kg/ha

e 2.861 kg/ha para progênies de IG e média das testemunhas, com uma heterose de 46,6%.

Dados de produção obtidos por FANTIN *et al.* (1991), com as populações SAM, Guarani, IAC 64 e o híbrido intervarietal SAM x Guarani, foram respectivamente de 2.396 kg/ha, 4.590 kg/ha, 4.336 kg/ha e 5.804 kg/ha. Estas médias foram superiores às obtidas nos ensaios de IG, que sofreram estresse hídrico. Nestes dados observa-se que as variedades Guarani e IAC 64 apresentaram maior produtividade do que a SAM. A heterose do híbrido SAM x Guarani foi de 66,2% em relação à média dos pais, sendo um pouco superior a heterose obtida nos cruzamentos de SAM x IAC 64.

Em comparação a produtividade média de 3.700 kg/ha, obtida nos Estados Unidos em 1990 (ZIEGLER & ASHMAN, 1994), onde predomina o uso de cultivares híbridos, a produtividade média das progênies de IG de 3.775 kg/ha está no mesmo nível dos híbridos de linhagens, sendo que o híbrido intervarietal (HI) mais produtivo chegou a 5.000 kg/ha.

A altura média da planta e da espiga nas progênies de IG, respectivamente de 199 cm e 122 cm, foram superiores às variedades parentais, apresentando um porte médio em relação aos cultivares de milho. A maioria das variedades de milho pipoca de valor comercial é originada de híbridos americanos, tendo porte bem mais reduzido que as variedades locais. A variedade Santa Rosa, obtida a partir de materiais americanos, é um exemplo desse tipo de cultivar. Nos dados de progênies de irmãos germanos desta variedade, reportados por REGITANO NETO (1993), obteve-se médias de 162 cm para AP e 84 cm para AE. Porte de planta menor também foi obtido por LIRA (1983) em uma população de Lavras, respectivamente de 167 cm e 86 cm para AP e AE.

Para caracteres da espiga, as médias obtidas para DE e CoE, não diferem das médias obtidas por REGITANO NETO

(1993) de respectivamente: 3,17 cm e 16,46 cm.

As médias obtidas da interpopulação SAM x IAC 64 para para PG, CE, P100G, DE e IE, foram superiores às médias de uma população de milho pipoca de Lavras, cujas médias reportadas por LIRA (1983) foram respectivamente de: 2.475 kg/ha, 18,8, 12,71 g, 1,73 cm e 1,09 espiga/planta.

A média do NRP de 28,0 ramificações/pendão da interpopulação de milho pipoca, ocupa uma posição intermediária em relação aos valores reportados por PATERNIANI (1981), obtidos de populações de diversos países, cujos valores variaram de 17,6 a 42,0 ramificações/pendão.

Os caracteres que apresentaram maior heterose média foram PG (47,6%), AE (11,7%), AP (7,7%), CoE (7,4%), IE (6,0%), P100G (4,4%) e DE (3,7%). Outros caracteres como a CE e PS6P, apresentaram heterose negativa, ou seja, as médias dos híbridos foram inferiores às médias das variedades. Os caracteres da espiga, NF, CoE e DE, apresentaram baixa $\hat{H}_L$, concordando com dados obtidos por IDE et al. (1980) em um dialélico de populações de milho braquítico. Em comparação aos dados de heterose média obtidos nos cruzamentos dialélicos (Tabela 20), as progênies de irmãos germanos entre SAM e IAC 64, apresentaram maior heterose para PG e IE, não diferiram para AP, e foram menor para CE e AE.

As variedades SAM e IAC 64, apresentaram baixa capacidade de expansão (CE), indicando baixa frequência de genes para maior CE e pouca divergência quanto aos locos desses genes, não manifestando deste modo, heterose para esse caráter.

De modo geral, observou-se nas médias das progênies interpopulacionais de IG em relação as variedades parentais, aumento considerável da produção, seguido também do aumento do índice de espigas, alturas da planta e da espiga, tamanho dos grãos, comprimento e diâmetro da espiga.

4.4. Análises de variância das tabelas dialélicas

Os resultados das análises das tabelas dialélicas, resumidos na Tabela 25, mostram significância dos efeitos de tratamentos a 1% pelo teste F para todos os caracteres estudados. O desdobramento da SQ de tratamentos em variedades e heterose, dá informação mais detalhada, detectando diferenças entre as variedades e de heterose entre os HI's. O efeito de variedade esta relacionado aos componentes aditivos das médias e da heterose aos componentes de dominância.

Diferenças significativas entre as variedades, ocorreram em todos os caracteres estudados, mostrando que as variedades constituem um grupo heterogêneo. Entretanto, o mesmo não ocorreu para efeito de heterose, os quais diferiram apenas para os seguintes caracteres: PG, CE, %ED, NEt, EPC e EPA. Para os caracteres IE, AP e AE, não houve significância da heterose e a capacidade geral de combinação (CGC) de cada variedade nestes caracteres independe de efeitos heteróticos.

Com o desdobramento da SQ de heterose nos componentes $\bar{h}_n$ (heterose média de todos os cruzamentos), h_j (heterose conferida pela variedade j em todos os cruzamentos que ela participa) e s_{jj} (heterose específica ou capacidade específica de combinação), obteve-se significância do teste F para os seguintes caracteres: PG, CE, %ED e NEt, para $\bar{h}_n$; PG, CE, AE, %ED, NEt e EPC, para h_j ; PG, IE, CE, EPC e EPA, para s_{jj} . A significância observada nos caracteres AE e IE, respectivamente para h_j e s_{jj} , devem ser desconsideradas, pelo fato do efeito de heterose ter sido não significativo para estes caracteres, o que indica que a significância foi devido a nova distribuição do valor de F.

Analizando os resultados da ANOVA para cada caráter (Tabela 25), segundo orientação de VENCOVSKY (1969), temos as seguintes situações:

I- QM6, QM7 e QM8 não significativos. Ocorreu para AP, IE e AE, indicando que nestes caracteres não houve manifestação da heterose e a CGC de cada variedade independe de efeitos heteróticos e os cruzamentos não apresentam capacidade específica de combinação.

II- QM6 e QM7 significativo, QM8 não. Ocorreu para %ED e NET, indicando que houve manifestação da heterose e que esta se diferencia em cada cruzamento. A capacidade de combinação das variedades contém uma componente devida à heterose. Os cruzamentos não apresentam capacidade específica de combinação (CEC).

III- QM6, QM7 e QM8, significativos. Ocorreu para PG e CE, aplicando-se as mesmas conclusões para caso II, exceto para CEC, acrescentando apenas que neste caso ela não é nula, pelo menos em alguns dos cruzamentos.

Para interpretação genética, inferindo ao nível de frequência gênica, do resultado da ANOVA da tabela dialélica (Tabela 25) segundo modelo de GARDNER & EBERHART (1966), incluindo somente efeitos aditivos e dominantes, tomaremos como base as seguintes considerações feitas por VENCOSKY (1970) sobre o assunto :

- Admitindo existência da heterose (QM5 significativo) e que a dominância é unidirecional, os QM's QM7 (h_j) e QM8 (s_{jj}) serão significativos (um ou ambos), somente se o QM6 ($\bar{h}_a$) o for;

- A significância de QM6 ($\bar{h}_a$) implica que $\bar{h}_a > 0$, ou que a variância das frequências gênicas entre as variedades é suficientemente grande em pelo menos parte dos locos com dominância. As variedades nestas condições, são portanto, suficientemente di-

vergentes ao nível destes locos;

- A significância dos QM's QM7 (h_j) e QM8 (s_{jj}), dependem da natureza ou característica da divergência genética entre as variedades. Se existir variação suficiente nos efeitos heteróticos dos cruzamentos, haverá significância em ambos os QM's, ou apenas um;

- A heterose de variedade terá papel importante na CGC das variedades ensaiadas (QM7 significativo), se pelo menos algumas delas diferirem suficientemente entre si, quanto às frequências gênicas médias ou quanto ao grau de dispersão destas frequências. A não significância de QM7 porém, não significa necessariamente que as variedades sejam semelhantes entre si, com relação as frequências gênicas médias e à dispersão das mesmas;

- A significância de QM8 (s_{jj}) indica existência de diferenças suficientemente grandes entre as frequências gênicas médias de pelo menos parte das variedades. Diferenças entre graus de complementação (ou covariância) das frequências também podem, alternadamente, ser responsável pela manifestação da capacidade específica de combinação.

Para os caracteres de espessura do pericarpo (EPC e EPA), houve significância para QM5 (h_{jj}) e QM8 (s_{jj}), e para QM7 (h_j) somente para EPC. Segundo (VENCOVSKY, 1970), no caso de dominância unidirecional, a significância de QM8 e QM7, ou um deles, implica na significância de QM6 ($\tilde{h}_m$). Como isto não ocorreu, é provável que nestes caracteres, os efeitos de dominância não sejam unidirecionais, tendo efeitos de dominância em alguns locos para aumento e em outros para diminuição do caráter.

A capacidade geral de combinação (CGC), que

contém componentes de v_j e h_j ($g_j = 1/2v_j + h_j$), apresentou significância pelo teste F para os seguintes caracteres: PG, IE, CE, AP, AE, %ED, NEt e EPA, sendo não significativo apenas para EPC. Apesar da heterose de variedade ter um papel importante na CGC (VENCOVSKY, 1970), observamos para os caracteres IE, AP, AE e EPA, que a CGC foi significativa, mesmo com não significância de h_j , mostrando que a CGC para estes caracteres independe de efeitos de heterose.

O desdobramento da interação $L \times T$, em $V \times L$ e $h_{jj} \times L$, mostrou que o efeito de variedade interagiu significativamente com os ambientes (locais) em todos os caracteres (avaliados em mais de um local), enquanto que o efeito de heterose só apresentou interação para PG e CE. Os QM's das interações dos componentes desdobrados do efeito de heterose, mostraram significância para as interações de $\bar{h}_n \times L$ e $h_j \times L$, para PG e CE, e do componente $s_{jj} \times L$ só para %ED. A interação observada para $\bar{h}_n \times L$ para IE, não deve ser considerada em vista da interação $h_{jj} \times L$ ter sido não significativo, a significância é devida apenas a nova distribuição do valor de F.

4.5. Estimativas dos parâmetros do modelo de Gardner e Eberhart.

A interpretação dos parâmetros obtidos em termos genéticos, segundo VENCOVSKY (1970), são as seguintes :

- A heterose média ($\bar{h}_n$) é função linear da dominância e da variância das frequências gênicas entre as variedades, em cada locos. Contribuirão mais para heterose média aqueles locos que apresentarem a maior dominância e para os quais as variedades diferiram nas frequências gênicas;
- Heterose de variedade (h_j) são desvios em torno de $\bar{h}_n$. Valores

negativos serão os das variedades que apresentarem menor diversidade em relação ao conjunto de variedades ensaiadas, valores positivos ocorrem para três tipos de variedades: a) as que tiverem muitos locos com alta frequência gênica; b) as que tiverem muitos locos com baixa frequência gênica; c) as que apresentarem maior dispersão da frequência gênica em relação à frequência gênica média nos locos;

- Capacidade geral de combinação (g_j) depende do tamanho do dialélico, da estrutura genética da variedade em questão e da estrutura das variedades inter cruzadas no dialélico. O parâmetro g_j é eficiente para discriminar variedades (segundo suas frequências gênicas) somente na parte que depende dos efeitos aditivos dos homozigotos;

- A heterose específica (s_{jj}) depende do tamanho do dialélico, da heterose média, e da parte heterótica da capacidade geral de combinação das variedades, além da medida de divergência genética entre as variedades, tomadas duas a duas. Essa divergência refere-se às frequências gênicas dos locos com dominância.

Segundo MÔRO (1987), para que os efeitos de heterose específica sejam significativos, é necessário que as variedades apresentem um efeito de seleção anterior, quando se elevou as frequências dos genes com dominância. Os trabalhos de literatura mostram significância para s_{jj} , apenas quando se avaliam linhagens. VENCovsky (1970) salienta que em cruzamentos interpopulacionais, raramente os efeitos de heterose específica são importantes.

Analisando as estimativas dos parâmetros nas Tabelas 26 a 29, com relação a heterose média ($\hat{h}_m$) dos HI's, observou-se que nos caracteres onde houve significância da $\hat{h}_m$ a 1%, os valores estimados foram de 30,50% para PG, -16,61% para

%ED, 8,59% para NEt e 7,57% para CE, em relação à média das variedades ($\hat{m}$). Nestes caracteres também se verificou significância de h_j e em alguns casos para s_{jj} , indicando que a manifestação da heterose não é a mesma nos diversos cruzamentos. Estes resultados indicam que as variedades apresentaram maior frequência de genes dominantes e maior diversidade genética para esses caracteres.

Em relação aos valores reportados por VENCovsky *et al.* (1988), obtidas em outras populações, a $\hat{h}_m$ de 30,50% para PG é relativamente alta, sendo apenas inferior à $\hat{h}_m$ obtida por GAMA *et al.* (1984).

As estimativas dos efeitos de $\hat{v}_j$, $\hat{h}_j$, $\hat{s}_{jj}$ e $\hat{g}_j$ permitem uma melhor avaliação do potencial de cada variedade per-se ou em cruzamento, para cada caráter. Como as unidades dos efeitos variam para cada caráter e sendo a melhor referência a estimativa da média ($\hat{m}$) do modelo, para avaliação da sua magnitude, faremos referência apenas aos valores dos efeitos tomados em porcentagem em relação a ela.

Para peso de grãos (Tabela 26), as variedades com maiores estimativas de $\hat{v}_j$ foram a V6, V1 e V2, respectivamente com 12,61%, 8,37% e 7,95%, em relação a média ($\hat{m}$); e a com menor valor foi a V4, com -25,26%. Para $\hat{h}_j$, apresentaram maiores valores a V6 e V1, respectivamente com 25,71% e 5,17%, e as com menores foram a V5 e V3, respectivamente com -12,81% e -11,07%. Para $\hat{g}_j$, maiores valores foram obtidos para V6 e V1, correspondendo a 32,02% e 9,36%, enquanto que os menores foram para V5, V4 e V3, com respectivamente -13,63%, -12,56% e -12,09%. Para $\hat{s}_{jj}$, (Tabela 30), apresentaram maiores valores os cruzamentos V5xV6 (12,85%), V2xV4 (12,35%) e V1xV3 (8,61%), e heterose negativa para os HI's : V4xV5 (-11,36%) e V2xV6 (-6,96%).

A variedade Guarani (V6), com baixa CE, foi a que apresentou maior potencial para produção como variedade per-se ou em cruzamentos. As variedades melhoradas para qualidade da

pipoca, com alta CE, como a V2, V3, V4 e V5, apresentaram valores negativos de $\hat{v}_j$, $\hat{h}_j$ e $\hat{g}_j$, com exceção da V2 para $\hat{v}_j$ e V4 para $\hat{h}_j$, indicando que a seleção para CE nestas populações acarretaram uma diminuição dos seus potenciais produtivos.

Nos dialélicos de populações de milho têm sido raro a obtenção de significância para heterose específica (VENCOVSKY, 1970). Alta heterose específica observada em alguns cruzamentos de variedades de milho pipoca, pode ser atribuídas a alta frequência de genes dominantes em pelos menos uma das variedades dos híbridos. As variedades V5, V4 e V3, que participam dos cruzamentos com alto valor de s_{jj} , devem ter alta frequência de genes dominantes para PG, evidenciando que estas variedades sejam sintéticos derivados de híbridos americanos. Em dialélico de sintéticos de milho, com alta frequência de genes para dominância, MÔRO (1987) obteve significância para heterose específica.

Para índice de espigas (IE, Tabela 26), apenas a V6 apresentou valor positivo de $\hat{v}_j$, correspondendo a 30,46% da média, e a com maior valor negativo foi a V2 (-14,29%). Os valores de $\hat{h}_j$ e $\hat{s}_{jj}$, não diferiram entre as variedades. Para os efeitos da CGC ($\hat{g}_j$), apenas a V6 apresentou valor alto, correspondendo a 12,93%.

Estes resultados indicam que entre os genótipos estudados, a variedade Guarani apresentou maior potencial genético para aumento da prolificidade. A baixa heterose média observada para IE, mostra que as variedades não divergiram quanto a frequência de genes dominantes para este caráter.

Para porcentagem de espigas doentes (%ED, Tabela 27), o que interessa são os efeitos negativos, ou seja, os que diminuem a porcentagem de espigas doentes. Neste aspecto, a V6 apresentou o maior valor negativo para $\hat{v}_j$, $\hat{h}_j$ e $\hat{g}_j$, correspondendo respectivamente a -38,50%, -11,93% e -31,18% em relação à média ($\hat{m}$). Estes resultados indicam que a variedade Guarani

apresentou maior resistência a podridão de espigas, o que deve estar aliado ao seu bom empalhamento. Maiores valores positivos de $\hat{v}_j$, $\hat{h}_j$ e $\hat{g}_j$, foram obtidos respectivamente para as variedades V4 (24,38%), V3 (11,73%) e V3 (20,14%), indicando que estas variedades são as mais suscetíveis à podridão de espigas. Este fato pode estar associado ao mau empalhamento e maior suscetibilidade as pragas que atacam as espigas.

As variedade com alta CE, apresentaram altos valores de $\hat{v}_j$, indicando que todas têm problemas de doenças nas espigas, com exceção da Pirapoca Amarela, que é mais adaptada às condições locais, devido o seu melhoramento por seleção massal (ZINSKY & MACHADO, 1978).

Apesar da heterose específica não ter apresentado diferenças significativas entre os cruzamentos, principalmente devido ao maior erro experimental deste caráter, observou-se nos cruzamentos V1xV5 (-15,57 %), V1xV6 (14,06%), V1xV4 (10,71%) e V4xV6 (-9,5%), valores altos de $\hat{s}_{jj}$, tanto para aumento como para redução da %ED (Tabela 31).

Para AP (Tabela 28), as variedades com os maiores valores de $\hat{v}_j$ foram a V6 e V1, respectivamente com 11,22% e 7,62%. Como é mais importante a redução da AP, temos que as variedades com maiores valores negativos foram a V3 e V5, com respectivamente -12,90% e -7,68%. Para $\hat{h}_j$, apesar da heterose de variedade ter sido não significativo, a V6 apresentou valor de 6,73% em relação à média. Para $\hat{g}_j$, o maior valor foi obtido para V6 (12,34%) e os menores para V5 e V3, respectivamente de -8,80% e -6,01%. Para heterose específica ($\hat{s}_{jj}$), apesar dos valores não diferirem estatisticamente, alguns cruzamentos apresentaram valores altos (Tabela 31), tais como: V3xV4 (15,25%), V2xV3 (8,97%) e V3xV6 (-10,15%).

Para AE (Tabela 28), os resultados foram semelhantes aos obtidos para AP. As estimativas dos efeitos de $\hat{v}_j$ em relação à média, foram maiores para V6 (25,66%) e V1 (6,69%),

e menores para V5 (-12,29%) e V3 (-11,35%). Para os efeitos de heterose de variedade ($\hat{h}_j$), a V6 apresentou maior valor (9,49%), e para $\hat{g}_j$, o maior valor foi para V6 (22,32%) e os menores para V5 (-13,06 %) e V3 (-11,97%). Embora o teste F para heterose específica tenha sido não significativo, dois valores consideráveis foram obtidos nos cruzamentos V3xV4 (9,6%) e V2xV3 (-8,61%) (Tabela 31).

Para redução da altura da planta e da espiga, o que tem sido priorizado no melhoramento, apresentaram maior potencial genético as variedades Americano (V3) e Sintético (V5). A variedade Guarani, a mais alta do grupo, apresentou maiores valores de $\hat{v}_j$ e $\hat{h}_j$, provavelmente por possuir maior frequência de genes aditivos para aumento da altura da planta e da espiga.

Para a escala diagramática de notas de *E. turcicum* (Tabela 27), os efeitos negativos estão associados a notas menores que indicam maior resistência. Com relação à resistência, maiores valores negativos de $\hat{v}_j$, $\hat{h}_j$, $\hat{g}_j$, foram obtidos para a variedade Guarani (V6), cujos efeitos em relação à média foram respectivamente de -43,61%, -17,14% e -39,00%. Para $\hat{s}_{jj}$, (Tabela 31), apesar de não ter havido significância pelo teste F, alguns cruzamentos apresentaram valores consideráveis, tais como a V4xV6 (-9,55%) e V3xV6 (7,04%).

Os resultados para NEt, mostram que a variedade Guarani se diferencia do grupo de variedades, por apresentar a maior frequência de genes para resistência a *E. turcicum*. Dois tipos de resistência genética a *E. turcicum* podem ser encontradas no milho, uma de herança poligênica e ação gênica aditiva, que se expressa na redução do número, tamanho e expansão das lesões (SINGULAS *et al.*, 1988; ULLSTRUP, 1970); e outra de herança monogênica e ação gênica dominante. Já foram identificados os genes dominantes **Ht**, **Ht₂** e **Ht₃**, de locos distintos, que se expressam na formação de lesão clorótica, atraso no apare-

cimento de necrose e inibição quase completa da esporulação do fungo (HILU & HOOKER, 1963; HOOKER, 1961; HOOKER & PERKINS, 1980); e o gene Ht_n , que se expressa no atraso do desenvolvimento das lesões (GEVERS, 1975).

Para capacidade de expansão (Tabela 29), maiores valores de $\hat{v}_j$ foram estimados para V2 (14,46%) e V3 (13,66%). Para $\hat{h}_j$, valores maiores ocorreram para V6 (8,89%) e V2 (4,13%). Para $\hat{g}_j$, as variedades V4, V3 e V2, apresentaram maiores valores, respectivamente de 5,04%, 3,24% e 3,10%, em relação à média. Para $\hat{s}_{jj}$, (Tabela 30), os cruzamentos que apresentaram maiores valores foram a V5xV6 (5,22%) e V1xV4 (5,12%).

A capacidade de expansão (CE) é o caráter de maior importância no milho pipoca, por estar relacionado diretamente a qualidade da pipoca. O melhoramento da CE é a principal prioridade dentro de um programa de milho pipoca. As variedades com maior efeito de $\hat{v}_j$, a Pirapoca Amarela e Americano, que apresentaram as maiores média da CE, possuem maior frequências de genes aditivos para CE, provavelmente como resultado do melhoramento para esta característica.

A significância da heterose de variedade e heterose específica, mostra que a heterose também pode ser explorada para melhoramento da CE. Apresentou maior valor positivo de $\hat{h}_j$ a variedade Guarani e maior valor negativo, a Pirapoca Amarela, indicando a primeira, ser devido a maior divergência por apresentar muitos locos com baixa frequência gênica, e a segunda, a menor divergência em relação ao conjunto de variedades para CE. Os cruzamentos que apresentaram maior $\hat{s}_{jj}$, têm a participação dos sintéticos V5 e V4, os quais devem ter alta frequências de genes dominantes.

Para espessura do pericarpo na coroa do grão (EPC, Tabela 29), as variedades se diferenciaram quanto aos efeitos de $\hat{v}_j$, $\hat{h}_j$ e $\hat{s}_{jj}$. Para aumento da EPC, maiores efeitos foram obtidos em V1 (9,90%) e V3 (9,59%) para $\hat{v}_j$; V6 (6,97%) e

V5 (5,24%) para $\hat{h}_j$. Para redução da espessura, os efeitos maiores foram apresentados por V6 (-16,19%) e V5 (-8,52%) para $\hat{v}_j$; V4 (-4,77%) e V1 (-4,73%) para $\hat{h}_j$. Os cruzamentos se diferenciaram muito quanto heterose específica, apresentando maiores valores positivos de $\hat{s}_{jj}$. (Tabela 32) os híbridos V2xV5 (22,07%) e V1xV4 (11,63%); e maiores valores negativos os híbridos V2xV6 (-13,84%) e V3xV5 (-10,81%).

Para espessura na posição abgerminal (EPA, Tabela 29), as variedades se diferenciaram quanto aos efeitos de $\hat{v}_j$, $\hat{g}_j$ e $\hat{s}_{jj}$. Maiores efeitos para aumento da EPA foram apresentados por V3 para $\hat{v}_j$ (31,18%) e $\hat{g}_j$ (8,94%); e para redução da espessura, apresentaram maiores efeitos a V6, respectivamente para $\hat{v}_j$ (-32,20) e $\hat{g}_j$ (-15,33%). A heterose específica (Tabela 32) foi maior nos cruzamentos V5xV6 (23,55%) e V1xV4 (19,74%), e com maiores valores negativos nos cruzamentos V4xV6 (-19,01%) e V3xV5 (-16,55%).

Para espessura do pericarpo nas posições da coroa e abgerminal do grão, a variedade Guarani apresentou maior frequência de genes para pericarpo fino, enquanto que, a Americano apresentou maior frequência de genes para pericarpo grosso. Os valores da heterose específica observada em alguns cruzamentos, se comportaram de maneira diferenciada nas duas posições dos grãos, como nos cruzamentos V5xV6 e V4xV6. Este fato pode ser consequência de erro de amostragem. A amostra de 10 grãos por tratamento é muito pequena para representar a variedade ou o híbrido intervarietal. Não foi usado um número maior de grãos por tratamento devido a dificuldade de medição da espessura do pericarpo do grão.

4.6. Correlação entre médias dos híbridos e das respectivas variedades

Os valores do coeficiente de correlação, obtidos con-

forme indicação de MIRANDA FILHO (1974), apresentados na tabela 33, mostram os seguintes resultados:

- Valores de " $\hat{r}$ " acima de 0,8 foram obtidos para os seguintes caracteres: NEt (0,98), AE (0,94), %ED (0,91), IE (0,85) e AP (0,82). Observou-se nestes caracteres, altos valores para variância de $\hat{v}_j$ ($\hat{\sigma}_v^2$) e médio para covariância entre $\hat{v}_j$ e $\hat{h}_j$ ($\hat{Cov}_{vh}$), os quais foram positivos, exceto para IE que não apresentou covariância entre $\hat{v}_j$ e $\hat{h}_j$. Nestes casos, as médias dos híbridos para estes caracteres dependem mais das médias das variedades parentais.

- Valor de " $\hat{r}$ " muito baixo foi obtido para EPC (0,17), foi devida a variância de heterose específica ($\hat{\sigma}_s^2$) e $\hat{Cov}_{vh}$, que apresentaram valores correspondentes a 77,5% e -40,1% da $\hat{\sigma}_v^2$, respectivamente. Neste caso a média dos híbridos independe das médias das variedades parentais. Segundo MIRANDA FILHO (1974), a $\hat{Cov}_{vh}$ pode ser expressa em função da frequência (p) e efeitos gênicos, sendo negativa quando $p < \pi$ para a maioria das variedades e positiva, quando $p > \pi$. Neste caso π seria o limite de frequência gênica além do qual a $\hat{Cov}_{vh}$ torna-se positiva ou negativa. Em vista da $\hat{Cov}_{vh}$ ter sido negativa, pode se concluir que para EPC, a maioria das variedades apresentaram frequência de genes dominantes menor que π .

- Valor pouco menor e negativo para $\hat{Cov}_{vh}$, foi observado para CE, equivalendo a -28,2% da $\hat{\sigma}_v^2$. Entretanto, o valor de " $\hat{r}$ " foi de 0,72, devido principalmente aos baixos valores da variância de $\hat{h}_j$ ($\hat{\sigma}_h^2$) e $\hat{\sigma}_s^2$, correspondendo respectivamente a 10,5% e 6,5% da $\hat{\sigma}_v^2$. A maioria das variedades apresentaram efeito de $\hat{v}_j$ positivo e média alta para CE, provavelmente, apresentando frequência de genes aditivos maior que a média das variedades, entretanto, para os locos com dominância, os resultados indi-

caram que $p > \pi$ para as maioria delas.

- Para PG observou-se que o valor da $\hat{\sigma}_h^2$ foi um pouco maior que a $\hat{\sigma}_v^2$, apresentando ainda valores de 23,2% e 34,4% da $\hat{\sigma}_h^2$, respectivamente para $\hat{\sigma}_s^2$ e $\text{C}\hat{\sigma}_{v_h}$. Nesta condição, o valor de " $\hat{r}$ " foi de 0,65. Neste caso, as médias dos híbridos dependem das médias das variedades parentais e da heterose. Resultado semelhante foi obtido para EPA ($\hat{r} = 0,63$), que apresentou maior variância para os efeitos de $\hat{v}_j$ seguida da $\hat{\sigma}_s^2$ e $\text{C}\hat{\sigma}_{v_h}$, que foi negativa.

Em relação aos dados de correlação reportados por MIRANDA FILHO(1974) para dois conjuntos de populações de milho, de 0,75** e 0,56**, para PG; de 0,88** e 0,94**, para AP; e de 0,87** e 0,95**, para AE, os valores obtidos concordam com estes valores.

4.7. Predição de médias de compostos

O número de compostos balanceados que podem ser preditos depende do número de variedades estudadas. Para seis variedades podem ser preditas $2^n - (n+1)$ compostos, ou seja 57 compostos. Na Tabela 34 estão estimadas as médias dos 57 compostos para os seguintes caracteres : PG, CE, IE, AE, %ED, NEt e EPA. Para facilitar a escolha dos compostos, estão relacionados dentro de cada grupo (compostos de mesmo número de variedades), os compostos de maior médias preditas para CE e PG, na Tabela 35.

Nesta Tabela 35, observou-se nos compostos de maior CE, a medida que se aumentou o número de variedades, ocorreu uma diminuição na média da CE e aumento da média do peso de grãos. O composto de maior CE (Co23) foi 4,86% superior ao composto amplo, indicando que o aumento de variedades no composto reduziu muito pouco a média, trazendo em compensação,

aumento da variabilidade do mesmo. A medida que se aumentou o número de variedades nos compostos houve aumento do PG, IE e AE; e diminuição da CE, %ED, e NEt. O composto mais produtivo (Co16) foi 11,31% superior ao composto amplo.

Em relação aos outros caracteres, através das médias (Tabela 34), observou-se que a inclusão da variedade V6 nos compostos, aumentou o PG, IE e AE, e diminuiu a %ED, NEt e EPA. Os compostos que não incluíram a V6, possuíram melhor qualidade da pipoca e planta baixa, mas tiveram como inconveniência baixa produção, maior suscetibilidade a *E. turcicum* e maior porcentagem de espigas doentes.

Segundo MIRANDA FILHO (1974), a síntese de um composto permite um aproveitamento ao nível intrapopulacional de parte da heterose manifestada ao nível interpopulacional. Esta afirmativa é feita com base na expressão da média de um composto qualquer:

$$Co = V + [(n-1)/n] \bar{h}_n$$

onde V é a média das variedades que entram na formação do composto e $\bar{h}_n$, a heterose média dos cruzamentos entre as variedades.

Outro objetivo da síntese de um composto é o aumento da variabilidade genética. Vários autores, como GOODMAN (1965), EBERHART et al. (1967), MOLL & ROBINSON (1967) e DUDLEY & MOLL (1969), salientam que a variabilidade genética de um composto está relacionada a divergência genética entre as variedades que entram em sua formação. É amplamente aceito que a divergência genética entre populações é condição primária para manifestação da heterose.

Em vista destas considerações, compostos de maior variabilidade genética serão obtidos com as variedades que apresentarem maior heterose média nos híbridos que formam o

composto. Um método fácil para identificação dos compostos com maior heterose média dos híbridos, é a disposição das médias preditas dos compostos e heterose média dos híbridos, em um sistema de coordenadas cartesianas.

Nas Figuras 1 e 2, estão colocadas nas abcissas as médias preditas dos compostos e nas ordenadas, as heteroses médias dos híbridos que formam os compostos, respectivamente para PG e CE. A existência de correlação entre as médias dos PG's dos compostos e heteroses médias ($\hat{r} = 0,82$), indica que os compostos mais produtivos serão os que apresentarem maior heterose média dos híbridos que o formam. Deste modo, os compostos a serem selecionados para produção, estão situados no quadrante direito superior da Figura 1. Para CE, o valor de "r" foi negativo ($\hat{r} = -0,40$), indicando que há tendência de correlação negativa entre as médias dos compostos com as heteroses médias dos híbridos que o formam. As médias da CE dos compostos dependem mais da média das variedades do que da heterose média.

Confrontado os dados das Figuras 1 e 2, observa-se que alguns dos compostos situados no quadrante direito superior destas figuras são os mesmos (33, 30, 49, 47, e 52), indicando a possibilidade de escolha de um composto com boa produtividade, capacidade expansão e heterose média dos híbridos que o formam. Entretanto, nenhum desses compostos têm um comportamento muito superior ao composto amplo, o qual tem a vantagem de ter maior variabilidade, sendo um material mais adequado para iniciar um programa de melhoramento.

As médias estimadas para o composto amplo de 28 para CE e 3,5 kg/10m² para PG, mostra um grande potencial deste composto, que será mais produtivo que as variedades SAM e Pirapoca Amarela, e com boa qualidade da pipoca, sendo apenas inferior à Pirapoca Amarela. Com a seleção para uniformização do tipo de grão e da cor do endosperma e da aleurona, este composto poderá ter viabilidade comercial.

4.8. Estimativas de parâmetros genéticos interpopulacionais

4.8.1. Coeficiente de variação genética

Os coeficientes de variação genética ($\hat{Cv}_g$) variaram de 1,27% a 13,81% (Tabelas 40 a 42), sendo maiores os valores para PG, PS6P, CE e IE; intermediário para NRP e muito baixos para AP, AE, DE, CoE e NF. A variabilidade entre progênies interpopulacionais para PG, dada pelo $\hat{Cv}_g$ de 13,81%, foi alto em comparação a valores obtidos para peso de espiga em populações de milho no Brasil. Dados de $\hat{Cv}_g$'s obtidos por RISSI (1980), BIANCO (1984), ZIMBACK (1985) e MAMEDE (1991), têm-se situados entre 6,09% a 10,35%, com valor médio de 8,68%. Em populações de milho pipoca, valores de 19,34 % para PG e 6,51% para PE, foram reportados respectivamente por LIRA (1983), em progênies de meios irmãos e por REGITANO NETO (1993), em progênies de irmãos germanos, ambas ao nível intrapopulacional. O valor de 11,47% para CE, compara-se ao valor de 12,92% obtido por LIRA (1983) em uma população de milho pipoca de Lavras.

Para a altura da planta (AP) e da espiga (AE), os $\hat{Cv}_g$'s respectivos de 2,20% e 2,90% (Tabela 41), foram baixos quando comparados às estimativas obtidas por vários autores (RISSI, 1980; LORDÊLO, 1982; BIANCO, 1984; ZINBACK, 1985; MAMEDE, 1991) em outras populações de milho, que variaram de 3,10% a 6,52% para AP, com valor médio de 4,98%, e de 5,04% a 9,8% para AE, com valor médio de 7,67%. Em progênies de irmãos germanos da população de milho pipoca Santa Rosa, REGITANO NETO (1993), também obteve valores mais altos para os $\hat{Cv}_g$'s de AP e AE, respectivamente de 5,12% e 9,88%.

Para os $\hat{Cv}_g$'s do DE e CoE, os valores obtidos na interpopulação SAM x IAC 64, de 1,27% para DE e 2,05% para CoE (Tabela 42), são baixos em comparação aos valores obtidos por REGITANO NETO (1993), de 4,61% para DE e 6,19% para CoE, em

progênies de irmãos germanos da população de milho pipoca Santa Rosa.

4.8.2. Heterose

A heterose em relação a média das variedades parentais utilizadas como testemunhas nos ensaios, apresentou valores positivos para PG, IE, P100G, AP, AE, NRP, DE, CoE e NF, cujos valores variaram de 1,00% (NF) a 47,65% (PG); e valores negativos para CE e PS6P, respectivamente de -2,08% e -4,41% (Tabelas 40 a 42). Em comparação aos valores de $\hat{H}_a$ obtidos nos cruzamentos dialélicos (Tabela 20), houve maior heterose na população SAM x IAC 64 para os caracteres de PG e IE; menor para CE; e um pouco menor para AP e AE.

O alto valor de 47,65% para $\hat{H}_{a(12)}$, observada para PG, indica uma grande divergência genética entre as variedades SAM e IAC 64. Entretanto para os caracteres IE, CE, P100G e PS6P, a heterose foi baixa, indicando pouca divergência genética para estes caracteres.

4.8.3 Herdabilidade

As estimativas de herdabilidades ao nível de parcelas no sentido restrito ($\hat{h}_a^2$) para os caracteres: PG, IE, CE, P100G, PS6P, AP, AE, NRP, DE, CoE e NF; obtidas considerando-se a variância genética dominante igual a zero ou igual a variância genética aditiva, nas Tabelas 40 a 42, indicam os limites em que o valor real se encontra. Os dados médios do nível de dominância para estes caracteres, com exceção do NRP, reportados por HALLAUER & MIRANDA FILHO (1981), em que a relação $\hat{\sigma}_{D(12)}^2 / \hat{\sigma}_{A(12)}^2$ variou de 0,18 (NF) a 0,55 (PNG), mostram que os limites obtidos considerando $\hat{\sigma}_{D(12)}^2 = 0$ (nível de dominância igual a zero) e $\hat{\sigma}_{D(12)}^2 = \hat{\sigma}_{A(12)}^2$ (nível de dominância igual a 1), tem

grande probabilidade de conter o valor real da estimativa de $\hat{h}_{n(12)}^2$.

Os valores médios de herdabilidade ao nível de parcela, reportadas por HALLAUER & MIRANDA FILHO (1981), de 18,7% para PG, 56,9% para AP, 66,2% para AE, 39,0% para IE, 36,1% para DE, 38,0% para CoE, 57,0% para NF e 41,8% para peso de n grãos (PNG), situam-se dentro dos limites estimados para $\hat{h}_{n(12)}^2$ para os caracteres IE, AP, AE, CoE e NF. Para os caracteres de PG, P100G e DE, os limites estimados de $\hat{h}_{n(12)}^2$ foram maiores que os valores médios.

Considerando o nível de dominância estimado em progênies de irmãos germanos em cadeia da interpopulação SAM x IAC 64, de 2,02 para PG e 1,01 para CE (Tabela 50), temos que as estimativas de $\hat{h}_{n(12)}^2$ mais realistas são de $37,27 \pm 10,64$ % para PG (considerando $\hat{\sigma}_{D(12)}^2 = 2\hat{\sigma}_{A(12)}^2$) e $57,18 \pm 7,21$ para CE (considerando $\hat{\sigma}_{D(12)}^2 = \hat{\sigma}_{A(12)}^2$, na Tabela 40).

Para NRP, a $\hat{h}_n^2$, situou-se entre os limites de $90,64 \pm 1,59$ % a $60,43 \pm 6,66$ %, concordando com os valores reportados por ANDRADE & MIRANDA FILHO (1979) e MAMEDE (1991), respectivamente para as populações ESALQ PB1 e ESALQ VD2. Para a população ESALQ VF1, MAMEDE (1991) obteve um valor menor para $\hat{h}_n^2$ (48,5%).

4.8.4. Variâncias genéticas para peso de grãos

A estimativa da variância genética aditiva obtida em progênies de irmãos germanos para PG da interpopulação SAM x IAC 64, situou-se entre $218,125 \pm 43,568$ (g/pl)² e $145,40 \pm 29,05$ (g/pl)² (Tabela 40), não diferindo dos valores estimados em populações brasileiras de milho (Tabela 2). O fato de $\hat{\sigma}_{D(12)}^2$ estar sendo considerada de magnitude igual a $\hat{\sigma}_{A(12)}^2$ ou a zero, na obtenção da estimativa de $\hat{\sigma}_{A(12)}^2$, deixa dúvidas quanto ao valor real deste parâmetro. A magnitude da relação entre as estima-

tivas de variância dominante e variância aditiva, variam entre as populações de milho. Para o caráter produção, valores duas vezes maiores para $\hat{\sigma}_A^2$ em relação a $\hat{\sigma}_D^2$ foi obtido na interpopulação BS11 x BS10 (OBILANA *et al.*, 1979), e valores com poucas diferenças foi obtido na população Jarvis x Indian Chief (STUBER, 1965).

Usando a metodologia de cruzamento em cadeia sugerida por MIRANDA FILHO (1982) e BENITEZ TORRES (1986), foi possível estimar a variância dominante na interpopulação de milho pipoca SAM x IAC 64. Obteve-se para $\hat{\sigma}_{A(12)}^2$ valor equivalente à metade da $\hat{\sigma}_{D(12)}^2$ para PG (Tabela 40). Em vista desse resultado, a estimativa de variância aditiva no esquema de irmãos germanos ficou superestimado para PG, sendo que o menor valor de $145,4 \pm 29,05$ (g/pl)² (Tabela 40), foi maior que o valor estimado em irmãos germanos (IG) em cadeia, de $120,8257 \pm 49,019$ (g/pl)² (Tabela 49). Considerando que a relação $\hat{\sigma}_{D(12)}^2 / \hat{\sigma}_{A(12)}^2 = 2$ para PG, a estimativa de $\hat{\sigma}_{A(12)}^2$ é dada pela expressão: $\sigma_{P(12)}^2 = \hat{\sigma}_{A(12)}^2$, obtendo-se o valor de $109,05 \pm 21,78$ (g/pl)². Esse valor é ligeiramente inferior ao obtido nos irmãos germanos em cadeia, onde se utilizou um número maior de progênies.

A estimativa mais realista da $\hat{\sigma}_{A(12)}^2$, obtida pela média das duas estimativas ($\hat{\sigma}_{A(12)}^2 = 114,9$ (g/pl)²), é baixa em comparação aos valores estimados em interpopulações de milho constituídas de progênies de irmãos germanos, reportados por MIRANDA FILHO (1979), SOUZA JUNIOR *et al.* (1980) e NASS (1992), que obtiveram um intervalo de variação de $134,34$ (g/pl)² a $497,1$ (g/pl)², com uma média de $271,1$ (g/pl)², para peso de grãos. Considerando que o milho pipoca é bem menos produtivo que o milho comum, é de se esperar a obtenção de menores estimativas de variância para as populações de milho pipoca.

O erro das estimativas da variância genética aditiva para progênies de irmãos germanos, de 20,0% do valor da estimativa, foi menor que o erro médio das estimativas levanta-

das por HALLAUER & MIRANDA FILHO (1981), de cerca 40,6%. Para irmãos germanos em cadeia, o erro de 37,2% se aproximou do valor médio.

Em comparação às médias da variância genética aditiva obtidas em interpopulações de progênes de meios irmãos, reportados por PATERNIANI & VENCovsky (1978), MIRANDA FILHO & PATERNIANI (1983), SOUZA JUNIOR (1983), MARTINS (1986) e SOUZA JUNIOR *et al.* (1993), cujos valores apresentaram um intervalo de variação de 141,1 (g/pl)² a 260,5 (g/pl)², com média de 204 (g/pl)², também confirmam que o valor obtido de 114,9 (g/pl)² é baixo.

Em comparação às estimativas obtidas por REGITANO NETO (1993) com irmãos germanos da população de milho pipoca Santa Rosa, cuja variância genética aditiva para peso de espigas (PE) situou-se no limite de 41,42 (g/pl)² a 62,13 (g/pl)², a estimativa obtida para interpopulação SAM x IAC 64 é alta. Em relação às estimativas obtidas para peso de grãos em progênes de meios irmãos ao nível inter e intrapopulacional, de 5,0818 (g/planta)² e 372 (g/planta)², respectivamente por LINARES (1987) e LIRA (1983), o valor obtido foi alto e baixo, respectivamente. De modo geral, pode se concluir que a interpopulação SAM x IAC 64 apresentou variância genética aditiva alta para PG, concordando com os valores altos do C²Vg e da heterose, indicando alta variabilidade genética desta população.

A variância genética dominante (Tabela 50) estimada nas progênes de irmãos germanos em cadeia, segundo o esquema utilizado por BENITEZ TORRES (1986), foi alta, com nível de dominância de 2,01, indicando segundo HALLAUER & MIRANDA FILHO (1981), ação de sobredominância dos genes para PG. A predominância da variância genética dominante na interpopulação SAM x IAC 64, indica que grande parte da variação genética não é aproveitada pela seleção recorrente. Entretanto, a alta frequência de genes com ação de sobredominância, poderá ser ex-

plorada com obtenção de híbridos intervarietais ou de linhagens obtidas das populações SAM e IAC 64.

4.8.5. Variâncias genéticas para capacidade de expansão

As estimativas da variância genética aditiva interpopulacional obtidas em progênies de irmãos germanos, situaram-se no limite de $6,5114 \pm 1,1172$ a $9,76714 \pm 1,6757$ (Tabela 40). A relação entre variância genética dominante e variância genética aditiva de 1,01 (Tabela 50), indica uma ação de dominância completa dos genes para CE. Em vista disso a estimativa de 6,5114 é mais realista, por ter sido estimada considerando $\sigma_{D(12)}^2 = \sigma_{A(12)}^2$. A média das estimativas de variância genética aditiva obtidas no esquema de irmãos germanos e IG em cadeia, de 5,8095 representa melhor o parâmetro, diminuindo o efeito de interação genótipo x ambiente, uma vez que as duas estimativas foram obtidas em locais diferentes.

Em comparação a estimativa da variância genética aditiva obtida por LIRA (1983) de 0,0576 para CE, a média de 5,8095 obtida para interpopulação SAM x IAC 64, é relativamente alta. Apesar da grande importância deste caráter em milho pipoca, existe pouca informação sobre a magnitude da variância aditiva nas populações de milho pipoca.

Utilizando a expressão para estimativa do progresso esperado na seleção recorrente recíproca com progênies de irmãos germanos e recombinação de S_1 , reportada por VENCOSKY & BARRIGA (1992), chegamos a seguinte expressão :

$$Gs = K_1 (1/2) \hat{\sigma}_{A(12)}^2 / \hat{\sigma}_{F(12)}^2 ,$$

sendo:

K_1 = intensidade de seleção igual nas duas populações; ,

$\hat{\sigma}_{A(12)}^2$ = variância aditiva média das populações 1 e 2;

$\hat{\sigma}_{F(12)}^2$ = variância fenotípica média das populações 1 e 2.

O progresso estimado para capacidade de expansão, utilizando uma intensidade de seleção de 10% ($K_1 = 1,755$), $\hat{\sigma}_{A(12)}^2 = 5,8095$ e $\hat{\sigma}_{F(12)}^2 = 2,38622$, foi de 2,1364, o que corresponde a 11,1% da média da interpopulação.

4.8.6. Variâncias genéticas para caracteres da planta

As estimativas das variâncias genéticas aditivas interpoblacionais obtidas com progênies de irmãos germanos (Tabelas 40 a 42), estão situadas dentro dos seguintes limites : 33,3039 (cm/pl)² a 22,2026 (cm/pl)² para AP; 19,9413 (cm/pl)² a 13,2942 (cm/pl)² para AE; 0,0423 (esp./pl)² a 0,0282 (esp./pl)² para IE; 7,0103 (ram./p)² a 4,6735 (ram./p)² para NRP; e 0,6131 (g/p)² a 0,4087 (g/p)² para PS6P.

Em comparação aos valores médios das estimativas obtidas ao nível intrapoblacional em milho, reportados por HALLAUER & MIRANDA FILHO (1981), de 212,9 ± 51,6 (cm/pl)² para AP, 152,7 ± 35,5 (cm/pl)² para AE e de 0,046 ± 0,013 para IE, os valores obtidos foram baixos para AP e AE, e semelhantes para IE. Em relação às estimativas obtidas na população de milho pipoca Santa Rosa, por REGITANO NETO (1993), de 137,3 ± 27,4 (g/pl)² para AP e 136,1 ± 24,2 (g/pl)² para AE, os valores obtidos também foram baixos.

Em relação às estimativas obtidas em literatura para NRP, reunidas na Tabela 4, que apresentam valores de 10,555 (ram./p)² a 48,67 (ram./p)², com um valor médio de 21,62 (ram./p)², os limites obtidos de 7,0103 (ram./p)² a 4,6735 (ram./p)², indicam uma menor variância genética aditiva na interpoblulação de milho pipoca para número de ramificações do pendão.

Para PS6P, a estimativa da variância genética aditiva dentro dos limites de $0,61306 (g/p)^2$ a $0,4087 (g/p)^2$, foi menor que o valor obtido por ANDRADE & MIRANDA FILHO (1979) de $1,663 (g/pl)^2$ na população de milho ESALQ PB1.

De modo geral, os caracteres de AP, AE, NRP e PS6P, apresentaram menor variância genética aditiva em relação as populações de milho e para a população de milho pipoca Santa Rosa, com relação a AP e AE. O índice de espiga apresentou valores equivalentes aos obtidos em milho comum.

4.8.7. Variâncias genéticas para caracteres da espiga e do grão

As estimativas das variâncias genéticas aditivas interpopulacionais obtidas em progênies de irmãos germanos, para os caracteres da espiga e do grão (Tabelas 40 e 42), estão situadas respectivamente dentro dos seguintes limites : $0,00328 (cm/esp.)^2$ a $0,0070 (cm/esp.)^2$ para DE; $0,23679 (cm/esp.)^2$ a $0,15786 (cm/esp.)^2$ para CoE; $0,34515$ a $0,2301$ para NF; e $3,43515 (g/100G)^2$ a $2,2901 (g/100G)^2$ para P100G.

Em relação aos valores médios das estimativas de variância genética aditiva intrapopulacionais para DE, CoE, NF e PNG, reportados por HALLAUER & MIRANDA FILHO (1981, resumidos na Tabela 3, os valores estimados para DE, CoE, NF e P100G, foram menores. Considerando que a espiga e os grãos de milho pipoca são bem menores do que as de milho, é esperado uma menor variância aditiva para estes caracteres.

A menor variabilidade observada para os caracteres da espiga e peso de 100 grãos na interpopulação SAM x IAC 64, pode ser consequência da seleção massal praticada nestas populações e mostra que existe uma certa uniformidade deste caracteres no híbrido intervarietal, implicando este fato em maior qualidade da pipoca e dos grãos.

4.8.8 Relação entre as variâncias ambientais ao nível plantas e de parcela

A relação entre as variâncias ambientais entre plantas e entre parcelas ($t = \hat{\sigma}_{d(12)}^2 / \hat{\sigma}_{e(12)}^2$) tem sido estipulada com base em dados de literatura, em caracteres onde normalmente se utiliza dados de total de parcela, devido a dificuldade de obtenção de dados ao nível de plantas. Para produção de grãos ou espigas, nos experimentos conduzidos no Departamento de Genética da ESALQ/USP, segundo MIRANDA FILHO (1977) os valores de "t" tem variado de 5 a 10. Vários autores (GARDNER, 1961, WEBEL & LONNQUIST, 1967, SILVA, 1969, SAWAZAKI, 1979,) utilizaram a relação $t=10$ para cálculo da variância ambiental entre plantas, a qual é obtida pela expressão $\hat{\sigma}_{d(12)}^2 = t \hat{\sigma}_{e(12)}^2$.

Para os caracteres onde os dados foram coletados ao nível de plantas, os valores de "t" situaram-se entre 5 a 10 para os caracteres da planta, AP (5,73), AE (5,82) e NRP (10,8) (Tabela 41), concordando com os valores reportados em literatura para PG. Para os caracteres da espiga (DE, CoE e NF), os valores foram maiores, variando de 15,16 para CoE a 48,83 para NF (Tabela 42).

4.8.9. Correlações entre caracteres

Segundo CRUZ & REGAZZI (1994) o conhecimento da associação entre caracteres é de grande importância nos trabalhos de melhoramento, principalmente se a seleção em um deles apresenta dificuldades, em razão da baixa herdabilidade e, ou, tenha problemas de medição e identificação. Também é importante o conhecimento das alterações que são produzidos nos outros caracteres quando um determinado caráter é modificado pela seleção.

Devido a maior importância dos caracteres de peso

de grãos (PG) e capacidade de expansão (CE) em milho pipoca, estudou-se suas associações com os caracteres da planta (AP, AE, NRP, IE e PS6P) e da espiga (DE, CoE e NF) e do grão (P100G). Para cálculo dos coeficientes de correlações genética e ambiental, inicialmente foram realizadas as análises de covariância, usando a metodologia de KEMPTHORNE (1966) para os pares de caracteres de PG com os demais (Apêndice 2) e da CE com os demais (Apêndice 3).

Com base na esperança de produtos médios foram obtidas as estimativas de covariâncias entre progênies ($\hat{C}\hat{O}v_{p(12)}$), fenotípica ($\hat{C}\hat{O}v_{f(12)}$) e ambiental ($\hat{C}\hat{O}v_{e(12)}$) entre parcelas, para os pares de caracteres de PG com: IE, CE, P100G, NRP, PS6P, AP, AE, DE, CoE e NF (Tabela 43). Para os pares de caracteres da CE com: IE, P100G, NRP, PS6P, AP, AE, DE, CoE e NF, as estimativas das covariâncias genética, fenotípica e ambientais está apresentada na Tabela 44.

4.8.9.1. Correlação genética

A correlação genética ($\hat{r}_{g(12)}$) para os pares de caracteres de PG com os demais, apresentado na Tabela 45, mostra os seguintes resultados:

- Valores de $\hat{r}_{g(12)}$ positivo ocorreu entre PG com os caracteres: IE (0,49**), AE (0,57**), DE (0,74**) e CoE (0,72**), indicando associação positiva destes caracteres com peso de grãos, ou, a presença de genes pleiotrópicos que contribuem para aumento da produção e destes caracteres;
- Valores de $\hat{r}_{g(12)}$ negativo, ocorreu entre PG com NRP (-0,61**), indicando associação negativa entre eles, ou, a presença de genes pleiotrópicos que contribuem para aumento da produção e diminuição do número de ramificações do pendão; indica a possibilidade de se aumentar a produção com a seleção para menor NRP;

- Evidência de associação positiva ocorreu entre PG e AP (0,25*);
- Evidência de associação negativa ocorreu entre PG e PS6P (-0,24*);
- Não houve indicação de associação entre PG com os caracteres : P100G (0,16), CE (-0,04) e DE (0,09), cujos valores de r foram não significativos.

A associação entre os caracteres PG e DE na interpopulação de milho pipoca SAM x IAC 64, foi maior do que os resultados obtidos na interpopulação de milho BS10 x BS11 de 0,43 e 0,33, reportados por OBILANA (1977), respectivamente no delineamento I e II, para correlação genética aditiva. A ausência de correlação genética negativa entre PG e CE, concorda com dados obtidos por LIRA (1983).

A correlação genética estimada entre PG e IE, concorda com os resultados obtidos em outras populações de milho pipoca (LIRA, 1983) e de milho (PATERNIANI, 1981; SOUZA JUNIOR *et al.*, 1985). O resultado $\hat{x}_{G(12)} = -0,61$ entre PG e NRP, é semelhante aos resultados obtidos por GERALDI (1977) em quatro populações de milho.

Segundo resultados obtidos por SOUZA JUNIOR *et al.* (1985), a correlação negativa observada entre PG e NRP se deve a influência da correlação negativa entre NRP e prolificidade. Este fato foi comprovado com a obtenção da correlação parcial entre PG e NRP, removendo o efeito de prolificidade, a qual foi positiva.

Para verificar ocorrência desse fato na interpopulação SAM x IAC 64, obteve-se a correlação genética entre IE e NRP, obtendo-se o valor de -0,39*; a correlação genética parcial entre PG e NRP, removendo o efeito de prolificidade, foi de -0,53** e entre PG e IE, removendo o efeito de NRP, foi de (0,35*). Em relação aos resultados reportados por SOUZA JUNIOR *et al.* ((1985), há concordância quanto ao fato da correlação

entre NRP e IE ser negativa, mas não concorda com a hipótese dessa associação ser a causa da correlação negativa entre PG e NRP de -0,61 **, pelo fato da correlação genética parcial entre PG e NRP ter mantido um valor aproximado (-0,53**).

A correlação genética ($\hat{r}_{g(12)}$), para os pares de caracteres de CE com os demais caracteres estudados, apresentando na Tabelas 46, mostra os seguintes resultados:

- Correlação genética ocorreu entre CE com os caracteres: CoE (0,49**), NF (0,50**), IE (0,39**) e AP (0,34**) indicando associação positiva destes caracteres com CE;
- Houve indicação de associação genética positiva entre CE e AE (0,22*);
- Houve indicação de associação genética negativa entre CE com os caracteres : P100G (-0,24) e DE (-0,23);
- Não houve indicação de associação genética entre CE com NRP e PS6P.

A correlação genética observada entre o peso de grãos (PG) com os caracteres: IE, AE, NRP, DE e CoE; e entre capacidade expansão (CE) com os caracteres: CoE , NF, AP e AE; têm como causas prováveis, segundo FALCONER (1960), principalmente a pleiotropia e as ligações genéticas, que são transitórias.

4.8.9.2. Correlações fenotípicas e ambientais

A correlação fenotípica, ocorreu entre PG com os seguintes caracteres: IE (0,45), AP (0,53), AE (0,50), NRP (-0,37), DE (0,70) e CoE (0,63) (Tabela 45). Segundo FALCONER

(1960), a correlação fenotípica apresenta componentes de origem genética e ambiental, sendo possível determinar o efeito de cada uma delas na correlação genética pela expressão:

$$\hat{r}_{F(12)} = \hat{h}_x \hat{h}_y \hat{r}_{G(12)} + e_x e_y \hat{r}_{e(12)},$$

sendo:

$$\hat{h}_x = \sqrt{[\hat{\sigma}_{px}^2 / (QMP_x / r)]};$$

$$\hat{h}_y = \sqrt{[\hat{\sigma}_{py}^2 / (QMP_y / r)]};$$

$$e_x = \sqrt{[\hat{\sigma}_x^2 / QMP_x]};$$

$$e_y = \sqrt{[\hat{\sigma}_y^2 / QMP_y]};$$

$\hat{\sigma}_{px}^2$ e $\hat{\sigma}_{py}^2$ = variância genética entre progênies;

$\hat{\sigma}_x^2$ e $\hat{\sigma}_y^2$ = variância do erro entre parcelas;

QMP = quadrado médio de progênies;

r = número de repetições.

A magnitude dos valores de $\hat{r}_{G(12)}$ e $\hat{r}_{e(12)}$, na maioria dos casos indica se há maior contribuição genética ou ambiental na correlação fenotípica. Na Tabela 51, os valores encontrados para as componentes genética (G) e ambiental (A) para os pares de caracteres que apresentaram maior valor de $r_{F(12)}$, mostram que houve maior contribuição genética do que ambiental na correlação fenotípica, com exceção para os pares de caracteres PG-AP.

Correlações fenotípicas, ocorreram entre CE com os seguintes caracteres: CoE (0,43) e NF (0,41) (Tabela 46), tendo em ambos casos uma maior contribuição genética do que ambiental no valor de $\hat{r}_{F(12)}$, devido o baixa valor de $\hat{r}_{e(12)}$ e alto de $\hat{r}_{G(12)}$, em ambos caracteres.

Indicação de correlação ambiental ao nível de parcela, ocorreu entre PG e os seguintes caracteres: IE (0,42), NRP (0,35), DE (0,27), AP (0,23) e PS6P (0,23) (Tabela 45), mostrando que no casos do aumento da produção devido a

melhoria do ambiente, pode ocorrer aumento desses caracteres.

Para PG e CE, houve indicação de correlação ambiental negativa ($\hat{r}_{E(12)} = -0,27$, Tabela 45), mostrando uma tendência do aumento da produção devido o ambiente acarretar diminuição da CE. Vários fatores ambientais afetam a capacidade de expansão, sendo os mais importantes : a umidade dos grãos (WILLIER & BRUNSON, 1927; ELDREDGE, 1949, HOSENEY *et al.*, 1983; SAWAZAKI *et al.*, 1986), método de secagem (ZIEGLER & ASHMAN, 1994) e a integridade do pericarpo (HOSENEY *et al.*, 1983). Indicação de correlação ambiental negativa com a CE, também foi observada para IE (-0,19, Tabela 46).

5. CONCLUSÕES

1- A variedade que apresentou maior potencial genético, foi a Guarani, com maior capacidade geral de combinação para uma série de caracteres importantes para o melhoramento do milho pipoca, como a produção, prolificidade, menor espessura do pericarpo na posição abgerminal, maior resistência a *Exserohilum turcicum* (Pass.) Leonard & Suggs e a podridão das espigas. Em relação ao grupo de variedades, ela foi a mais divergente, sendo um material promissor tanto para o melhoramento intra ou interpopulacional.

2 - Outras variedades também se destacaram para determinados caracteres, podendo ser utilizadas para fins mais específicos em um programa de melhoramento. Nesta situação temos a UFV Amarelo para aumento da capacidade de expansão da pipoca e Americano para redução do porte da planta e aumento da espessura do pericarpo do grão.

2- A heterose específica ($s_{jj'}$) foi significativa para peso de grãos, capacidade de expansão e espessura do pericarpo do grão nas posições da coroa e abgerminal, indicando existência de diferenças suficientemente grandes entre as frequências médias de genes dominantes em pelo menos parte das variedades para estes caracteres.

3 - Os compostos que incluem a variedade Guarani deverão ser os mais promissores quanto a produção, prolificidade, resistência a doenças e sanidade das espigas, enquanto os que incluem as variedades Pirapoca Amarela e UFV Amarelo, terão melhor qualidade da pipoca. O composto amplo teve um comportamento muito próximos aos melhores compostos, tanto para produção como para qualidade da pipoca, e devido a sua maior variabilidade genética, é o material mais promissor para ser utilizado em um programa de melhoramento.

4- A interpopulação SAM x IAC 64 apresentou alta variabilidade genética para produção (PG) e capacidade de expansão da pipoca (CE). A relação $\hat{\sigma}_D^2/\hat{\sigma}_A^2$ foi de 2,01 para PG, indicando que maior parte desta variabilidade se deve a variância genética dominante, que não é aproveitada pela seleção recorrente, mas pode ser explorada nos híbridos intervarietais e de linhagens. Para caracteres da planta e da espiga, a variabilidade genética da interpopulação foi baixa, exceto para IE.

5- Não houve correlação genética entre produção e capacidade de expansão da pipoca, indicando a possibilidade de obtenção de híbridos entre SAM e IAC 64, com alta produtividade e qualidade da pipoca. As relações observadas entre os caracteres indica que a seleção de plantas prolíficas, de pendão com menor número de ramificações e de espigas compridas, podem contribuir para obtenção de ganhos indiretos na produção e qualidade da pipoca da interpopulação SAM x IAC 64.

6. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- ARIAS, C.A. **Componentes de variância e covariância genética relacionados à seleção recorrente intra e interpopulacional no milho** (*Zea mays* L.). Piracicaba, 139p., 1995 (Doutorado - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz"/USP).
- ALEXANDER, D.E. Breeding special nutritional and industrial types. In : SPRAGUE, G.F. & DUDLEY, J.W. **Corn and Corn Improvement**. 3° ed., Madison, American Society of Agronomy. 1988, cap. 14, p.869-80.
- ALEXANDER, D.E. & CREECH, R.G. Popcorn. In: SPRAGUE, G.F., ed. **Corn and Corn Improvement**. 2° ed., Madison, American Society of Agronomy, 1977, p.385-390.
- ANDRADE, J.A.C. & MIRANDA FILHO, J.B. Estimativas de parâmetros genéticos para caracteres do pendão na população ESALQ-PB1 de milho. **Relatório Científico do Instituto de Genética**, Piracicaba, **13**:15-21, 1979.
- ANDRADE, J.A.C. & MIRANDA FILHO, J.B. Correlações genéticas e fenotípicas envolvendo caracteres da planta e do pendão do milho. **Relatório Científico do Instituto de Genética**, Piracicaba, **14**:5-10, 1980.
- BARRIGA, P. & VENCOVSKY, R. Heterose da produção de grãos e de outros caracteres agrônômicos em cruzamentos intervarietais de milho. **Ciência e Cultura**. São Paulo, **25**:880-85, 1973.
- BEADLE, G.W. The mystery of maize. **Field Museum Natural Hist.**

- Bull.**, **44**(10):2-11, 1972.
- BENITEZ TORRES, L. **Avaliação de progênies de irmãos germanos obtidas por cruzamentos em cadeia em duas populações de milho** (*Zea mays* L.). Piracicaba, 1986. 102p. (Mestrado - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz"/USP).
- BIANCO, S. **Avaliação do potencial genético de populações de milho** (*Zea mays* L.) **braquítico para teor de óleo na semente**. Piracicaba, 98p., 1984. (Mestrado - Escola Superior de Agricultura "Luiz de queiroz"/USP).
- BOX, G.E.P. Some theorems on quadratic forms applied in the study of analyses of variance problems, I. **Ann. Mathematical Statistics**, **25**:290-302, 1954.
- BRUNSON, A.M. Popcorn breeding. In : U.S.Dept. Agricultural. **Yearbook Agricultural**. Washington, 1937. p.395-404.
- CASTRO, M., C.O. GARDNER & LONNQUIST, J.H. Cumulative gene effects and the nature of heterosis in maize crosses involving genetically races. **Crop Science**, Madison, **8**:97-101, 1968.
- CLARY, G.B. **Study of the inheritance of popping expansion in popcorn**. West Lafayette, 1954. (Ph.D.- Purdue University).
- CRUMBACKER, D.E; JOHNSON, I.J.; ELDRIDGE, J.C. Inheritance of popping volume and associated characters in crosses between popcorn and dent corn. **Agronomy Journal**, Madison, **41**: 207-12, 1949.
- CRUZ, C.D. & REGAZZI, A.J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa, Imprensa universitária, UFV, 1994. 380p.
- DOFING, S.M.; THOMAS-COMPTON, M.A.; BUCK, J.S. Genotype x popping method interaction for expansion volume in popcorn. **Crop Science**, Madison, **30**:62-5, 1990.
- 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, **31**: 715-18, 1991.
- DUDLEY, J.W. & MOLL, R.H. Interpretation and use of estimates

- of heritability and genetics variance in plant breeding. **Crop Science**, Madison, **9**:257-62, 1969.
- EBERHART, S.A.; HARRISON, N.N.; OGADA, F. A comprehensive breeding system. **Der Zuchter**, **37**:169-74, 1967.
- ELDREDGE, J.C. Better popping popcorn. **Iowa Farm Science**, Iowa, **3**(9):6-7, 1949.
- ELLIOTT, C. & JENKINS, M.T. *Helminthosporium turcicum* leaf blight of corn. **Phytopathology**, **36**:660-66, 1946.
- FALCONER, D.S. **Introduction to Quantitative Genetics**. New York, The Ronald Press, 1960. p.365.
- FANTIN, G.M.; SAWAZAKI, E.; BARROS, B.C. Avaliação de variedades de milho pipoca quanto a resistência a doenças e qualidade da pipoca. **Summa Phytopathológica**, Jaguariúna, **17**(2):90-104, 1991.
- GAMA, E.E.G.; VIANA, R.T.; NASPOLINI FILHO, V.; MAGNAVACA, R. Heterosis for four characters in nineteen populations of maize (*Zea mays* L.). **Egyptian Journal of Genetic and Cytology**. **13**(1):69-80, 1984.
- GARDNER, C.O. An evaluation of effects of mass selection and seed irradiation with thermal neutrons on yield of corn. **Crop Science**, Madson, **1**:241-45, 1961.
- GARDNER, C.O. Teoria de genética estatística aplicada a las médias de variedades, sus cruces y poblaciones afines. **Fiototecnia Latinoamericana**, Caracas, **2**:11-22, 1965.
- GARDNER, C.O. Simplified methods for estimating constants and computing sums of square for a diallel cross analysis. **Fiototecnia Latinoamericana**, Caracas, **4**:1-12, 1967.
- GARDNER, C.O. & EBERHART, S.A. Analysis and interpretation the variety cross diallel and related populations. **Biometrics**, Washington, **22**:439-52, 1966.
- GARDNER, C.O. & PATERNIANI, E. A genetic model used to evaluate the breeding potential of open-pollinated varieties of corn. **Ciência e Cultura**, São Paulo, **19**:95-101, 1967.
- GERALDI, I.O. **Estimação de parâmetros genéticos de caracte-**

- res do pendão em milho (*Zea mays* L.) e perspectivas de melhoramento.** Piracicaba, 1977, 103 P. (Mestrado - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz"/USP).
- GEVERS, H.O. A new major gene for resistance to *Helminthosporium turcicum* leaf blight of maize. **Plant Disease Reporter**, **59**:296-99, 1975.
- GOODMAN, M. Estimates of genetic variance in adapted and exotic population of maize. **Crop Science**, Madison, **5**:87-90, 1965.
- GRIFFING, B. A generalized treatment of the use of diallel crosses in quantitative inheritance. **Heredity**, Edinburgh, **10**:31-50, 1956a
- GRIFFING, B. Concept of general and specific combining ability in relation to diallel crossing systems. **Australian Jour. Biol. Sci.**, **9**:463-93, 1956b.
- HALLAUER, A.R. Genetic variability for yield after four cycles of reciprocal recurrent selections in maize. **Crop Science**, Madison, **10**:482-85, 1970.
- HALLAUER, A.R. & EBERHART, S.A. Evaluation of synthetic varieties of maize for yield. **Crop Science**, Madison, **6**: 423-27, 1966.
- HALLAUER, A.R. & SEARS, J.H. Second phase in the evaluation of synthetic varieties of maize for yield. **Crop Science**, Madison, **8**:448-51, 1968.
- HALLAUER, A.R. & MIRANDA FILHO, J.B. **Quantitative genetics in maize breeding**, 1^o ed., Ames, Iowa State Univ. Press, 1981. cap. 4, p.45-113.
- HAYMAN, B.I. The analysis of variance of diallel tables. **Biometrics**, Raleigh, **10**: 235-44, 1954a.
- HAYMAN, B.I. The theory and analysis of diallel crosses. **Genetics**, Princeton, **39**:789-809, 1954b.
- HILU, H.M. & HOOKER, A.L. Monogenic chlorotic lesion resistance to *Helminthosporium turcicum* in corn seedlings. **Phytopathology**, **53**:909-12, 1963.
- HOOKER, A.L. A new type of resistance in corn to *Helminthos-*

- porium turcicum*. **Plant Disease Reporter**, **45**:780-81, 1961.
- HOOKEER, A.L. & PERKINS, J.M. Helminthosporium leaf blight of corn - the state of the art. **Proceedings of the Third fifth Annual Corn and Sorghum Conference**. American Seed Trade Association, Chicago, p.68-87, 1980.
- HOSENEY, R.C.; ZELENZAK, K; ABDELRAHMAN, A. Mechanism of popcorn popping. **Journal of Cereal Science**, London, **1**:43-52, 1983
- IDE, F.; SOUZA JR. C.L.; ZINSLY, JR. Heterose dos caracteres da espiga em cruzamentos dialélicos entre seis variedades de milho braquítico. **Relatório Científico do Instituto de Genética**. Piracicaba, **14**(2):35-40, 1980.
- JOHNSON, G.R. Diallel anlysis of leaf area heterosis and relationship to yield in maize. **Crop Science**, Madison, **13**:178-80, 1973.
- JOHNSON, I,J, & ELDREDGE, J.C. Performance of recovered popcorn inbred lines derived from outcrosses to dent corn. **Agronomy Journal**, Madson, **45**:105-10, 1953
- KEMPTHORNE, O. **An introduction to genetic statistics**. 3rd ed. New York, John Wiley & Sons, 1966, 545 p.
- KEMPTHORNE, O. & CURNOW, R.N. the partial diallel crosses. **Biometrics**, Raleigh, **17**(2):229-50, junho, 1991.
- LINARES, E. **Seleção recorrente recíproca em famílias de meios irmãos em milho pipoca (Zea mays L.)**. Piracicaba, 1987. 78p. (Mestrado - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz"/USP)
- LIRA, M.A. **Seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos para produção, capacidade de expansão e correlações entre alguns caracteres em milho pipoca (Zea mays L.)**. Lavras, MG.,1983. 63p. (Mestrado-Escola Superior de Agricultura de Lavras).
- LONNQUIST, J.H. Mass selection for prolificay in maize. **Der Zuchter**, **37**:185-88, 1967.
- LORDÊLO, J.A.C. **Parâmetros genéticos das populações de milho**

- Piranão VD-2 e Piranão VF-1.** Piracicaba, 1982, 63p. (Mestrado-Escola Superior de Agricultura de "Luiz de Queiroz"/USP).
- LYERLY, P.J. Some genetic and morphological characters affecting the popping expansion of popcorn. **Journal American Society of Agronomy**, Madson, **34**:986-995, 1942.
- MAMEDE, F.B.F. **Estimação de parâmetros genéticos e fenotípicos em duas populações de milho (*Zea mays* L.) opaco.** Piracicaba, 1991, 183p. (Doutorado - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz"/USP).
- MANGELSDORF, P.C & REEVES, R.G. The origin of indian corn and its relative. Texas, **Texas Agric. Exp. College Station**, 1939. Bull. 574.
- MARTINS, C.S. **Potencial genético de linhagens e híbridos de duas populações de milho (*Zea mays* L.) braquíticos.** Piracicaba, 1986. 143p. (Mestrado - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz"/USP).
- MARTINS, S.S.; LOESCH, P.J.; WISER, W.J. A simplified technique for measuring pericarp thickness in maize. **Maydica**, Bergamo, **25**(1);9-16, 1980.
- MIRANDA, L.T.; MIRANDA, L.E.C.; SAWAZAKI, E. **Genética ecológica e melhoramento do milho.** Campinas, Fundação Cargill, 1984. 30p.
- MIRANDA FILHO, J.B. **Cruzamentos dialélicos e síntese de compostos de milho (*Zea mays* L.) com ênfase na produtividade e no porte da planta.** Piracicaba, 1974. 116p. (Doutorado - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz"/USP).
- MIRANDA FILHO, J.B. Avaliação de famílias de meios irmãos na população ESALQ-PB1. **Relatório Científico do Instituto de Genética.** Piracicaba, **11**:90-94, 1977.
- MIRANDA FILHO, J.B. Avaliação de híbridos crípticos So x So entre duas populações de milho Braquítico. **Relatório Científico do Instituto de Genética**, Piracicaba, **13**:159-71, 1979.

- MIRANDA FILHO, J.B. Componentes da variância genética em progênies de cruzamentos em cadeia. **Relatório Científico do Instituto de Genética**, Piracicaba, **16**: 77-85, 1982.
- MIRANDA FILHO, J.B. & PATERNIANI, E. Intra and interpopulation genetic parameter estimates and implications in selection. **Brazilian Journal of Genetics**, Ribeirão Preto, **6**:15-27, 1983.
- MIRANDA FILHO, J.B. de & VENCovsky, R. Analysis of variance with interaction of effects. **Brazilian Journal of Genetics**, Ribeirão Preto, **18**(1):129-34, 1995.
- MOLL, R.H. & ROBINSON, H.F. Quantitative genetic investigation of yield of maize. **Der Zuchter**, **37**: 1992-99, 1967.
- MÔRO, J.R. **Avaliação de quinze sintéticos de milho (Zea mays L.) em cruzamentos dialélicos**. Piracicaba, 1987, 65p. (Livro Docente - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz"/USP).
- NASPOLINI FILHO, V.; GAMA, E.E.G.; VIANA, R.T.; MORO, J.R. General and specific combining ability for yield in a diallel cross among 18 maize populations (Zea mays L.). **Brazilian Journal of Genetics**. Ribeirão Preto, **4**(4):571-78, 1981.
- NASS, L.L. **Variabilidade de populações semi-exóticas de milho (Zea mays L.)**. Piracicaba, 1992, 136p. (Doutorado - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz"/USP).
- OBILANA, B.A. **Estimation of genetics components of variance in the interpopulation formed by crossing two maize synthesis BS10 and BS11**. Ames, 1977, (PhD-Iowa State University).
- OBILANA, B.A.; HALLAUER, A.R.; SMITH, O.S. Estimated genetic variability in maize interpopulation. **The Journal of Heredity**. Washington, **70**:127-32, 1979.
- PATERNIANI, E. Influence of tassel size on ear placement in maize (Zea mays L.). **Maydica**, Bergamo, **26**(2):85-91, 1981.
- PATERNIANI, E. & VENCovsky, R. Reciprocal recurrent selec-

- tion in Maize (*Zea mays* L.) based on testcrosses of half-sib families, **Maydica**, Bergamo, 22:141-152, 1977.
- PATERNIANI, E. & VENCOVSKY, R. Reciprocal recurrent selection based on half-sib progenies and prolific plants in maize (*Zea mays* L.), **Maydica**, Bergamo, 23:209-219, 1978.
- PIMENTEL GOMES, F. **Curso de estatística experimental**. 13° ed. Piracicaba, Nobel S/A, 1990. 467p.
- REGITANO NETO, A. **Avaliação quantitativa da estrutura genética de uma população de milho pipoca**. Piracicaba, 1993. 115p. (Mestrado - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz"/USP).
- RICHARDSON, D.L. Pericarp thickness in popcorn. **Agronomy Journal**, Madison, 52: 185-91, 1960.
- RISSI, R. **Estimação de parâmetros genéticos em duas subpopulação da variedade de milho (*Zea mays* L.)**. Piranão. Piracicaba, 87p. 1980. (Mestrado - Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz"/USP).
- ROBBINS, W.A & ASHMAN, R.B. Parent-offspring popping expansion correlation in progeny of dent corn x popcorn and flint corn x popcorn crosses. **Crop Science**, Madison, 24: 119-21, 1984.
- SAWAZAKI, E. **Treze ciclos de seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos para produção de grãos no milho IAC Maya**. Piracicaba, 1979. 99p. (Mestrado - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz" /USP).
- SAWAZAKI, E.; MORAIS, J.F.L.; LAGO, A.A. Influência do tamanho e umidade do grão na expansão da pipoca South American Mushroom. **Bragantia**, Campinas, 45(2): 363-70, 1986.
- SAWAZAKI, E.; ISHIMURA, I.; ROSSETTO, C.J.; MAEDA, J.A.; SAES, L.A. Milho verde: avaliação da resistência à lagarta da espiga, da espessura do pericarpo e outras características agrônômicas. **Bragantia**, Campinas, 49(2):241-61. 1990.
- SILVA, J. **Seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos no milho Cateto Colombia Composto**. Piracicaba, 1969. 69p.

- (Mestrado-Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz"/USP).
- SINGULAS, K.M.; HILL JR. R.R.; AYERS, J.E. Genetic analysis of *Exserohilum turcicum* lesion expansion on corn. **Phytopathology**, **78**:149-53, 1988.
- SMITH, C.S.; MOCK, J.J.; CROSBIE, T.M. Variability for morphological traits associated with barrenness and grain yield in the maize population, Iowa Upright Leaf Synthetic 1. **Crop Science**, Madison, **22**: 328-32, 1982.
- SOARES, A.M.Q.; LOPES, C.A.; REIFSCHNEIDER, F.J.B. Avaliação de populações de milho-pipoca para resistência à *Eserohilum turcicum*. **Horticultura Brasileira**, Brasília, **11**(1):22-24, 1993.
- SOUZA JUNIOR, C.L. **Análise de cruzamentos dialélicos e predição de composto de milho (*Zea mays* L.) braquítico**. Piracicaba, 1981. 102p. (Mestrado - Escola superior de Agricultura "Luiz de Queiroz"/USP).
- SOUZA JUNIOR, C.L. **Variabilidade genética em milho (*Zea mays* L.) e relações com a seleção recorrente intra e interpoblacional**. Piracicaba, 1983. 151p. (Doutorado - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz"/USP).
- SOUZA, JUNIOR, C.L. Comparisons of intra-interpopulation and modified recurrent selection methods. **Brazilian Journal of Genetics**, Ribeirão Preto, **16**:91-105, 1993.
- SOUZA JUNIOR, C.L.; MIRANDA FILHO, J.B. de; ZINSLY, J.R. Potencial genético de dois composto de milho (*Zea mays* L.) para obtenção de híbridos. **Relatório Científico do Instituto de Genética**, Piracicaba, **14**:153-62, 1980.
- SOUZA JUNIOR, C. L.; GERALDI, I. O.; ZINSLY, J. R. Influence of tassel size on the expression of prolificacy in maize (*Zea mays* L.) **Maydica**, Bergamo, **30**: 321-28, 1985.
- SOUZA JUNIOR, C.L. & MIRANDA FILHO, J.B.de. Genetics variability in two maize (*Zea mays* L.) population and its relationship with intra and interpopulation recurrent selection. **Brazilian Journal of Genetics**, Ribeirão Preto, **12**: 271-

85, 1989.

- SOUZA JÚNIOR, C.L.; SANTOS, M.X.; MAGNAVACA, R.; GAMA, E.E.G. Estimativas de parâmetros genéticos na interpopulação de milho BR 105 x BR 106 e suas implicações no melhoramento. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, Brasília, 28(4):473-79, 1993.
- STUBER, C.W. Characterization and estimation of genetic parameters in the interpopulation formed by crossing two population of maize. Raleigh, 1965. 105p. (Ph.D. Thesis, North Carolina State University)
- THOMAS, W.I. & GRISSOM, O.G. Cycle evaluation of reciprocal recurrent selection for popping volume, grain yield and resistance to root lodging in popcorn. *Crop Science*, Madison, 1: 197-200, 1961.
- TROYER, A.F. & HALLAUER, A.R. Analysis of a set of early flint varieties of maize. *Crop Science*, Madison, 8: 581-84, 1968.
- ULLSTRUP, A.L. A comparison of monogenic and poligenic resistance to *Helminthosporium turcicum* in corn. *Proceedings of the Twenty-fifth Annual Corn and Sorghum Research Conference*. American Seed Trade Association. Washington, p.147-53, 1970.
- VELLO, N.A. & VENCOVSKY, R. Erros associados às estimativas de parâmetros genéticos. In: *Região Brasileira da Sociedade Internacional de Biometria*. Reunião comemorativa dos 90 anos do Instituto Agrônomo de Campinas, Campinas, 1978. Mimeografado. 7p.
- VENCOVSKY, R. Análise de cruzamentos dialélicos entre variedades pelo método de Gardner e Eberhart. *Relatório Científico do Instituto de Genética*, Piracicaba, 3:99-111, 1969.
- VENCOVSKY, R. Alguns aspectos teóricos e aplicados relativos a cruzamentos dialélicos de variedades. Piracicaba, 59p., 1970. (Livre - Docência, Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz"/USP.)
- VENCOVSKY, R. Herança quantitativa. in : Paterniani, E., ed.

- Melhoramento e Produção do Milho no Brasil.** Piracicaba, Marprint, 1978. cap.5, p.122-95.
- VENCOVSKY, R., BARRIGA, P. **Genética Biométrica no Fitomelhoramento.** Ribeirão Preto, Sociedade Brasileira de Genética, 1992, 486p.
- VENCOVSKY, R.; MIRANDA FILHO, J.B. de; SOUZA JUNIOR, C.L. Quantitative genetics and corn breeding in Brasil. In: **International Conference on Quantitative Genetics**, 2, Raleigh, 1987. "**Proceedings**", Sunderland, Sinauer Associates, 1988, p.465-77.
- 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. & VIÉGAS, G.P. ed. **Melhoramento e Produção do Milho.** 2º ed., Campinas, Fundação Cargill, 1987. cap.10, p.411-21.
- ZIMBACK, L. **Estimação de parâmetros genéticos e fenotípicos em uma variedade de milho dentado braquítico opaco (*Zea mays* L.).** Piracicaba, 169p., 1985. (Mestrado - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz"/USP).
- WEAVER, B.L. & THOMPSON, A.E. White hullless popcorn fifteen generations of selection for improved popping expansion. *Bulletins series Univ. of Illinois Agric. Exp. Stn. Bull.* **616.** p.1-19, 1957.
- WEBEL, O.D & LONNQUIST, J.H. An evaluation of modified ear to-row selection in a population of corn (*Zea mays* L.). **Crop Science**, Madson, **7:**651-55, 1967.
- WILLIER, J.B & BRUNSON, A.M. Factor affecting the popping quality of pop corn. **Journal Agricultural Research**, **35:** 615-24, 1927.

T A B E L A S

Tabela 12. Características climáticas dos ambientes onde foram desenvolvidos os ensaios dos cruzamentos dialélicos em 1983/84.

Campinas				Manduri				Pariquera-Açu				Mococa				Ribeirão Preto			
Períodos* precip. t. máx. t. mín.				precip. t. máx. t. mín.				precip. t. máx. t. mín.				precip. t. máx. t. mín.				precip. t. máx. t. mín.			
dias	mm	°C	mm	dias	mm	°C	mm	dias	mm	°C	mm	dias	mm	°C	mm	dias	mm	°C	mm
1 - 10	29,9	27,2±2,0	16,2±1,4	6,9	27,8±3,1	15,7±1,8	2,6	34,0±1,7	22,3±0,9	35,0	28,5±1,1	17,8±0,9	53,0	30,6±0,8	17,3±0,7				
11 - 20	20,2	28,9±2,3	18,3±1,5	12,3	27,2±3,0	16,4±1,7	92,6	30,0±2,2	21,2±1,3	13,9	27,5±3,3	17,8±1,0	40,2	28,0±3,3	17,0±1,2				
21 - 30	54,2	29,1±2,3	17,3±1,6	51,0	26,5±4,2	14,4±2,3	53,6	28,3±1,9	19,7±1,4	111,8	26,7±3,3	17,9±1,0	113,5	27,6±3,2	17,4±1,2				
31 - 40	71,6	28,7±1,4	16,7±1,2	17,2	27,8±4,0	16,1±1,6	128,4	26,4±3,5	19,5±1,8	48,1	26,0±3,5	16,6±2,0	77,7	26,0±4,0	15,5±1,8				
41 - 50	123,1	27,2±1,5	18,8±0,6	25,6	28,8±2,9	16,4±3,2	32,6	26,0±1,3	16,9±2,0	96,5	28,7±2,1	17,8±1,2	26,8	28,9±2,6	17,0±1,7				
51 - 60	42,8	28,5±2,0	19,0±1,0	46,0	29,7±2,0	16,4±2,1	49,6	28,9±2,5	20,2±0,9	92,4	28,3±2,7	18,1±1,6	118,8	28,5±3,0	17,4±1,4				
61 - 70	114,8	28,4±2,3	18,8±1,0	64,2	29,2±1,5	17,5±0,9	34,6	23,6±2,5	17,3±2,5	3,2	29,1±2,0	18,2±0,9	6,5	29,8±2,5	17,6±1,4				
71 - 80	48,7	32,1±1,4	18,9±1,1	75,4	29,6±1,2	17,2±5,5	39,0	27,1±5,1	19,5±1,1	143,6	27,2±1,7	18,9±0,8	75,2	28,4±1,5	17,8±0,5				
81 - 90	42,4	31,4±3,4	19,9±1,7	129,4	28,0±1,9	18,7±1,0	20,6	27,2±2,8	17,9±2,7	231,5	27,8±2,3	19,5±0,8	130,0	28,0±2,8	18,7±1,2				
91 - 100	56,5	29,6±4,0	19,6±0,9	60,0	31,1±1,8	18,3±3,7				147,5	27,4±2,0	18,7±0,6	127,5	27,7±1,9	18,2±0,7				
101 - 110	9,6	31,9±1,4	20,2±1,0	11,5	34,1±1,4	19,4±1,5				18,0	30,8±1,5	19,7±1,5	3,7	31,3±1,7	18,9±1,7				
111 - 120	5,9	32,6±0,8	19,9±1,5	56,5	29,4±2,2	19,8±2,2				3,7	34,1±1,5	19,2±1,8	1,0	34,3±1,5	19,2±1,2				
Plantio	27/10/83			30/09/83				24/02/84				24/09/83				22/09/83			
colheita	28/02/84			05/05/84				----				25/01/84				16/01/84			
ciclo até colheita	126 dias			128 dias				----				123 dias				116 dias			
latitude	22 53'			23 10'				24 43'				21 28'				22 11'			
longitude	47 05'			49 20'				47 53'				47 01'				47 48'			
altitude	669m			589m				25m				665 m				621 m			

*dias após plantio.

Tabela 13. Característica climáticas dos ambientes em Campinas e Mococa, onde foram desenvolvido os ensaios de progênies de irmãos germanos em 1992/93.

Períodos*	Campinas			Mococa		
	precip.	t.máx.	t.mín.	precip.	t.máx.	t.mín.
	mm	-----°C-----		mm	-----°C-----	
dias						
1 - 10	63,0	29,2±2,5	17,9±2,5	47,3	28,2±2,1	18,5±1,6
11 - 20	155,8	26,4±3,8	16,1±3,0	151,6	29,5±1,4	18,7±1,9
21 - 30	41,5	29,9±2,4	18,5±0,8	58,6	26,7±3,3	19,0±1,6
31 - 40	54,3	27,5±3,3	17,8±1,6	85,5	30,2±1,9	18,8±1,1
41 - 50	75,7	28,4±2,1	17,1±1,2	49,6	27,9±2,7	19,0±2,4
51 - 60	58,8	28,1±1,8	17,6±1,5	33,8	29,1±2,1	18,8±1,1
61 - 70	2,7	30,1±1,9	17,8±1,9	58,4	28,8±1,9	18,9±1,4
71 - 80	25,4	31,7±2,0	20,0±1,9	38,5	29,8±1,6	18,7±1,8
81 - 90	157,3	27,8±3,4	19,3±0,8	5,8	29,9±3,5	19,4±1,4
91 - 100	19,6	28,7±1,6	19,1±0,7	75,3	24,3±3,5	19,7±1,1
101- 110	23,4	30,5±1,8	19,2±0,8	60,2	24,5±3,1	19,3±0,7
111- 120	146,2	31,3±0,9	19,1±0,9	95,0	29,5±1,9	19,1±0,8
Plantio		20/10/92		10/10/92		
colheita		12/03/93		9/03/93		
ciclo até colheita		141 dias		150 dias		

*dias após plantio

Tabela 14. Médias do peso de grãos (PG em kg/10m², a 14,5% de umidade e corrigidos para o estande¹) de seis variedades de milho pipoca e seus cruzamentos intervarietais, em quatro locais do Estado de São Paulo em 1983/84.

Tratamentos ²	Campinas	Mococa	Rib. Preto	Manduri	Médias
V1	3,756	2,843	3,255	2,246	3,033
V2	3,922	2,670	2,715	2,747	3,014
V3	3,980	2,233	2,581	2,145	2,735
V4	3,134	1,778	1,692	1,741	2,087
V5	3,534	2,441	2,453	2,554	2,746
V6	3,747	2,845	3,169	2,814	3,144
V1 x V2	4,757	3,287	4,105	3,399	3,887
V1 x V3	4,511	3,650	3,750	3,347	3,815
V1 x V4	4,348	3,240	3,475	2,858	3,481
V1 x V5	4,237	2,790	3,077	3,387	3,373
V1 x V6	5,832	4,467	5,396	3,124	4,705
V2 x V3	4,197	2,569	3,285	2,257	3,077
V2 x V4	5,013	2,959	2,831	3,280	3,521
V2 x V5	3,967	2,673	3,295	2,657	3,148
V2 x V6	5,962	3,676	4,489	2,817	4,221
V3 x V4	4,411	2,377	2,480	2,396	2,916
V3 x V5	3,532	2,719	3,314	2,436	3,000
V3 x V6	5,514	3,601	4,724	2,390	4,057
V4 x V5	3,722	2,134	2,220	2,472	2,637
V4 x V6	5,245	3,898	4,596	3,292	4,256
V5 x V6	5,655	4,035	4,930	3,518	4,535
Médias	4,427	2,994	3,421	2,756	3,400
C.V. %	10,23	14,44	11,76	22,00	14,12
Q.M.Resíduo	0,2052	0,1869	0,1618	0,3675	0,2304

¹Estande utilizado para correção da produção por covariância foram de: 60 (Campinas), 40 (Mococa), 50 (Ribeirão Preto) e 55 plantas (Manduri).

²V1 = SAM, V2 = Pirapoca Amarela, V3 = Americano, V4 = UFV Amarelo, V5 = Sintético e V6 = Guarani

Tabela 15. Médias da capacidade de expansão (CE), de seis variedades de milho pipoca e seus cruzamentos inter-varietais, em quatro locais do Estado de São Paulo em 1983/84.

Tratamentos ¹	Campinas	Mococa	Rib. Preto	Manduri	Médias
V1	23,97	24,13	23,47	21,10	23,17
V2	28,00	30,87	28,43	31,20	29,63
V3	31,00	29,90	28,23	28,53	29,42
V4	26,87	29,33	26,77	27,57	27,73
V5	25,43	29,20	25,33	26,67	26,66
V6	15,97	22,63	18,10	18,47	18,79
V1 x V2	30,20	27,23	25,43	25,53	27,10
V1 x V3	28,53	28,30	25,67	27,47	27,49
V1 x V4	27,67	29,77	25,67	30,77	28,47
V1 x V5	24,67	26,10	25,00	27,43	25,80
V1 x V6	19,23	23,80	22,43	24,27	22,43
V2 x V3	29,87	28,20	28,53	30,20	29,20
V2 x V4	28,03	31,00	28,57	30,00	29,40
V2 x V5	29,57	30,87	30,20	29,00	29,93
V2 x V6	25,53	26,47	26,37	28,87	26,81
V3 x V4	28,10	31,10	29,23	29,47	29,48
V3 x V5	28,23	31,00	26,90	26,00	28,03
V3 x V6	30,90	26,97	27,43	28,13	28,36
V4 x V5	30,93	28,47	29,13	25,53	28,51
V4 x V6	28,80	27,97	28,30	29,23	28,58
V5 x V6	26,23	28,67	26,53	30,80	28,06
Médias	27,03	28,19	26,46	27,44	27,28
C.V. %	5,39	4,63	4,74	5,79	5,16
Q.M.Resíduo	2,1191	1,7010	1,5711	2,5222	1,9785

¹V1 = SAM, V2 = Pirapoca Amarela, V3 = Americano, V4 = UFV Amarelo, V5 = Sintético e V6 = Guarani

Tabela 16. Médias do índice de espigas (IE), de seis variedades de milho pipoca e seus cruzamentos intervarietais, em quatro locais do Estado de São Paulo em 1983/84.

Tratamentos ¹	Campinas	Mococa	Rib. Preto	Manduri	Médias
V1	1,176	1,401	1,073	1,124	1,193
V2	1,127	1,187	1,084	0,942	1,085
V3	1,353	1,403	1,148	1,068	1,243
V4	1,243	1,797	0,926	0,965	1,235
V5	1,256	1,479	1,046	0,977	1,190
V6	1,665	2,075	1,606	1,265	1,652
V1 x V2	1,233	1,184	1,351	1,116	1,220
V1 x V3	1,254	1,459	1,346	1,113	1,293
V1 x V4	1,272	1,757	1,255	1,254	1,385
V1 x V5	1,128	1,347	1,098	1,103	1,169
V1 x V6	1,594	1,709	1,416	1,087	1,450
V2 x V3	1,179	1,293	1,183	0,893	1,137
V2 x V4	1,217	1,636	1,100	1,000	1,239
V2 x V5	1,150	1,369	1,084	0,936	1,135
V2 x V6	1,329	1,533	1,381	0,984	1,306
V3 x V4	1,180	1,452	1,025	0,996	1,163
V3 x V5	1,122	1,421	1,017	1,272	1,209
V3 x V6	1,546	1,322	1,486	1,022	1,344
V4 x V5	1,079	1,287	0,986	1,094	1,112
V4 x V6	1,409	1,644	1,493	1,199	1,438
V5 x V6	1,408	1,612	1,621	1,261	1,475
Médias	1,282	1,494	1,225	1,080	1,270
C.V. %	7,71	12,19	13,11	21,03	13,66
Q.M.Resíduo	0,0098	0,0331	0,0258	0,0515	0,0301

¹V1 = SAM, V2 = Pirapoca Amarela, V3 = Americano, V4 = UFV Amarelo, V5 = Sintético e V6 = Guarani

Tabela 17. Médias das alturas de planta (AP) e de espiga (AE), espessuras do pericarpo de duas posições do grãos: coroa (EPC) e abgerminal (EPA), de seis variedades de milho pipoca e seus cruzamentos intervarietais. Campinas, em 1983/84.

Tratamentos ¹	AP (cm)	AE (cm)	EPC (μ)	EPA (μ)
V1	199,3	114,3	71,6	103,7
V2	192,0	106,7	66,1	110,,6
V3	161,3	95,0	71,4	142,4
V4	181,7	98,3	67,6	118,4
V5	171,0	94,0	59,6	102,6
V6	206,0	134,8	54,6	73,6
V1 x V2	202,7	121,0	62,1	100,8
V1 x V3	196,0	109,7	69,0	114,6
V1 x V4	199,0	116,7	72,8	133,3
V1 x V5	185,3	101,0	62,6	111,3
V1 x V6	235,3	148,0	66,3	91,2
V2 x V3	177,7	95,0	71,3	119,7
V2 x V4	205,3	134,0	56,4	94,4
V2 x V5	184,0	104,3	78,9	128,1
V2 x V6	222,3	145,0	55,3	86,8
V3 x V4	206,7	112,7	68,8	135,8
V3 x V5	175,7	91,3	63,9	104,3
V3 x V6	201,0	123,0	74,8	104,4
V4 x V5	179,3	101,3	61,6	106,6
V4 x V6	222,3	133,7	65,1	73,6
V5 x V6	212,0	129,0	67,8	118,6
Médias	196,0	114,7	66,08	108,3
C.V. %	5,62	11,17	14,67	19,49
Q.M.Resíduo	121,4380	164,2254	93,9312	445,7473

¹V1 = SAM, V2 = Pirapoca Amarela, V3 = Americano, V4 = UFV Amarelo, V5 = Sintético e V6 = Guarani

Tabela 18. Médias da porcentagem de espigas doentes (%ED), de seis variedades de milho pipoca e seus cruzamentos intervarietais, em três locais do Estado de São Paulo em 1983/84.

Tratamentos ¹	Campinas	Mococa	Rib. Preto	Médias
	-----arc seno da $\sqrt{\%/100}$ -----			
V1	17,753	18,771	23,280	19,937
V2	18,211	27,121	27,898	24,409
V3	21,399	38,236	25,782	28,473
V4	29,007	33,911	28,021	30,314
V5	23,669	33,738	26,915	28,109
V6	13,437	11,684	19,853	14,990
V1 x V2	16,260	20,384	11,606	19,083
V1 x V3	19,397	22,867	24,145	22,136
V1 x V4	24,792	18,934	20,716	21,480
V1 x V5	15,902	18,954	19,520	18,125
V1 x V6	11,676	13,240	12,011	12,309
V2 x V3	18,285	34,788	25,626	26,233
V2 x V4	12,251	22,889	26,014	20,385
V2 x V5	22,994	26,623	25,361	24,994
V2 x V6	13,195	14,394	11,905	13,165
V3 x V4	24,536	25,836	25,860	25,349
V3 x V5	22,273	37,083	33,664	31,005
V3 x V6	16,984	15,814	16,816	16,537
V4 x V5	18,972	35,206	29,381	27,853
V4 x V6	17,226	2,683	15,837	11,915
V5 x V6	13,133	18,575	20,212	17,306
Médias	18,627	23,416	22,401	21,481
C.V. %	22,16	27,02	28,05	26,41
Q.M.Resíduo	17,0445	40,0272	39,4928	32,1853

¹V1 = SAM, V2 = Pirapoca Amarela, V3 = Americano, V4 = UFV Amarelo, V5 = Sintético e V6 = Guarani

Tabela 19. Médias da escala diagramática de notas* de *Exserohilum turcicum* (NEt), de seis variedades de milho pipoca e seus cruzamentos intervarietais, em dois locais do Estado de São Paulo em 1983/84.

Tratamentos ¹	Campinas	Pariquera-Açu	Médias
V1	1,83	2,93	2,38
V2	2,43	4,07	3,25
V3	1,73	4,20	2,97
V4	1,60	4,23	2,92
V5	2,27	3,97	3,12
V6	0,73	2,30	1,52
V1 x V2	1,83	3,47	2,65
V1 x V3	1,60	3,47	2,53
V1 x V4	1,70	3,53	2,62
V1 x V5	2,20	3,60	2,90
V1 x V6	0,63	2,07	1,35
V2 x V3	2,17	4,00	3,08
V2 x V4	2,10	4,10	3,10
V2 x V5	2,63	3,60	3,12
V2 x V6	0,83	3,00	1,92
V3 x V4	1,33	4,33	2,83
V3 x V5	1,67	4,00	2,83
V3 x V6	0,77	2,73	1,75
V4 x V5	2,03	4,27	3,15
V4 x V6	0,60	2,20	1,40
V5 x V6	0,77	2,63	1,70
Médias	1,594	3,462	2,528
C.V %	20,83	12,45	15,22
Q.M.Resíduo	0,1102	0,1858	0,1480

¹V1 = SAM, V2 = Pirapoca Amarela, V3 = Americano, V4 = UFV Amarelo, V5 = Sintético e V6 = Guarani

*notas de 0 (sem infecção) a 5 (lesões em todas as folhas).

Tabela 20. Médias das variedades de milho pipoca avaliadas no dialélico, média geral (HI) e intervalo de variação dos híbridos (IV) e heterose em relação à média ($\hat{H}_m$), para os caracteres: peso de grãos (PG), capacidade de expansão (CE), índice de espigas (IE), alturas da planta (AP) e da espiga (AE), escala diagramática de notas de *E. turcicum* (NEt), espessura do pericarpo na posição da coroa (EPC) e abgerminal (EPA) do grão.

Var.*	Caracteres								
	PG t/ha	CE	IE esp/pl.	AP cm	AE cm	%ED arcsen	NEt nota	EPC ---μ---	EPA
V1	3,03	23,2	1,19	199	114	19,9	2,4	72	104
V2	3,01	29,6	1,01	192	107	24,4	3,3	66	111
V3	2,74	29,4	1,24	161	95	28,5	3,0	71	142
V4	2,09	27,7	1,24	182	98	30,3	2,9	68	118
V5	2,75	26,7	1,19	171	94	28,1	3,1	60	102
V6	3,14	18,8	1,65	206	135	15,0	1,5	55	74
média	2,79	25,9	1,25	185	107	24,4	2,7	65	109
HI	3,64	27,8	1,27	200	118	20,5	2,5	66	108
IV	2,64	22,4	1,11	175	91	11,9	1,4	55	74
	4,71	29,9	1,48	235	148	31,0	3,2	75	133
$\hat{H}_m$ (%)	30,47	7,34	1,60	8,11	10,28	-15,98	-7,41	1,54	-0,92

*V1 = SAM, V2 = Pirapoca Amarela, V3 = Americano, V4 = UFV Amarelo, V5 = Sintético e V6 = Guarani.

Tabela 21. Análise conjunta da variância¹ de quatro locais e da tabela dialética obtida das médias, para os caracteres : peso de grãos (PG, em kg/10m²) e índice de espigas (IE).

F. Variação	G.L.	PG		IE	
		Q.M.	F	Q.M.	F
Locais (L)	3	34,34703	**	1,86429	**
Blocos\L	8	0,78845	**	0,07312	*
Tratamentos (T)	20	5,62947	**	0,24445	**
Variedades (V)	5	9,97964	**	0,82350	**
Heteroses ($h_{jj'}$)	15	4,17941	**	0,05143	
H. média ($\bar{h}_m$)	1	37,28609	**	0,00149	
H. variedade (h_j)	5	3,83282	**	0,04468	
H. específ. ($s_{jj'}$)	9	0,69343	**	0,06073	*
L x T	60	0,48054	**	0,05212	*
(V x L)	15	0,77658	**	0,10102	**
($h_{jj'}$ x L)	45	0,38186	*	0,03583	
($\bar{h}_m$ x L)	3	0,96298	**	0,09229	*
(h_j x L)	15	0,58409	**	0,02980	
($s_{jj'}$ x L)	27	0,20493		0,03290	
CGC	5	12,06010	**	0,40160	**
Resíduo médio	160	0,23036		0,03008	

¹delineamento de blocos casualizados ao nível de média de parcela;

*, **: respectivamente significativo a 5% e a 1% pelo teste F.

Tabela 22. Análise conjunta da variância¹ de quatro locais e da tabela dialélica obtida das médias, para capacidade de expansão (CE).

Fonte de Variação	G.L.	Q.M.	F
Locais (L)	3	33,160757	**
Tratamentos (T)	20	91,418523	**
Variedades (V)	5	255,328934	**
Heteroses ($h_{jj.}$)	15	36,781796	**
H. média ($\bar{h}_m$)	1	199,389481	**
H. variedade (h_j)	5	37,870037	**
H. específica ($s_{jj.}$)	9	18,331917	**
L x T	60	7,635624	**
(V x L)	15	5,567078	**
($h_{jj.}$ x L)	45	8,325140	**
($\bar{h}_m$ x L)	3	9,896650	**
(h_j x L)	15	5,920241	**
($s_{jj.}$ x L)	27	9,486582	**
CGC	5	82,43260	**
Resíduo	168	1,978538	

¹delineamento inteiramente casualizado ao nível de média de parcela;

*,**respectivamente significativos a 5 e 1% pelo teste F.

Locais: Campinas, Manduri, Mococa e Ribeirão Preto.

Tabela 23. Análise conjunta da variância¹ e da tabela dialélica obtida das médias, para porcentagem de espigas doente (%ED, três locais) e escala diagramática de notas de *Exserohilum turcicum*(NEt, dois locais).

F. de Variação	% ED (arc seno)			NEt (nota ²)		
	G.L.	Q.M.	F	G.L.	Q.M.	F
Locais (L)	2	401,1463	**	1	109,94674	**
Blocos\L	6	105,6431	**	4	0,99056	**
Tratamentos (T)	20	330,2186	**	20	2,48889	**
Variedades (V)	5	1.020,4328	**	5	8,82527	**
Heteroses ($h_{jj},$)	15	100,1465	**	15	0,37533	**
H. média ($\bar{h}_m$)	1	631,6973	**	1	1,37610	**
H. variedade (h_j)	5	94,4671	**	5	0,62366	**
H. espec. ($s_{jj},$)	9	44,2404		9	0,12616	
L x T	40	61,0642	*	20	0,36043	**
(V x L)	10	110,6537	**	5	1,00240	**
($h_{jj},$ x L)	30	44,5344		15	0,14645	
($\bar{h}_m$ x L)	2	19,3039		1	0,00394	
(h_j x L)	10	42,9489		5	0,02085	
($s_{jj},$ x L)	18	48,2185		9	0,23206	
CGC	5	802,0860	**	5	6,94610	**
Resíduo	120	32,1853		80	0,14797	

¹delineamento de blocos casualizado ao nível de médias de parcelas.

²notas de 0 (sem infecção) a 5 (lesões em todas as folhas).

*,** : respectivamente significativos a 5 e 1% pelo teste F.

Locais: para %ED, Campinas, Mococa e Ribeirão Preto; para NEt, Campinas e Pariqueira-Açu.

Tabela 24. Análise da variância e da tabela dialética obtida das médias, para altura da planta (AP, em cm) e da espiga (AE, em cm), espessura do pericarpo nas posições da coroa (EPC) e abgerminal (EPA), do ensaio de Campinas.

F. de Variação	G.L.	Blocos casualizados				Inteiramente casualizado				
		AP	Q.M.	F	Q.M.	AE	GL	QM	F	EPA
Blocos	3	3.704,5714 **	3.345,3333 **	--	--	--	--	--	--	--
Tratamentos	20	1.037,0667 **	852,3714 **	20	373,6024 **	3.072,6172 **				
Variedades	5	2.778,3750 **	2.724,9229 **	5	374,9485 **	6.865,7837 **				
Heteroses	15	456,6250	228,1807	15	373,1538 **	1.808,2284 **				
H. média	1	2.927,2520	1.144,1326	1	64,8519	3,8666				
H. variedade	5	363,6138	264,7761 *	5	210,4916 *	766,8729				
CGC	5	2.264,6948 **	2.265,4500 **	4	172,1393	3.083,7749 **				
Resíduo	40	121,4381	103,2333	168	93,9312	445,7473				

*, **: respectivamente significativos a 5% e a 1% pelo teste F.

Tabela 25. Resumo da significância dos quadrados médios das análises das tabelas dialélicas para os caracteres de peso de grãos (PG), índice de espigas (IE), capacidade de expansão (CE), porcentagem de espigas doentes (%ED), notas de *E. turcicum* (NET), altura da planta (AP) e da espiga (AE), espessura do pericarpo na coroa (EPC) e região abgerminal do grãos (EPA).

		Teste F								
Parâmetro	QM	PG	IE	CE	%ED	NET	AP	AE	EPC	EPL
V	QM4	**	**	**	**	**	**	**	**	**
h_{jj}'	QM5	**	ns	**	**	**	ns	ns	**	**
$\bar{h}_m$	QM6	**	ns	**	**	**	ns	ns	ns	ns
h_j	QM7	**	ns	**	**	**	ns	(*)	*	ns
s_{jj}'	QM8	**	(*)	**	ns	ns	ns	ns	**	**
V x L	QM10	**	**	**	**	**	--	--	--	--
$h_{jj}' \times L$	QM11	*	ns	**	ns	ns	--	--	--	--
$\bar{h}_m \times L$	QM12	**	*	**	ns	ns	--	--	--	--
$h_j \times L$	QM13	**	ns	ns	**	ns	ns	--	--	--
$s_{jj}' \times L$	QM14	ns	ns	ns	**	ns	ns	--	--	--
CGC	QM15	**	**	**	**	**	**	**	ns	**

*,**respectivamente significativos a 5% e 1% pelo teste F.

Tabela 26. Estimativas dos parâmetros: $\hat{m}$ (média das variedades parentais), $\hat{v}_j$ (efeito de variedade), $\hat{h}_m$ (heterose média), $\hat{h}_j$ (efeito de heterose) e $\hat{g}_j$ (efeito da capacidade geral de combinação) para peso de grãos (PG) e índice de espigas (IE); e entre parêntese os seus respectivos valores em porcentagem em relação à média (m).

Var. ¹	PG (kg/10m ²)			IE (espiga/planta)		
	$\hat{v}_j$	$\hat{h}_j$	$\hat{g}_j$	$\hat{v}_j$	$\hat{h}_j$	$\hat{g}_j$
V1	0,2336 (8,37%)	0,1444 (5,17%)	0,2612 (9,36%)	-0,0732 (-5,78%)	0,0764 (6,03%)	0,0397 (3,14%)
V2	0,2219 (7,95%)	-0,1975 (-7,08%)	-0,0865 (-3,10%)	-0,1809 (-14,29%)	0,0102 (0,81%)	-0,0803 (-6,34%)
V3	-0,0566 (-2,03%)	-0,3091 (-11,07%)	-0,3374 (-12,09%)	-0,0237 (-1,87%)	-0,0414 (-3,27%)	-0,0531 (-4,19%)
V4	-0,7050 (-25,26%)	0,0018 (0,64%)	-0,3507 (-12,56%)	-0,0316 (-2,50%)	0,0103 (0,81%)	-0,0053 (-0,42%)
V5	-0,0460 (-1,65%)	-0,3575 (-12,81%)	-0,3805 (-13,63%)	-0,0763 (-6,03%)	-0,0265 (2,09%)	-0,0646 (-5,10%)
V6	0,3520 (12,61%)	0,7178 (25,71%)	0,8939 (32,02%)	0,3856 (30,46%)	-0,0290 (-2,29%)	0,1637 (12,93%)
Dp ²	0,1600 (5,73%)	0,0894 (3,20%)	0,0690 (2,47%)	0,0457 (3,61%)	0,0323 (2,55%)	0,0224 (1,77%)
$\hat{m} = 2,7914 \pm 0,0566$ (100,0% $\pm$ 2,03%)				$\hat{m} = 1,2660 \pm 0,0204$ (100,0% $\pm$ 1,61%)		
$\hat{h}_m = 0,8515 \pm 0,0669$ (39,50% $\pm$ 2,40%)				$\hat{h}_m = 0,0054 \pm 0,0242$ (0,43% $\pm$ 1,91%)		

¹V1 = SAM, V2 = Pirapoca Amarela, V3 = Americano, V4 = UFV Amarelo, V5 = Sintético e V6 = Guarani;

²erros das estimativas dos parâmetros.

Tabela 27. Estimativas dos parâmetros: $\hat{m}$ (média das variedades parentais), $\hat{v}_j$ (efeito de variedade), $\hat{h}_m$ (heterose média), $\hat{h}_j$ (efeito de heterose) e $\hat{g}_j$ (efeito da capacidade geral de combinação) para escala diagramática de notas₁ de *E.turcicum* e de espigas doentes (%ED); e entre parentese os seus respectivos valores em porcentagem em relação à média ($\hat{m}$).

Var. ²	NEt			%ED (arco seno)		
	$\hat{v}_j$	$\hat{h}_j$	$\hat{g}_j$	$\hat{v}_j$	$\hat{h}_j$	$\hat{g}_j$
V1	-0,313 (-11,64%)	0,092 (3,42%)	-0,065 (-2,42%)	-4,435 (-18,20%)	-0,655 (-2,69%)	-2,8730 (-11,79%)
V2	0,557 (20,71%)	0,112 (4,16%)	0,389 (14,46%)	0,037 (0,15%)	-0,210 (-0,86%)	-0,1913 (-0,78%)
V3	0,277 (10,30%)	0,039 (1,45%)	0,181 (6,73%)	4,101 (16,83%)	2,858 (11,73%)	4,9087 (20,14%)
V4	0,227 (8,44%)	0,084 (3,12%)	0,197 (7,32%)	5,942 (24,38%)	-1,632 (-6,70%)	1,3392 (5,50%)
V5	0,427 (15,87%)	0,134 (4,98%)	0,347 (12,90%)	3,737 (15,93%)	2,546 (10,45%)	4,4145 (18,11%)
V6	-1,173 (-43,61%)	-0,461 (-17,14%)	-1,049 (-39,00%)	-9,382 (-38,50%)	-2,907 (-11,93%)	-7,5983 (-31,18%)
Dp ³	0,143 (5,32%)	0,101 (3,75%)	0,072 (2,68%)	1,726 (7,08%)	1,221 (5,01%)	0,8631 (3,54%)
$\hat{m} = 2,690 \pm 0,064$ (100,0% $\pm$ 2,38%)				$\hat{m} = 24,370 \pm 0,772$ (100,0% $\pm$ 3,17%)		
$\hat{h}_m = -0,231 \pm 0,076$ (-8,59% $\pm$ 2,83%)				$\hat{h}_m = -4,047 \pm 0,913$ (-16,61% $\pm$ 3,75%)		

¹notas de 0 (sem infecção) a 5 (lesões em todas as folhas).

²V1 = SAM, V2 = Pirapoca Amarela, V3 = Americano, V4 = UFV Amarelo, V5 = Sintético e V6 = Guarani.

³erros das estimativas dos parâmetros

Tabela 28. Estimativas dos parâmetros: $\hat{m}$ (média das variedades parentais), $\hat{v}_j$ (efeito de variedade), $\hat{h}_m$ (heterose média), $\hat{h}_j$ (efeito de heterose) e $\hat{g}_j$ (efeito da capacidade geral de combinação) para as alturas da planta (AP, em cm) e da espiga (AE, em cm); e entre parentese os seus respectivos valores em porcentagem em relação à média ($\hat{m}$).

Var. ¹	AP			AE		
	$\hat{v}_j$	$\hat{h}_j$	$\hat{g}_j$	$\hat{v}_j$	$\hat{h}_j$	$\hat{g}_j$
V1	14,111 (7,62%)	-2,861 (-1,94%)	4,194 (2,26%)	7,167 (6,69%)	-0,250 (-0,23%)	3,333 (3,11%)
V2	6,778 (3,66%)	-5,778 (-3,20%)	-2,389 (-1,29%)	-0,500 (-0,47%)	0,167 (0,16%)	-0,083 (-0,01%)
V3	-23,889 (-12,90%)	0,806 (0,44%)	-11,139 (-6,01%)	-12,167 (-11,35%)	-6,750 (-6,30%)	-12,833 (-11,97%)
V4	-3,556 (-1,92%)	4,556 (2,46%)	2,778 (1,50%)	-8,833 (-8,24%)	4,083 (3,81%)	-0,333 (-0,31%)
V5	-14,222 (-7,68%)	-9,194 (-4,96%)	-16,306 (-8,80%)	-13,167 (-12,29%)	-7,417 (-6,92%)	-14,000 (-13,06%)
V6	20,778 (11,22%)	12,472 (6,73%)	22,861 (12,34%)	27,500 (25,66%)	10,167 (9,49%)	23,917 (22,32%)
Dp ²	5,808 (3,14%)	4,107 (2,22%)	2,797 (1,51%)	3,787 (3,53%)	3,528 (3,29%)	2,777 (2,59%)
$\hat{m} = 185,222 \pm 2,597$ (100,0% $\pm$ 1,40%)				$\hat{m} = 107,17 \pm 2,395$ (100,0% $\pm$ 2,23%)		
$\hat{h}_m = 15,089 \pm 4,103$ (8,15% $\pm$ 2,21%)				$\hat{h}_m = 9,430 \pm 2,834$ (8,80% $\pm$ 2,64%)		

¹V1 = SAM, V2 = Pirapoca Amarela, V3 = Americano, V4 = UPV Amarelo, V5 = Sintético e V6 = Guarani; ²erros das estimativas dos parâmetros.

Tabela 29. Estimativas dos parâmetros: $\hat{m}$ (média das variedades parentais), $\hat{v}_j$ (efeito de variedade), $\hat{h}_m$ (heterose média), $\hat{h}_j$ (efeito de heterose) e $\hat{g}_j$ (efeito da capacidade geral de combinação) para capacidade expansão (CE), espessura do pericarpo na coroa (EPC, em μ) e na posição abgerminal (EPA, em μ); e entre parentese os seus respectivos valores em porcentagem em relação à média (m).

Var. ¹	CE			EPC			EPA		
	$\hat{v}_j$	$\hat{h}_j$	$\hat{g}_j$	$\hat{v}_j$	$\hat{h}_j$	$\hat{g}_j$	$\hat{v}_j$	$\hat{h}_j$	$\hat{g}_j$
V1	-2,715 (-10,49%)	-0,621 (-2,40%)	-1,978 (-7,64%)	6,450 (9,90%)	-3,083 (-4,73%)	0,142 (0,22%)	-4,850 (-4,47%)	4,933 (4,54%)	2,508 (2,31%)
V2	3,743 (14,46%)	-1,069 (-4,13%)	0,803 (3,10%)	0,950 (1,46%)	-2,533 (-3,89%)	-2,058 (-3,16%)	2,050 (1,89%)	-3,867 (-3,56%)	-2,842 (-2,62%)
V3	3,535 (13,66%)	-0,929 (-3,59%)	0,838 (3,24%)	6,250 (9,59%)	0,767 (1,18%)	3,892 (5,97%)	33,850 (31,18%)	-7,517 (-6,92%)	9,708 (8,91%)
V4	1,751 (6,77%)	0,429 (1,66%)	1,305 (5,04%)	2,450 (3,76%)	-3,108 (-4,77%)	-1,883 (-2,89%)	9,850 (9,07%)	-4,292 (-3,95%)	0,633 (0,58%)
V5	0,776 (3,00%)	-0,113 (-0,44%)	0,276 (1,07%)	-5,550 (-8,52%)	3,417 (5,24%)	0,642 (0,99%)	-5,950 (-5,48%)	9,908 (9,13%)	6,933 (6,39%)
V6	-7,090 (-27,40%)	2,302 (8,89%)	-1,243 (-4,80%)	-10,550 (-16,19%)	4,542 (6,97%)	-0,733 (-1,13%)	-34,950 (-32,20%)	0,833 (0,77%)	-16,642 (-15,33%)
Dp ²	0,337 (1,30%)	0,262 (1,01%)	0,431 (1,67%)	2,949 (4,53%)	2,085 (3,20%)	1,475 (2,26%)	6,424 (5,92%)	4,543 (4,19%)	3,212 (2,96%)
$\hat{m} = 25,880 \pm 0,066$ (100,0% $\pm$ 0,26%)				$\hat{m} = 65,150 \pm 1,319$ (100,0% $\pm$ 2,02%)			$\hat{m} = 108,550 \pm 2,873$ (100,0% $\pm$ 2,65%)		
$\hat{h}_m = 1,959 \pm 0,196$ (7,57% $\pm$ 0,76%)				$\hat{h}_m = 1,297 \pm 1,561$ (1,99% $\pm$ 2,40%)			$\hat{h}_m = -0,317 \pm 3,400$ (-0,295% $\pm$ 3,13%)		

¹V1 = SAM, V2 = Pirapoca Amarela, V3 = Americano, V4 = UFV Amarelo, V5 = Sintético e V6 = Guarani

²erros das estimativas dos parâmetros.

Tabela 30. Estimativas da heterose específica ($\hat{s}_{jj'}$) para peso de grãos (PG, em kg/10m²), capacidade de expansão (CE) e índice de espigas (IE, em espiga/planta), observados nos cruzamentos intervarietais.

Híbridos ²	PG		CE		IE	
	Kg/10m ²	% ¹	% ¹		% ¹	
V1xV2	0,0693	2,30	0,43	1,65	-0,011	-0,97
V1xV3	0,2479	8,61	0,79	3,00	0,035	2,86
V1xV4	-0,0731	-2,86	1,30	5,12	0,079	6,51
V1xV5	-0,1508	-5,23	-0,34	-1,36	-0,078	-6,53
V1xV6	-0,0933	-3,03	-2,19	-10,43	-0,025	-1,76
V2xV3	-0,1417	-4,93	-0,28	-0,96	-0,001	-0,11
V2xV4	0,3148	12,35	-0,55	-1,92	0,053	4,57
V2xV5	-0,0281	-0,96	0,99	3,51	0,008	0,73
V2xV6	-0,2143	-6,96	-0,59	-2,44	-0,049	-3,58
V3xV4	-0,0388	-1,61	-0,51	-1,77	-0,050	-4,06
V3xV5	0,0750	2,74	-0,92	-3,30	0,055	4,52
V3xV6	-0,1424	-4,84	0,92	3,86	-0,038	-2,65
V4xV5	-0,2745	-11,36	-0,91	-3,36	-0,090	-7,34
V4xV6	0,0716	2,74	0,67	2,87	0,008	0,55
V5xV6	0,3784	12,85	1,18	5,22	0,104	7,34
e_{ij} *	0,1073		0,31		0,039	

¹porcentagem em relação a média dos pais.

²V1 = SAM, V2 = Pirapoca Amarela, V3 = Americano, V4 = UPV Amarelo, V5 = Sintético e V6 = Guarani

*erros das estimativas de $s_{jj'}$

Tabela 31. Estimativas da heterose específica ($\hat{s}_{jj'}$) para altura da planta (AP, em cm), altura da espiga (AE, em cm), porcentagem de espigas doentes (%ED) e escala diagramática de notas de *Exserohilum turcicum* (NEt), observados nos híbridos intervarietais.

Híbridos ²	AP		AE		%ED		NEt	
	cm	% ¹	cm	% ¹	arco seno	% ¹	nota	% ¹
V1xV2	0,550	0,28	1,150	1,04	-1,18	-5,31	-0,137	-4,87
V1xV3	2,633	2,50	2,567	2,45	-0,23	-0,93	-0,044	-1,66
V1xV4	-8,283	-4,35	-2,933	-2,76	2,69	10,71	0,026	0,96
V1xV5	-2,867	-1,55	-4,933	-4,74	-3,74	-15,57	0,156	5,65
V1xV6	7,967	3,93	4,150	3,33	2,46	14,06	0,001	0,03
V2xV3	9,117	8,97	-8,683	-8,61	1,19	4,50	0,051	1,62
V2xV4	4,633	2,48	1,150	1,12	-1,09	-3,98	0,051	1,64
V2xV5	2,383	1,31	1,812	1,81	0,45	1,70	-0,079	-2,50
V2xV6	1,550	0,78	4,567	3,78	0,63	3,20	0,116	4,84
V3xV4	14,717	15,25	9,233	9,55	-1,22	-4,16	-0,007	-0,24
V3xV5	2,800	3,07	1,567	1,66	1,36	4,80	-0,157	-5,16
V3xV6	-11,033	-10,15	-4,683	-4,08	-1,10	-5,05	0,158	7,04
V4xV5	-7,450	-4,22	-0,933	0,97	1,77	6,07	0,143	4,74
V4xV6	-3,617	-1,87	-6,517	-5,59	-2,15	-9,50	-0,212	-9,55
V5xV6	5,133	2,72	2,483	2,17	0,16	0,76	-0,062	-2,67
e_{ij}^*	4,928		4,544		1,465		0,122	

¹porcentagem em relação a média dos pais.

²V1 = SAM, V2 = Pirapoca Amarela, V3 = Americano, V4 = UFV Amarelo, V5 = Sintético e V6 = Guarani

*erros das estimativas de $s_{jj'}$

Tabela 32. Estimativas da heterose específica ($\hat{s}_{jj'}$) para as espessura do pericarpo nas posições da coroa (EPC, em μ) e abgerminal (EPA, em μ), observados nos híbridos intervarietais.

Híbridos ²	EPC		EPA	
	μ	% ¹	μ	% ₁
V1xV2	-2,43	-3,53	-7,10	-6,63
V1xV3	-1,48	-2,07	-5,55	-4,51
V1xV4	8,10	11,63	21,93	19,74
V1xV5	-4,63	-7,06	-6,37	-6,18
V1xV6	0,45	0,71	-2,90	-3,27
V2xV3	3,02	4,39	4,90	3,87
V2xV4	-6,11	-9,13	-11,62	-10,15
V2xV5	13,87	22,07	15,78	14,80
V2xV6	-8,36	-13,84	-1,95	-2,12
V3xV4	0,35	0,50	17,53	13,44
V3xV5	-7,08	-10,81	-20,28	-16,55
V3xV6	5,20	8,25	3,40	3,15
V4xV5	-3,61	-5,67	-9,20	-8,33
V4xV6	1,27	2,08	-18,62	-19,01
V5xV6	1,45	2,53	20,08	23,55
e_{ij} *	2,50		5,45	

¹porcentagem em relação a média dos pais.

²V1 = SAM, V2 = Pirapoca Amarela, V3 = Americano, V4 = UFV Amarelo, V5 = Sintético e V6 = Guarani.

*erros das estimativas de $s_{jj'}$.

Tabela 33. Coeficientes de correlação entre médias dos híbridos e das respectivas variedades; variâncias dos efeitos de variedade ($\hat{\sigma}_V^2$), dos efeitos de heterose de variedade ($\hat{\sigma}_H^2$) e dos efeitos de heterose específica ($\hat{\sigma}_S^2$); de covariância (Cov_{vh}) entre efeitos de variedade e de heterose de variedade, para os caracteres: peso de grãos (PG), capacidade de expansão (CE), índice de espigas (IE), altura da planta (AP) e da espiga (AE), porcentagem de espigas doentes (%ED), escala diagramática de notas de E. turcicum (NEt), espessura do pericarpo dos grãos nas posições : coroa (EPC) e abgerminal (EPA).

Caracteres	r^1	$\hat{\sigma}_V^2$	$\hat{\sigma}_H^2$	$\hat{\sigma}_S^2$	Cov_{vh}
PG (kg/10m ²)	0,65*	0,14600	0,1597	0,0371	0,0550
CE	0,72**	15,0885	1,5775	0,9816	-4,2510
IE	0,85**	0,0308	0,0019	0,0033	-0,0032
AP (cm)	0,82*	292,4760	60,6115	50,0923	54,9820
AE (cm)	0,94**	241,4587	44,1407	22,7193	84,2878
%ED (arc sen)	0,91**	34,7566	5,2475	3,1609	8,3417
NEt (nota)	0,98**	0,4189	0,0520	0,0135	0,1323
EPC (μ)	0,17	45,9350	11,6949	35,5786	-18,3990
EPA (μ)	0,63*	505,4950	42,6154	184,8328	-83,3290

*,**significativos pelo teste t, respectivamente a 5 e 1% .

¹obtido pela expressão:

$$r = \frac{1/2\sigma_V^2 + \text{Cov}_{vh}}{\sqrt{\{1/2\sigma_V^2[1/2\sigma_V^2 + 2\sigma_H^2 + \text{Cov}_{vh}] + [n(n-1)/(n(n-1)-2)]\sigma_S^2\}}}$$

Tabela 34. Médias estimadas¹ para os 57 compostos balanceados obtidos a partir da combinação de seis variedades de milho pipoca avaliadas em cruzamentos dialélico, para os caracteres agrônômicos mais importantes².

Compostos ³	PG kg/p	CE	IE esp/pl.	AE cm	%ED arcsen	NEt	EPA μ
Co12	3,455	26,75	1,18	115,8	20,6	2,73	104,0
Co13	3,350	26,89	1,26	107,2	23,2	2,60	118,8
Co14	3,021	27,96	1,30	111,5	23,3	2,64	122,2
Co15	3,131	25,36	1,18	102,6	21,1	2,83	107,2
Co16	3,897	21,71	1,44	136,3	14,9	1,65	90,0
Co23	2,976	29,36	1,15	97,9	26,3	3,10	123,1
Co24	3,036	29,04	1,20	118,3	23,9	3,09	104,5
Co25	3,014	29,04	1,14	102,3	25,6	3,15	117,4
Co26	3,650	25,51	1,34	132,9	16,4	2,15	89,5
Co34	2,664	29,03	1,20	104,7	27,4	2,89	133,1
Co35	2,870	28,04	1,21	92,9	29,6	2,94	113,4
Co36	3,498	26,23	1,40	119,0	19,1	2,00	106,2
Co45	2,527	27,85	1,16	98,7	28,5	3,09	108,6
Co46	3,436	25,92	1,44	125,1	17,3	1,81	84,8
Co56	3,740	25,39	1,45	121,7	19,4	2,01	103,4
Co123	3,371	27,75	1,20	107,5	22,1	2,79	114,1
Co124	3,323	27,83	1,24	118,1	21,8	2,81	110,0
Co125	3,290	27,23	1,17	107,5	21,9	2,90	110,8
Co126	3,868	24,92	1,32	131,5	16,5	2,11	93,9
Co134	3,142	27,91	1,26	109,5	24,1	2,69	125,8
Co135	3,210	26,87	1,22	100,8	24,3	2,78	112,1
Co136	3,785	25,32	1,36	122,8	18,4	2,01	104,4
Co145	2,983	27,01	1,22	104,9	23,7	2,86	114,1
Co146	3,683	25,40	1,40	127,1	17,4	1,95	99,1
Co156	3,794	24,58	1,35	122,2	17,6	2,10	102,4
Co234	2,985	29,21	1,18	109,3	25,2	3,02	119,1
Co235	2,994	28,89	1,16	97,4	27,3	3,04	117,7
Co236	3,511	27,40	1,28	118,0	20,0	2,36	105,4
Co245	2,940	28,85	1,16	108,7	25,5	3,11	110,0
Co246	3,582	27,30	1,33	129,5	17,8	2,28	90,2
Co256	3,634	27,18	1,31	121,3	19,8	2,37	106,0
Co345	2,741	28,43	1,18	99,8	28,4	2,96	117,4
Co346	3,380	27,64	1,34	118,5	20,2	2,15	106,9
Co356	3,534	27,08	1,35	112,3	22,4	2,24	108,1
Co456	3,426	27,05	1,35	117,2	20,8	2,23	99,1
Co1234	3,266	28,26	1,23	112,0	23,3	2,82	117,0
Co1235	3,258	27,75	1,19	103,4	24,0	2,87	113,6
Co1236	3,716	26,49	1,29	120,9	19,2	2,29	104,1
Co1245	3,186	27,85	1,20	110,6	22,9	2,92	111,5
Co1246	3,714	26,56	1,33	128,2	17,9	2,26	97,9

- continua-

-Continuação-

Tabela 34. Médias estimadas¹ para os 57 compostos balanceados obtidos a partir da combinação de seis variedades de milho pipoca avaliadas em cruzamentos dialélico, para os caracteres agronômicos mais importantes².

Compostos ³	PG	CE	IE	AE	%ED	NEt	EPA
	kg/p		esp/pl.	cm	arcsen		μ
Co1256	3,730	26,16	1,29	121,7	18,6	2,35	104,0
Co1345	3,065	27,66	1,22	104,2	24,9	2,82	117,4
Co1346	3,591	26,80	1,34	120,6	19,6	2,17	109,0
Co1356	3,664	26,15	1,32	115,1	20,4	2,26	106,9
Co1456	3,562	26,25	1,33	118,8	19,5	2,26	104,2
Co2345	2,949	28,91	1,17	104,5	26,4	3,03	115,7
Co2346	3,442	28,08	1,28	120,1	20,3	2,43	104,7
Co2356	3,482	27,83	1,27	112,9	22,2	2,48	109,6
Co2456	3,477	27,84	1,29	120,5	20,6	2,47	101,3
Co3456	3,345	27,79	1,30	112,8	22,6	2,37	107,7
Co12345	3,173	28,14	1,20	107,3	24,2	2,89	115,0
Co12346	3,595	27,34	1,29	121,1	19,8	2,38	106,3
Co12356	3,612	26,96	1,27	115,2	20,7	2,44	107,7
Co12456	3,582	27,05	1,29	120,6	19,6	2,44	103,9
Co13456	3,492	27,05	1,30	114,8	21,2	2,36	109,1
Co23456	3,378	28,20	1,26	114,7	22,2	2,54	107,7
Co123456*	3,501	28,00	1,27	116,0	21,2	2,50	108,3

¹estimada pela fórmula $C_{ij} = \sum f_j^2 Y_j + \sum f_j f_{jj} C_{jj}$,

²PG = peso de grãos em kg/10m²; CE = capacidade de expansão; IE = índice de espigas; AP = altura da planta em cm; AE = altura da espiga em cm; %ED = porcentagem de espigas doentes em arco seno; NEt = escala diagramática de notas de *E. turcicum*; e EPA = espessura do pericarpo na posição abgerminal do grão, em μ).

³V1 = SAM, V2 = Pirapoca Amarela, V3 = Americano, V4 = UFV Amarelo, V5 = Sintético e V6 = Guarani

*Composto amplo

Tabela 35. Médias estimadas dos compostos com melhor qualidade da pipoca, produção e intervalo de variação (IV) dentro de cada grupo, para os principais caracteres¹.

Composto ²	CE	PG kg/10m ²	IE esp/pl.	AE cm	NEt nota	%ED arcsen
Compostos com maiores capacidade de expansão						
Co23	29,36	2,976	1,15	97,9	3,10	26,3
IV	21,71-29,36	2,527-3,897	1,14-1,44	92,9-136,3	1,65-3,15	14,9-28,5
Co234	29,21	2,985	1,18	109,3	3,02	25,2
IV	24,58-29,21	2,741-3,868	1,17-1,40	97,4-131,5	1,95-3,11	16,5-28,4
Co2345	28,91	2,949	1,17	104,5	3,03	26,4
IV	26,15-28,91	2,949-3,730	1,17-1,34	104,2-128,2	2,17-3,03	17,9-26,4
Co23456	28,20	3,378	1,26	114,7	2,54	22,2
A	26,96-28,20	3,173-3,612	1,20-1,30	107,3-121,1	2,36-2,89	19,6-24,2
compostos mais produtivos						
Co16	21,71	3,897	1,44	136,3	1,70	14,9
IV	21,71-29,36	2,527-3,897	1,14-1,44	92,9-136,3	1,65-3,15	14,9-28,5
Co126	24,92	3,868	1,32	131,5	2,10	16,5
IV	24,58-29,21	2,741-3,868	1,17-1,40	97,4-131,5	1,95-3,11	16,5-28,4
Co1256	26,16	3,730	1,29	121,7	2,30	18,6
IV	2,949-3,730	2,949-3,730	1,17-1,34	104,2-128,2	2,17-3,03	17,9-26,4
Co12356	26,96	3,612	1,27	115,2	2,40	20,7
IV	26,96-28,20	3,173-3,612	1,20-1,30	107,3-121,1	2,36-2,89	19,6-24,2
Co123456*	28,00	3,501	1,27	116,0	2,50	21,2

¹PG = peso de grãos em kg/10m²; CE = capacidade de expansão; IE = índice de espigas; AE = altura da espiga em cm; NEt = escala diagramática de notas de *Exserohilum turcicum*; %ED= porcentagem de espigas doentes em arco seno; e EPA = espessura do pericarpo na posição abgerminal do grão, em u)

²V1 = SAM, V2 = Pirapoca Amarela, V3 = Americano, V4 = UFV Amarelo, V5 = Sintético e V6 = Guarani

*Composto amplo

Tabela 36. Análise da variância individual e combinada dos experimentos 1, 2 e 3, para os caracteres agronômicos entre progênies de irmãos germanos da interpopulação SAM x IAC 64, ao nível de média de parcela, no delineamento de blocos casualizados com quatro repetições. Campinas, 1992/93

	Exp. 1		Exp. 2		Exp. 3		Combinada	
F. Variação	G.L.	S.Q.	G.L.	S.Q.	G.L.	S.Q.	G.L.	Q.M
PG (peso de grãos em kg/4m ² , a 14,5% de umidade)								
Progênies	33	12,5242	33	3,8183	25	4,7743	91	0,23505**
Resíduo	99	5,6219	99	6,3741	75	4,5376	273	0,06056
Médias		1,4155		1,5626		1,5585		1,5122
C.V. %		16,84		16,24		15,78		16,27
Test. SAM		0,8780		0,8258		1,1185		0,9408
Test. IAC 64		1,0338		1,0810		1,2080		1,1076
IE (índice de espigas)								
Progênies	33	5,9965	33	5,8762	25	2,3667	91	0,15648**
Resíduo	99	7,3007	99	8,0954	75	4,2088	273	0,07181
Médias		1,37		1,46		1,40		1,41
C.V. %		19,82		19,59		16,92		19,00
Test. SAM		1,24		1,14		1,41		1,26
Test. IAC 64		1,35		1,36		1,48		1,40
CE (capacidade de expansão)								
Progênies	33	926,7556	33	611,4547	25	534,4216	91	22,77618**
Resíduo	99	371,0211	99	331,8147	75	182,2043	273	3,24190
Médias		18,62		19,67		19,49		19,26
C.V. %		10,40		9,31		8,00		9,34
Test. SAM		16,93		21,15		19,74		19,27
Test. IAC 64		19,60		19,60		20,97		20,06

-Continua-

-Continuação-

Tabela 36. Análise da variância individual e combinada dos experimentos 1, 2 e 3, para caracteres agrônômicos entre progênies de irmãos germanos da interpopulação SAM x IAC 64, ao nível de média de parcela, no delineamento de blocos casualizados com quatro repetições. Campinas, 1992/93.

	Exp.1		Exp. 2		Exp. 3		Combinada	
F.Variação	G.L.	S.Q.	G.L.	S.Q.	G.L.	S.Q.	G.L.	Q.M
P100G (peso de 100 grãos em gramas)								
Progênies	33	168,6227	33	361,8603	25	157,1985	91	7,5569**
Resíduo	99	69,4574	99	61,5803	75	56,4008	273	0,6866
Médias		14,97		15,11		15,42		15,17
C.V. %		5,60		5,22		5,62		5,46
Test. SAM		15,95		16,03		15,43		15,80
Test. IAC 64		12,85		13,55		13,38		13,26
PS6P (peso seco de 6 pendões em gramas)								
Progênies	33	2204,816	33	2143,726	25	991,857	91	58,6857**
Resíduo	99	1400,060	99	1584,580	75	686,403	273	13,4470
Médias		28,39		29,51		25,93		27,94
C.V. %		13,25		13,56		11,67		13,12
Test. SAM		25,58		24,00		26,25		25,28
Test. IAC 64		31,60		38,65		29,30		33,1

**significativo a 1% pelo teste F.

Tabela 37. Análise da variância individual e combinada dos experimentos 1, 2 e 3, obtidas ao nível de plantas, para caracteres agronômicos entre progênies de irmãos germanos da interpopulação SAM x IAC 64, no delineamento de blocos casualizados com seis plantas por parcela e quatro repetições. Campinas, em 1992/93.

	Exp. 1		Exp. 2		Exp. 3		Combinada	
F.Var.	G.L.	S.Q.	G.L.	S.Q.	G.L.	S.Q.	G.L.	Q.M
AP (altura da planta em cm)								
Progênies	33	20029,599	33	15299,853	25	7750,694	91	473,0820**
Resíduo	99	7440,125	99	6652,233	75	5955,466	273	73,4353**
Dentro	680	25207,278	680	23812,639	520	18406,250	1880	35,8650
Médias		198,2		199,1		200,0		199,1
C.V. %		4,37		4,12		4,46		4,30
Test. SAM		200,4		173,4		186,2		186,7
Test. IAC 64		186,4		184,6		178,4		183,1
AE (altura da espiga em cm)								
Progênies	33	13252,015	33	8736,941	25	4640,097	91	292,6270**
Resíduo	99	5228,690	99	5099,736	75	4231,190	273	53,3319**
Dentro	680	17185,417	680	18129,583	520	14059,028	1880	26,2628
Médias		122,29		122,48		120,41		121,73
C.V. %		5,94		5,86		6,24		6,00
Test. SAM		122,5		99,8		111,5		111,3
Test. IAC 64		109,2		105,4		105,6		106,7
NRP (número de ramificações do pendão)								
Progênies	33	3943,530	33	2192,956	25	2308,809	91	92,8054**
Resíduo	99	654,451	99	918,053	75	797,781	273	8,6824*
Dentro	680	3917,139	680	3795,528	520	2793,611	1880	5,5884
Médias		28,27		28,92		26,93		28,04
C.V. %		9,09		10,53		12,11		10,51
Test. SAM		24,43		22,20		24,83		23,82
Test. IAC 64		29,88		31,98		31,45		31,10

*,**significativos a 5 e 1% pelo teste F.

Tabela 38. Análise da variância individual e combinada dos experimentos 1, 2 e 3, para progênies de irmãos germanos da interpopulação SAM x IAC 64, obtidos ao nível de médias de parcela para peso de grãos (PG) e capacidade de expansão (CE), ao nível de plantas (6 pl/par.) para diâmetro (DE), comprimento (CoE) e número de fileiras (NF) das espigas, no delineamento de blocos casualizados com três repetições. Campinas, 1992/93.

F.Variação	Exp. 1		Exp. 2		Exp. 3		Combinada	
	G.L.	S.Q.	G.L.	S.Q.	G.L.	S.Q.	G.L.	Q.M
DE (diâmetro da espiga em cm)								
Progênies	33	1,75770	33	1,02576	25	0,54344	91	0,036560**
Resíduo	66	0,47108	66	0,39962	50	0,40391	182	0,007003
Dentro	510	2,53741	510	2,45782	390	2,12673	1410	0,005051
Médias		3,18		3,20		3,23		3,20
CV%		2,66		2,43		2,78		2,62
Test. SAM		3,06		2,89		3,12		3,02
Test. IAC 64		3,08		3,19		3,19		3,15
CoE (comprimento da espiga em cm)								
Progênies	33	116,5921	33	71,3920	25	58,1589	91	2,704868**
Resíduo	66	46,2368	66	36,8728	50	21,3117	182	0,573743
Dentro	510	219,9143	510	214,3705	390	145,3468	1410	0,411086
Médias		16,33		17,02		17,08		16,81
CV%		5,13		4,39		3,82		4,51
Test. SAM		16,08		14,76		16,74		15,86
Test. IAC 64		14,56		15,86		15,91		15,44
NF (número de fileiras)								
Progênies	33	108,0388	33	97,6438	25	126,2420	91	3,647523**
Resíduo	66	46,5420	66	30,0719	50	21,6870	182	0,540115
Dentro	510	274,4444	510	234,7778	390	169,0000	1410	0,481009
Médias		15,19		15,05		14,83		15,02
CV%		5,53		4,49		4,44		4,89
Test. SAM		13,78		12,78		13,89		13,48
Test. IAC 64		15,78		16,89		16,11		16,26

**significativos a 5 e 1% pelo teste F.

Tabela 39. Resumo das médias de progênies de irmãos germanos obtidas para os caracteres* avaliados na interpopulação SAM x IAC 64 e das testemunhas (SAM e IAC 64), e heterose em relação a média dos parentais ($\hat{H}_m$), dos ensaios de Campinas e Mococa.

Caracteres											
Pop.	PG	IE	CE	P100G	PS6P	AP	AE	NRP	DE	CoE	NF
Campinas											
IG	1,51	1,41	19,3	15,2	27,9	199	122	28,0	3,2	16,8	15
T	1,02	1,33	19,7	14,5	29,2	185	109	27,5	3,1	15,6	15
$\hat{H}_m\%$	47,6	6,02	-2,1	4,4	-4,4	7,7	11,7	2,1	3,7	7,4	0,0
Mococa											
IG	1,51		19,0								
T	1,03		18,9								
$\hat{H}_m\%$	46,6		0,5								

T = médias das variedades SAM e IAC 64.

*PG = peso de grãos em kg/parcela de 4 m² em Campinas e 3,6 m² em Mococa; IE = índice de espigas por planta; CE = capacidade de expansão; P100G = peso de 100 grãos em gramas; PS6P = peso seco de 6 pendões em gramas; AP = altura da planta em cm; AE = altura da espiga em cm; NRP = número de ramificações do pendão; DE = diâmetro da espiga em cm; CoE = comprimento da espiga em cm; NF = número de fileiras de grãos na espiga.

Tabela 40. Estimativas ao nível de parcelas dos parâmetros : variância entre progênies ($\hat{\sigma}_{p(12)}^2$), variância aditiva ($\hat{\sigma}_{A(12)}^2$), variância ambiental entre parcelas ($\hat{\sigma}_{e(12)}^2$), variância fenotípica entre parcelas ($\hat{\sigma}_{F(12)}^2$), herdabilidade ao nível de média ($\hat{h}_{m(12)}^2$), coeficiente de variação genético ($\hat{C}\hat{V}g_{(12)}$), heterose em relação à média dos pais ($\hat{H}_{m(12)}$), obtida da análise combinada dos experimentos 01, 02 e 03, da interpopulação IAC 64 x SAM, para os caracteres: peso de grãos (PG), índice de espigas (IE), capacidade de expansão (CE), peso de 100 grãos (P100G) e peso seco de seis pendões (PS6P). Campinas, 1992/93.

Parâmetros ¹	PG ^a (g/pl) ²	IE (esp./pl) ²	CE	P100G (g) ²	PS6P ^b (g/p) ²
$\hat{\sigma}_{p(12)}^2$	109,050 ±21,784	0,02117 ±0,00590	4,88357 ±0,83790	1,71758 ±0,27740	0,30653 ±0,06040
$\hat{\sigma}_{A(12)}^2$ *	218,125 ±43,568	0,04234 ±0,01190	9,76714 ±1,6757	3,43515 ±0,55490	0,61306 ±0,12080
$\hat{\sigma}_{A(12)}^2$ **	145,400 ±29,045	0,02822 ±0,00790	6,51143 ±1,11720	2,29010 ±0,36990	0,40870 ±0,08050
$\hat{\sigma}_{e(12)}^2$	151,400 ±12,911	0,07181 ±0,00610	3,24190 ±0,27650	0,68660 ±0,05860	0,40405 ±0,03450
$\hat{\sigma}_{F(12)}^2$	146,900	0,03912	5,69405	1,88923	0,40754
$\hat{h}_{m(12)}^2$ * (%)	74,24 ±4,37	54,11 ±7,72	85,77 ±19,78	90,91 ±1,54	75,21 ±4,21
$\hat{h}_{m(12)}^2$ ** (%)	49,49 ±8,50	36,07 ±10,76	57,18 ±7,21	60,61 ±6,63	50,14 ±8,39
$\hat{C}\hat{V}g_{(12)}$ (%)	13,81	10,31	11,47	8,64	11,89
$\hat{H}_{m(12)}$ (%)	47,65	6,08	-2,08	4,40	-4,41

¹estimativas considerando: * $\hat{\sigma}_{D(12)}^2 = 0$; ** $\hat{\sigma}_{D(12)}^2 = \hat{\sigma}_{A(12)}^2$

^atransformado ao nível de plantas, multiplicando pelo coeficiente 2500 [= (1000g/20pl)²].

^btransformado ao nível de plantas, multiplicando por 1/36.

Tabela 41. Estimativas ao nível de plantas dos parâmetros: variância entre progênes ($\hat{\sigma}_{P(12)}^2$), variância aditiva ($\hat{\sigma}_{A(12)}^2$), variância ambiental entre parcelas ($\hat{\sigma}_{e(12)}^2$), variância fenotípica entre parcelas ($\hat{\sigma}_{F(12)}^2$), variância ambiental entre plantas ($\hat{\sigma}_{d(12)}^2$), herdabilidade ao nível de média ($\hat{h}_{m(12)}^2$) e no sentido restrito ($\hat{h}_{(12)}^2$), coeficiente de variação genético ($\hat{C}\hat{V}_{g(12)}$), heterose em relação à média dos pais ($\hat{H}_{m(12)}$), obtida da análise combinada dos experimentos 01, 02 e 03, da interpopulação SAM x IAC 64, para os caracteres : alturas planta (AP) e da espiga (AE), e número de ramificações do pendão (NRP). Campinas, 1992/93.

Parâmetros ¹	AP (cm/pl) ²	AE (cm/pl) ²	NRP (NR/p) ²
$\hat{\sigma}_{P(12)}^2$	16,65195 ±2,90240	9,70629 ±1,79810	3,50513 ±0,56790
$\hat{\sigma}_{A(12)}^2$ *	33,30389 ±5,80480	19,94126 ±3,59610	7,01025 ±1,13580
$\hat{\sigma}_{A(12)}^2$ **	22,20259 ±3,86990	13,29417 ±2,39740	4,67350 ±0,75720
$\hat{\sigma}_{e(12)}^2$	6,26172 ±1,06180	4,51152 ±0,77130	0,51567 ±0,12770
$\hat{\sigma}_{F(12)}^2$	19,71175	12,19279	3,86689
$\hat{\sigma}_{d(12)}^2$	35,8650 ±1,16920	26,26280 ±0,85610	5,58840 ±0,18220
$\hat{h}_{m(12)}^2$ * (%)	84,48 ±2,63	81,77 ±3,09	90,64 ±1,59
$\hat{h}_{m(12)}^2$ ** (%)	56,32 ±7,35	54,52 ±7,65	60,43 ±6,66
$\hat{C}\hat{V}_{g(12)}$ (%)	2,20	2,90	5,53
$\hat{H}_{m(12)}$ (%)	7,68	11,68	2,11
$\hat{\sigma}_d^2 / \hat{\sigma}_e^2$	5,73	5,82	10,80

¹estimativas considerando: * $\hat{\sigma}_{D(12)}^2 = 0$; ** $\hat{\sigma}_{D(12)}^2 = \hat{\sigma}_{A(12)}^2$

Tabela 42. Estimativas ao nível de plantas dos parâmetros : variância entre progênies ($\hat{\sigma}_{p(12)}^2$), variância aditiva ($\hat{\sigma}_{A(12)}^2$), variância ambiental entre parcelas ($\hat{\sigma}_{e(12)}^2$), variância ambiental entre plantas ($\hat{\sigma}_{d(12)}^2$) herdabilidade ao nível de média ($\hat{h}_{m(12)}^2$) e no sentido restrito ($\hat{h}_{(12)}^2$), coeficiente de variação genético ($\hat{CV}_{g(12)}$), heterose em relação à média dos pais ($\hat{H}_{m(12)}$), obtida da análise combinada dos experimentos 01, 02 e 03, da interpopulação IAC 64 x SAM, para os caracteres : diâmetro (DE), comprimento (CoE) e número de fileiras (NF) das espigas. Campinas, 1992/93.

Parâmetros ¹	DE	CoE	NF
	(cm/esp.) ²	(cm/esp.) ²	(NF/esp.) ²
$\hat{\sigma}_{p(12)}^2$	0,00164 ±0,00030	0,11840 ±0,02286	0,17258 ±0,02988
$\hat{\sigma}_{A(12)}^2$ *	0,00328 ±0,00060	0,23679 ±0,04457	0,34515 ±0,05976
$\hat{\sigma}_{A(12)}^2$ **	0,00219 ±0,00040	0,15786 ±0,02971	0,23010 ±0,03984
$\hat{\sigma}_{e(12)}^2$	0,00033 ±0,00013	0,02711 ±0,01030	0,00985 ±0,00986
$\hat{\sigma}_{F(12)}^2$	0,00203	0,15027	0,20264
$\hat{\sigma}_{d(12)}^2$	0,00505 ±0,00019	0,41109 ±0,01547	0,48101 ±0,01810
$\hat{h}_{m(12)}^2$ * (%)	80,85 ±3,45	78,79 ±3,82	85,19 ±6,92
$\hat{h}_{m(12)}^2$ ** (%)	53,94 ±8,29	52,52 ±8,54	56,78 ±7,78
$\hat{CV}_{g(12)}$ (%)	1,27	2,05	2,77
$\hat{H}_{m(12)}$ (%)	3,73	7,41	1,00
$\hat{\sigma}_d^2 / \hat{\sigma}_e^2$	15,52	15,16	48,83

¹estimativa considerando : * $\hat{\sigma}_{D(12)}^2 = 0$; ** $\hat{\sigma}_{D(12)}^2 = \hat{\sigma}_{A(12)}^2$

Tabela 43. Estimativas das covariâncias entre progênies ($\hat{Cov}_{p(12)}$), fenotípicas ($\hat{Cov}_{f(12)}$) e ambientais ($\hat{Cov}_{e(12)}$), da interpopulação IAC 64 x SAM, para os pares de caracteres de peso de grãos (PG, em kg/4m²) com : índice de espigas, capacidade de expansão, peso de 100 grãos, número de ramificações e peso seco de seis pendões, altura da planta e da espiga diâmetro, comprimento e número de fileiras da espiga. Campinas, 1992/93.

Caracteres	Parâmetros		
	$\hat{Cov}_{p(12)}$	$\hat{Cov}_{f(12)}$	$\hat{Cov}_{e(12)}$
Índice de espigas*	0,014818	0,021760	0,027770
Capacidade de expansão*	-0,017130	-0,045863	-0,118930
Peso de 100 grãos (g)*	0,043153	0,048988	0,023340
Número ramif. do pendão(g)**	-0,239358	-0,176405	0,251810
Peso seco de 6 pendões*	-0,166243	-0,112823	0,213680
Altura da planta (cm)**	0,017130	0,574643	0,488910
Altura da espiga(cm)**	0,378083	0,422648	0,178220
Diâmetro da espiga (cm)**	0,006626	0,008240	0,004843
comprimento da espiga (cm)**	0,054448	0,063740	0,027878
Número de fileiras**	-0,004726	-0,009607	-0,014643

*análises ao nível de médias de parcelas;

**análises ao nível de seis plantas por parcela.

Tabela 44. Estimativas das covariâncias entre progênies ($C\hat{ov}_{p(12)}$), fenotípicas ($C\hat{ov}_{F(12)}$) e ambientais ($C\hat{ov}_{e(12)}$), da interpopulação IAC 64 x SAM, para os pares de caracteres de capacidade de expansão com : índice de espigas, peso de 100 grãos, número de ramificações e peso seco de seis pendões, altura da planta e da espiga, diâmetro, comprimento e número de fileiras da espiga. Campinas, 1992/93.

Caracteres	Parâmetros		
	$C\hat{ov}_{p(12)}$	$C\hat{ov}_{F(12)}$	$C\hat{ov}_{e(12)}$
Índice de espigas*	0,124135	0,100945	-0,092760
Peso de 100 grãos (g)*	-0,689158	-0,738830	-0,198690
Número ramif. do pendão**	0,620216	0,612805	-0,029643
Peso seco de 6 pendões (g)*	-0,395542	-0,361770	0,135090
Altura da planta (cm)**	3,102388	2,810475	-1,167650
Altura da espiga (cm)**	1,511095	1,126135	-1,539840
Diâmetro da espiga (cm)**	-0,021595	-0,026237	-0,013924
comprimento da espiga (cm)**	0,395015	0,419213	0,072596
Número de fileiras**	0,480024	0,463440	-0,050385

*análises ao nível de médias de parcelas;

**análises ao nível de seis plantas por parcela.

Tabela 45. Estimativas das correlações genéticas ($\hat{r}_{G(12)}$), fenotípicas ($\hat{r}_{F(12)}$) e ambientais ($\hat{r}_{E(12)}$) entre peso de grãos com os seguintes caracteres : índice de espigas; capacidade de expansão; altura da planta e da espiga; peso de 100 grãos; número de ramificações e peso seco de seis pendões; diâmetro, comprimento e número de fileiras da espiga; da interpopulação SAM x IAC 64. Campinas, 1992/93.

	Correlações		
	$\hat{r}_{G(12)}$	$\hat{r}_{F(12)}$	$\hat{r}_{E(12)}$
Índice de espigas	0,49**	0,45	0,42
Capacidade de expansão	-0,04	-0,08	-0,27
altura da planta	0,25*	0,53	0,26
Altura da espiga	0,57**	0,50	0,10
Peso de 100 grãos	0,16	0,15	0,11
Número de ramif. do pendão	-0,61**	-0,37	0,35
Peso seco de 6 pendões	-0,24*	-0,12	0,23
Diâmetro da espiga	0,74**	0,70	0,23
Comprimento da espiga	0,72**	0,63	0,15
Número de fileiras	-0,05	-0,08	-0,08

*,**significativos a 5% e 1% pelo teste t [$t = \hat{r}_{G(12)} / \sqrt{\text{vâr.}(r_{G(12)})}$]

Tabela 46. Estimativas das correlações genéticas ($\hat{r}_{G(12)}$), fenotípicas ($\hat{r}_{F(12)}$) e ambientais ($\hat{r}_{E(12)}$) entre capacidade de expansão com os seguintes caracteres : índice de espigas; altura da planta e da espiga; peso de 100 grãos; número de ramificações e peso seco de seis pendões; diâmetro, comprimento e número de fileiras da espiga; da interpopulação SAM x IAC 64. Campinas, 1992/93.

	Correlações		
	$\hat{r}_{G(12)}$	$\hat{r}_{F(12)}$	$\hat{r}_{E(12)}$
Índice de espigas	0,39**	0,21	-0,19
altura da planta	0,34**	0,27	-0,08
Altura da espiga	0,22*	0,14	-0,12
Peso de 100 grãos	-0,24*	-0,23	-0,13
Número de ramif. do pendão	0,15	0,13	-0,01
Peso seco de 6 pendões	-0,05	-0,04	0,02
Diâmetro da espiga	-0,23*	-0,23	-0,10
Comprimento da espiga	0,49**	0,43	0,06
Número de fileiras	0,50**	0,41	-0,04

*,**significativos a 5% e 1% pelo teste t [$t = r_{G(12)} / \sqrt{\text{var.}(r_{G(12)})}$]

Tabela 47. Análise da variância de 10 experimentos de progênies de irmãos germanos interpopulacionais obtidos por cruzamento em cadeia entre SAM e IAC 64, ao nível de total de parcela para peso de grãos (PG, em kg/3,6 m²) e médias para capacidade de expansão (CE), no delineamento de blocos casualizados com 4 repetições. Mococa, 1992/93.

Exp. (cadeia) .	F.V.	G.L.	PG	CE
			S.Q.	S.Q.
1	Blocos	3	0,58979	17,84117*
1	Prog./cadeia	16	6,49752**	320,14385**
1	Resíduo	48	5,78470	85,59381
Médias das progênies			1,6190	18,82
C.V.			21,44%	7,10%
Média das Test. (SAM e IAC 64)			1,1933	19,90
2	Blocos	3	1,57140**	57,68026**
2	Prog./cadeia	28	7,90627**	371,19705**
2	Resíduo	84	6,57644	166,86224
Médias das progênies			1,5062	20,16
C.V.			18,58	7,00%
Média das Test. (SAM e IAC 64)			0,9353	18,50
3	Blocos	3	4,02183**	41,84931**
3	Prog./cadeia	28	9,15427**	282,60331**
3	Resíduo	84	6,21124	148,30569
Médias das progênies			1,6808	18,52
C.V.			19,69	7,18%
Médias das test. (SAM e IAC 64)			0,8523	18,73
4	Blocos	3	6,11601**	7,68183
4	Prog./cadeia	14	2,30896**	166,09932**
4	Resíduo	42	1,45328	93,86066
Médias das progênies			1,2949	18,91
C.V.			14,37%	7,91
Médias das test. (SAM e IAC 64)			1,1168	17,50
5	Blocos	3	0,43998	10,89785
5	Prog./cadeia	13	6,43327**	281,94217**
5	Resíduo	39	3,43971	83,04214
Médias das progêneis			1,6283	18,42
C.V.			18,24	7,92
Médias das test. (SAM e IAC 64)			0,8220	18,97

-Continua-

-Continuação-

Tabela 47. Análise da variância de 10 experimentos de progênies de irmãos germanos interpopulacionais obtidos por cruzamento em cadeia entre SAM e IAC 64, ao nível de total de parcela para peso de grãos (PG, em kg/3,6 m²) e médias para capacidade de expansão (CE), no delineamento de blocos casualizados com 4 repetições. Mococa 1992/93.

Exp. (cadeia)	F.V.	G.L.	PG	CE
			S.Q.	S.Q.
6	Blocos	3	11,23978**	6,40417
6	Prog./cadeia	23	7,00149**	472,98833**
6	Resíduo	69	4,41600	138,22084
Médias das progênies			1,3699	18,11
C.V.			18,47%	7,82%
Médias das test. (SAM e IAC 64)			1,0758	19,18
7	Blocos	3	2,32923**	49,70050*
7	Prog./cadeia	14	3,39763**	177,95231**
7	Resíduo	42	1,70910	209,93701
Médias das progênies			1,3433	19,25
C.V.			15,02	11,61
Médias das test. (SAM e IAC 64)			1,0355	18,50
8	Blocos	3	0,74133**	5,28340
8	Prog./cadeia	13	1,42235*	149,93232**
8	Resíduo	39	2,04667	97,60411
Médias das progênies			1,5261	18,35
C.V.			15,01%	8,62%
Médias das test. (SAM e IAC 64)			1,0912	17,63
9	Blocos	3	5,33245**	51,36418**
9	Prog./cadeia	44	7,04416**	905,90801**
9	Resíduo	132	9,95714	310,45333
Médias das progênies			1,5666	19,61
C.V.			17,53%	7,82%
Médias das test. (SAM e IAC 64)			1,2098	18,95
10	Blocos	3	4,26418**	47,82721**
10	Prog./cadeia	36	9,57188**	810,44066**
10	Resíduo	108	9,89372	181,62524
Medias das progênies			1,5257	19,58
C.V.			19,84%	6,62%
Médias das test. (SAM e IAC 64)			0,9630	21,15

Tabela 48. Análise da variância combinada de 10 experimentos de progênies de irmãos germanos interpopulacionais obtidos por cruzamento em cadeia entre SAM e IAC 64, ao nível de total de parcela para peso de grãos (PG, em kg/3,6m²) e média para capacidade de expansão (CE), no delineamento de blocos casualizados com 4 repetições. Mococa, 1992/93.

F. variação	G.L.	PG	CE
		QM	QM
Blocos/cadeia	30	1,221532**	9,88432**
Prog./cadeias	229	0,26523**	17,20178**
Cadeias	9	1,096076**	45,56250**
Resíduo médio	648	0,079457	2,18812
Médias das progênies		1,5061	18,97
CV%		18,7	7,8
Médias das testemunhas ¹		1,0295	18,90

*,**respectivamente significativo a 5% e a 1% pelo teste F.

¹testemunhas : variedades SAM e IAC 64

Tabela 49. Análise da variância combinada de 10 experimentos de progênies de irmãos germanos interpopulacionais obtidos por cruzamento em cadeia entre SAM e IAC 64, ao nível de média de tratamento, para peso de grãos (PG em kg/3,6m²) e capacidade de expansão (CE), no esquema hierárquico. Mococa, 1992/93.

F. variação	G.L.	PG	CE
		QM	QM
Genótipo/cadeia	219	0,075719**	5,29748**
Prog./Genótipo	229	0,056333**	3,11942**
Resíduo médio ¹	648	0,019864	0,54703

¹Resíduo médio dividido pelo número de repetições.

Tabela 50. Estimativas ao nível de parcela dos parâmetros : variância aditiva ($\hat{\sigma}_{A(12)}^2$), variância de dominância ($\hat{\sigma}_{D(12)}^2$) e da relação $\hat{\sigma}_{D(12)}^2/\hat{\sigma}_{A(12)}^2$, obtida da análise agrupada das cadeias de irmãos germanos da interpopulação entre SAM e IAC 64, para os caracteres de peso de grãos (PG, em g/planta) e capacidade de expansão (CE), dos ensaios de Mococa, em 1992/93.

	PG	CE
	(g/pl) ²	
$\hat{\sigma}_{A(12)}^2$	120,8257 ± 49,0190	5,1075 ± 0,4097
$\hat{\sigma}_{D(12)}^2$	243,8643 ± 89,9065	5,18212 ± 2,0930
$\hat{\sigma}_{D(12)}^2/\hat{\sigma}_{A(12)}^2$	2,0183	1,0146

Tabela 51. Correlações fenotípicas ($\hat{r}_{F(12)}$) e suas componentes : genética (G) e ambiental (A) para os pares de caracteres PG-IE, PG-AP, PG-AE, PG-NRP, PG-DE e PG-CoE, dos ensaios de irmãos germanos de Campinas, em 1992/93.

	PG-IE	PG-AP	PG-AE	PG-NRP	PG-DE	PG-CoE
$\hat{r}_{F(12)}$	0,45	0,53	0,50	0,37	0,70	0,63
G	0,31	0,20	0,44	0,50	0,56	0,53
A	0,14	0,33	0,06	-0,13	0,14	0,10

F I G U R A S

2	1,3	22	1,3,6	42	1,3,4,5	
3	1,4	23	1,4,5	43	1,3,4,6	
4	1,5	24	1,4,6	44	1,3,5,6	
5	1,6	25	1,5,6	45	1,4,5,6	
6	2,3	26	2,3,4	46	2,3,4,5	
7	2,4	27	2,3,5	47	2,3,4,6	
8	2,5	28	2,3,6	48	2,3,5,6	
9	2,6	29	2,4,5	49	2,4,5,6	
10	3,4	30	2,4,6	50	3,4,5,6	
11	3,5	31	2,5,6	51	1,2,3,4,5	
12	3,6	32	3,4,5	52	1,2,3,4,6	
13	4,5	33	3,4,6	53	1,2,3,5,6	
14	4,6	34	3,5,6	54	1,2,4,5,6	
15	5,6	35	4,5,6	55	1,3,4,5,6	
16	1,2,3	36	1,2,3,4	56	2,3,4,5,6	
17	1,2,4	37	1,2,3,5	57*	1,2,3,4,5,6	
18	1,2,5	38	1,2,3,6			
19	1,2,6	39	1,2,4,5			
20	1,3,4	40	1,2,4,6			

I número de identificação dos compostos na figura
 II número de identificação das variedades que entram
 no composto, sendo 1=SAM, 2 = Pirapoca amarela,
 3 = UPV amarelo, 4 = Americano, 5 = sintético, 6 = Guarani.
 *composto amplo

Figura 1. Relação entre produção de compostos e heterose média dos híbridos que participam de sua formação.

Figura 2. Relação entre capacidade de expansão (CE) de compostos e heterose média dos híbridos que participam de sua formação.

APÊNDICE

Apêndice 1. Análise da variância individual e combinada dos experimentos 1, 2 e 3, para progênies de irmãos germanos da interpopulação SAM x IAC 64, obtidos ao nível de médias de parcela para peso de grãos (PG) e capacidade de expansão (CE), no delineamento de blocos casualizados com três repetição. Campinas, 1992/93(*).

	Exp. 1		Exp. 2		Exp. 3		Combinada	
F. Variação	G.L.	S.Q.	G.L.	S.Q.	G.L.	S.Q.	G.L.	Q.M
PG (peso de grãos em kg/4m ² , a 14,5% de umidade)								
Progênies	33	10,778506	33	3,966016	25	4,132431	91	0,207439*
Resíduo	66	3,763022	66	4,235744	50	3,280727	182	0,061978
Médias		1,4173		1,5578		1,5704		1,5152
CV%		16,85		16,26		16,31		16,43
CE (capacidade expansão)								
Progênies	33	850,50979	33	505,23374	25	367,97948	91	18,94201**
Resíduo	66	187,91254	66	154,77510	50	182,43665	182	2,88530
Médias		18,57		20,14		19,97		19,56
CV%		9,09		7,60		9,57		8,68

(*) análise de variância utilizada apenas para obtenção das análises de covariância com os caracteres com apenas três repetições.

Apêndice 2. Análise de covariância do peso de grãos (PG, em kg/4m²) com os outros caracteres avaliados nos ensaios de progênies de irmãos germanos da interpopulação SAM x IAC 64, obtidas das análises combinadas dos caracteres individuais e da soma deles ($PM = 1/2 (QM_{(PG + X)} - QM_{PG} - QM_X)$). Campinas, 1992/93.

F.Variação	G.L.	QM			PM(XY)
		X	Y	X + Y	
X = PG Y = IE (índice de espigas)					
Progênies	91	0,23505	0,15648	0,56560	0,08704
Resíduo	273	0,06056	0,07181	0,18791	0,02777
X = PG Y = CE (capacidade de expansão)					
Progênies	91	0,23505	22,77618	22,63634	-0,18745
Resíduo	273	0,06056	3,24190	3,06461	-0,11893
X = PG Y = P100G (peso de 100 grãos)					
Progênies	91	0,23505	7,55694	8,18389	0,19595
Resíduo	273	0,06056	0,68659	0,79383	0,02334
X = PG Y = NRP (numero de ramif. do pendão)					
Progênies	91	0,23505	92,80544	91,62925	-0,70562
Resíduo	273	0,06056	8,68236	9,24654	0,25181
X = PG Y = PS6P (peso seco de seis pendões)					
Progênies	91	0,23505	58,68570	58,01818	-0,45129
Resíduo	273	0,06056	13,44704	13,93495	0,21368
X = PG Y = AP (altura da planta)					
Progênies	91	0,23505	473,08198	477,74272	2,21284
Resíduo	273	0,06056	73,43525	73,98472	0,48891
X = PG Y = AE (altura da espiga)					
Progênies	91	0,23505	292,62696	296,24319	1,69059
Resíduo	273	0,06056	53,33193	53,74893	0,17822

-Continua-

-Continuação-

Apêndice 2. Análise de covariância do peso de grãos (PG, em kg/4m²) com os outros caracteres avaliados nos ensaios de progênies de irmãos germanos da interpopulação SAM x IAC 64, obtidas das análises combinadas dos caracteres individuais e da soma deles ($PM = 1/2(QM_{(PG + X)} - QM_{PG} - QM_X)$). Campinas, 1992/93.

QM					
F.Variação	G.L.	X	Y	X + Y	PM(XY)
X = PG Y = DE (diâmetro da espiga)					
Progênies	91	0,20744	0,03656	0,29344	0,024721
Resíduo	182	0,06198	0,00700	0,07866	0,004843
X = PG Y = CoE (comprimento da espiga)					
Progênies	91	0,20744	2,70487	3,29475	0,191221
Resíduo	182	0,06198	0,57374	0,69147	0,027878
X = PG Y = NF (número de fileiras)					
Progênies	91	0,20744	3,64752	3,79732	-0,028820
Resíduo	182	0,06198	0,54012	0,57281	-0,014643

Apêndice 3. Análise de covariância da capacidade de expansão(CE) com outros caracteres avaliados no ensaio de progênies de irmãos germanos da interpopulação SAM x IAC 64, obtidas das análises combinadas dos caracteres individuais e da soma deles (PM = Produto médio = $1/2 (QM_{(CE+X)} - QM_{CE} - QM_X)$). Campinas, 1992/93.

F.Variação	G.L.	QM			PM(XY)
		X	Y	X + Y	
		X = CE	Y = IE (índice de espigas)		
Progênies	91	22,77618	0,15648	23,74021	0,40378
Resíduo	273	3,24190	0,07181	3,12819	-0,09276
		X = CE	Y = P100G (peso de 100 grãos)		
Progênies	91	22,77618	7,55694	24,42249	-2,95532
Resíduo	273	3,24190	0,68659	3,53111	-0,19869
		X = CE	Y = NRP (número de ramif. do pendão)		
Progênies	91	22,77618	92,80544	120,48406	2,45122
Resíduo	273	3,24190	8,68236	11,86497	-0,029643
		X = CE	Y = PS6P (peso seco de 6 pendões)		
Progênies	91	22,77618	58,68570	78,56772	-1,44708
Resíduo	273	3,24190	13,44704	16,95911	0,13509
		X = CE	Y = AP (altura da planta)		
Progênies	91	22,77618	473,08198	518,34195	11,24190
Resíduo	273	3,24190	73,43525	74,34185	-1,16765
		X = CE	Y = AE (altura da espiga)		
Progênies	91	22,77618	292,62696	324,41221	4,50454
Resíduo	273	3,24190	53,33193	53,49416	-1,53984
		X = CE	Y = DE (diâmetro da espiga)		
Progênies	91	18,94201	0,03657	18,82116	-0,078711
Resíduo	182	2,59409	0,00700	2,57324	-0,013924

-Continua-

-Continuação-

apêndice 3. Análise de covariância da capacidade de expansão (CE) com outros caracteres avaliados no ensaio de progênies de irmãos germanos da interpopulação SAM x IAC 64, obtidas das análises combinadas dos caracteres individuais e da soma deles (PM = Produto médio = $1/2 (QM_{(CE+X)} - QM_{CE} - QM_X)$). Campinas, 1992/93.

F.Variação	G.L.	QM			PM(XY)
		X	Y	X + Y	
	X = CE	Y = CoE (comprimento da espiga)			
Progênies	91	18,94201	2,70487	24,16216	1,257640
Resíduo	182	2,59409	0,57374	3,31302	0,072596
	X = CE	Y = NF (número de fileiras)			
Progênies	91	18,94201	3,64752	25,37017	1,390320
Resíduo	182	2,59409	0,54012	3,03344	-0,050385

Apêndice 4. Análise da variância de 10 experimentos de progênes de irmãos germanos interpopulacionais obtidos por cruzamento em cadeia entre SAM e IAC 64, ao nível de total de parcela para peso de grãos (PG, em kg/3,6m²) e médias para capacidade de expansão (CE), no esquema hierárquico ao nível de médias de tratamento. Mococa, 1992/93.

Exp. (cadeia).	F.V.	G.L.	PG	CE
			S.Q.	S.Q.
1	Genótipos	15	1,10164	51,36950
1	Prog./Genót.	16	1,35268	101,46390
1	Resíduo	48	5,78470	85,59381
2	Genótipos	27	1,86984	115,10668
2	Prog./Genót.	28	1,88420	68,28720
2	Resíduo	84	6,57644	166,86224
3	Genótipos	27	2,58936	94,46974
3	prog./Genót.	28	1,71818	46,24300
3	Resíduo	84	6,21124	148,30569
4	Genótipo	13	0,71576	27,42604
4	Prog./Genót.	14	0,39802	49,30520
4	Resíduo	42	1,45328	93,86066
5	Genótipo	12	1,84576	98,69944
5	Prog./cadeia	13	1,29720	25,60696
5	Resíduo	39	3,43971	83,04214
6	Genótipo	22	2,04906	130,38748
6	Prog./Genót.	23	1,08670	98,23666
6	Resíduo	69	4,41600	138,22084
7	Genótipo	13	0,96782	27,97854
7	Prog./Genót.	14	0,60826	50,29336
7	Resíduo	42	1,70910	209,93701
8	Genótipo	12	0,21402	33,16346
8	Prog./Genót.	13	0,40406	30,67016
8	Resíduo	39	2,04667	97,60411
9	Genótipo	43	2,55712	312,54896
9	Prog./Genót.	44	2,22182	129,21676
9	Resíduo	132	9,95714	310,45333
10	Genótipo	35	2,67202	268,99724
10	Prog./Genót.	36	1,92914	131,50996
10	Resíduo	108	9,89372	181,62524