

# Seleção de progênies endogâmicas $S_1$ e $S_2$ em um programa de melhoramento intrapopulacional de milho pipoca

Aloisio Alcantara Vilarinho\*, José Marcelo Soriano Viana, Tassiano Maxwell Marinho Câmara e João Francisco dos Santos

Departamento de Biologia Geral, Universidade Federal de Viçosa, 36571-000, Viçosa, Minas Gerais, Brasil. \*Autor para correspondência.

**RESUMO.** Cem progênies  $S_1$  e duzentas e vinte e cinco  $S_2$  obtidas da população de milho pipoca Beija-Flor, *Zea mays* L. (Poaceae), foram avaliadas com relação à produção, capacidade de expansão e outras características de interesse agrônomico. Parâmetros genéticos foram estimados e os ganhos preditos com seleção foram calculados de acordo com vários critérios de seleção. Variabilidade genotípica significativa foi observada para os caracteres produção e capacidade de expansão, sendo negativa a correlação entre eles. Foi constatado o potencial da população Beija-Flor para o melhoramento. Seleção direta para CE foi a estratégia recomendada para a seleção de 30 progênies  $S_1$  para melhoramento intrapopulacional. Foi predito um ganho de 1,08 mL/g em CE e 13 kg/ha em produção. Para a seleção de 30 famílias  $S_2$  foi recomendado o índice de Mulamba e Mock com pesos 1 e 3 para produção e CE, respectivamente, proporcionando um ganho predito de 0,81 mL/g para CE.

**Palavras-chave:** milho pipoca, seleção, endogamia, índices de seleção.

**ABSTRACT.**  $S_1$  and  $S_2$  imbred progenies selection in program for intrapopulational improvement of popcorn. One-hundred  $S_1$  and 225  $S_2$  progenies obtained from the popcorn population "Beija-Flor" *Zea mays* L. (Poaceae), were evaluated in relation to yield, popping expansion and other agronomic characters. Genetic parameters were estimated and the predicted gains by selection were obtained according to several selection methods. Significant genotypic variability was observed for both yield and volume expansion. The direct selection for popping expansion was the method used in selecting thirty  $S_1$  progenies for intrapopulational improvement. A gain of 1.08 mL/g for volume expansion was predicted. The expected indirect gain for grain yield is irrelevant, mainly because of the negative genotypic correlation between these characters. For selection of thirty  $S_2$  families the index of Mulamba and Mock was used, with weights 1 and 3 for yield and volume expansion, respectively. A predicted gain of 0.81 mL/g was obtained for popping expansion.

**Key words:** popcorn, selection, inbreeding, index of selection.

## Introdução

No Brasil, um dos entraves ao desenvolvimento da cultura do milho pipoca é o reduzido número de populações melhoradas e híbridos com alta produtividade e qualidade. Em um país de dimensões continentais como o Brasil, é indispensável um número relativamente grande de materiais melhorados para que se tenham variedades e híbridos adaptados a todas as regiões do país e, dessa forma, garantir alta produtividade e qualidade. Com o objetivo de melhoramento da população Beija-Flor, um programa de melhoramento, do qual este trabalho constitui uma parte, foi iniciado pelo Setor de Genética do Departamento de Biologia Geral da Universidade Federal de Viçosa.

De acordo com dados fornecidos pelas empresas que atuam no setor, estima-se, em cerca de trinta mil toneladas/ano, o consumo de milho pipoca no Brasil (Sawazaki, 1996). É um consumo pequeno quando comparado ao dos Estados Unidos e de outros países. Segundo dados de Ziegler e Ashman (1994), foram colhidos, em 1990 nos Estados Unidos da América, 380.127 toneladas de grãos, movimentando uma indústria que faturou cerca de 1,155 bilhão de dólares.

Devido a seu grande potencial, a cultura do milho pipoca vem despertando o interesse de diversos pesquisadores, não só pelos aspectos relativos à tecnologia de produção, em que se inclui o desenvolvimento de variedades melhoradas e híbridos, mas também pelo processamento industrial.

O melhoramento genético do milho possui duas alternativas que podem ser implementadas de forma conjunta: a obtenção de populações melhoradas e a obtenção de híbridos. No primeiro caso, a utilização adequada de métodos de seleção possibilita o aumento gradativo da frequência dos genes favoráveis na população melhorada, sendo esta superior à original. No segundo caso, a estratégia de melhoramento visa à obtenção de linhagens endogâmicas que, quando em combinações adequadas, produzirão híbridos superiores às populações de origem (Paterniani e Miranda Filho, 1978).

Nos esquemas seletivos utilizando progênies endogâmicas é maior a seleção contra genes deletérios e as populações melhoradas a partir dessas progênies, quando autofecundadas, produzirão linhagens com menor depressão por endogamia (Hallauer, 1980). Após dois ciclos de seleção recorrente com base na produção de progênies  $S_1$  da população de milho "Corn Belt-Southern Synthetic", Genter e Alexander (1966) obtiveram famílias  $S_1$  da população melhorada com produção 31,4% superior às derivadas da população original. Com dois ciclos de seleção recorrente com base na produção em cruzamento teste, o aumento foi de 17,9%. Duclos e Crane (1968) também obtiveram progênies  $S_1$  de milho mais produtivas quando estas eram extraídas de população melhorada com base na produção de progênies  $S_1$ .

A seleção com base no comportamento de progênies  $S_1$  tem sido utilizada para alterar a média de produção em populações de milho. Carangal *et al.* (1971), comparando dois métodos de seleção recorrente na população de milho "Minnesota Synthetic A", concluíram que seleção com base em progênies  $S_1$  proporcionou maiores ganhos na média da população. Após dois ciclos de seleção recorrente com base em progênies  $S_1$  da população de milho "Virginia Corn Belt-Southern Synthetic", Genter (1973) obteve uma população 14,3% mais produtiva que a população original. Hallauer (1980) obteve maior ganho predito por ciclo em população melhorada por seleção recorrente com base em famílias  $S_2$ , seguida de população melhorada por seleção de progênies  $S_1$  e por último com população melhorada com base em famílias de meios-irmãos. Já o ganho predito por ano foi maior com o uso de progênies  $S_1$  que com o uso de famílias  $S_2$ . Porém, ambas foram superiores à seleção com base em famílias de meios-irmãos. Comparações teóricas entre diferentes métodos de seleção recorrente indicaram que a seleção com base em progênies  $S_1$  é mais eficiente em aumentar a frequência de genes favoráveis, principalmente quando existe

dominância parcial ou completa (Wright, 1980). Weyhrich *et al.* (1998) compararam a resposta à seleção de sete métodos, sendo seis intra e um interpopulacional, na população de milho BS11. No mínimo quatro ciclos de seleção foram conduzidos para cada um dos seguintes métodos: seleção massal, seleção espiga por fileira modificado, seleção entre famílias de meios-irmãos, seleção entre famílias de irmãos completos, seleção de progênie  $S_1$  e  $S_2$  e seleção recorrente recíproca. Os autores concluíram que, dentre os sete métodos empregados com vista ao melhoramento intrapopulacional, a seleção de progênies  $S_2$  teve a maior resposta para produção de grãos, 4,5% por ciclo, e seleção massal teve a menor resposta, 0,6% por ciclo.

Este trabalho teve como objetivos: a) estimar parâmetros genéticos da população de milho pipoca Beija-Flor, *Zea mays* L. (Poaceae); b) prever os ganhos com seleção direta, indireta e com a utilização de índices de seleção e c) selecionar as melhores famílias  $S_1$  e  $S_2$  para melhoramento intrapopulacional.

### Material e métodos

Neste trabalho utilizaram-se progênies  $S_1$  e  $S_2$  da variedade de milho pipoca Beija-Flor, originária do Banco de Germoplasma do Programa de Melhoramento de Milho do Setor de Genética, do Departamento de Biologia Geral da Universidade Federal de Viçosa.

No ano agrícola 1998/99, dois ensaios de avaliação foram instalados no campo experimental da Universidade Federal de Viçosa, em Coimbra, Estado de Minas Gerais. O delineamento adotado foi o látice. Um látice simples 15 x 15 foi usado para a avaliação de 225 famílias  $S_2$ . Um látice simples 10 x 10 foi empregado para o teste de 100 progênies  $S_1$ . Cada parcela correspondeu a uma fileira com 5 metros e o espaçamento foi de 0,9 metro. Semearam-se 50 sementes por fileira e após o desbaste, foram deixadas 25 plantas, totalizando uma densidade aproximada de 55.555 plantas/ha.

As seguintes variáveis foram avaliadas em cada parcela dos experimentos: altura de planta (AP), em metros; altura de espiga (AE), em metros; proporção de plantas acamadas (PPA); proporção de plantas quebradas (PPQ); estande final (ST); peso de 100 grãos (PCGu), em g, corrigido para umidade padrão de 14,5%; produção (PROD), em kg/ha, padronizada para 14,5% de umidade e, no caso de famílias  $S_2$ , corrigida para estande ideal de 25 plantas por parcela, pelo método proposto por Vencovsky e Cruz, (1991); proporção de espigas mal empalhadas (PEME); índice de prolificidade; proporção de

espigas atacadas por pragas (PEAP); proporção de espigas atacadas por doenças (PEAD); e capacidade de expansão (CE), em mL/g.

Na determinação da capacidade de expansão foram utilizadas amostras de 30g de grãos e uma pipoqueira de ar quente, a Hot Air Popcorn Pumper H7340, da Proctor Silex, com 1.250 watts de potência. Cada amostra de 30 g de grãos foi colocada na pipoqueira quando esta atingia uma temperatura de 100°C. A pipoqueira era desligada quando nenhum grão estourasse mais por um período de 5 segundos. A pipoca era, então, despejada em uma proveta de 1.000 mL com o auxílio de um funil e o volume de pipoca era quantificado. Antes da mensuração da CE, a umidade dos grãos era determinada para ver se estava dentro dos limites estabelecidos (13 a 14,5%).

As análises de variância foram feitas segundo o delineamento em blocos casualizados, uma vez que a estrutura do látice foi perdida. Todas as análises estatístico-genéticas foram feitas utilizando-se o programa computacional GENES (Cruz, 1997). No cálculo dos ganhos preditos foi utilizada a herdabilidade em sentido amplo, em nível de média de família, e foi considerada a seleção de trinta famílias em cada ensaio.

Além de seleção direta para CE e produção foram avaliados os seguintes critérios de seleção:

- Seleção com base no índice clássico (Smith, 1936, e Hazel, 1943). Foram avaliados os pesos econômicos 1:38 (progênies  $S_1$ ) e 1:33 (famílias  $S_2$ ), para produção e CE, respectivamente. Estes pesos foram obtidos de acordo com o método proposto por Matta (2000). Os pesos 1:112, obtidos por Matta (2000), em seu trabalho com progênies de meios-irmãos da população Beija-Flor, foram considerados nos dois testes. Além destes, vários pesos atribuídos aleatoriamente foram avaliados em ambos os ensaios;
- Seleção de acordo com o índice base (Williams, 1962). Foram utilizados os mesmos pesos econômicos avaliados no índice anterior;
- Seleção de acordo com o índice baseado nos ganhos desejados (Pesek e Baker, 1969). Foram utilizados ganhos desejados equivalentes a um desvio padrão genotípico;
- Seleção de acordo com o índice baseado na soma de postos ou "ranks" (Mulamba e Mock, 1978), com pesos 1:1, 1:2 e 1:10, no caso de progênies  $S_1$ , e 1:1, 1:3 e 1:4, no caso de famílias  $S_2$ , para produção e CE, respectivamente; e

- Seleção com base no índice livre de pesos ou parâmetros (Elston, 1963), com valores de  $K_i$  de 1.100 kg/ha e 25 mL/g, para progênies  $S_1$ , e valores de  $K_i$  iguais a 1.650 kg/ha e 28 mL/g, para famílias  $S_2$ , quanto à produção e CE, respectivamente.

## Resultados e discussão

Na análise de variância das progênies  $S_1$  (Tabela 1), verificou-se variância genotípica significativa para os caracteres ST, PCGu, PEAD, PROD e CE, enquanto para as famílias  $S_2$  (Tabela 2) o teste foi significativo para os caracteres PCGu, PROD e CE, evidenciando a existência de variabilidade genética para as variáveis PROD e CE e, por conseguinte, a possibilidade de progresso com seleção. O teste não foi significativo a 5% de probabilidade para os demais caracteres, indicando a não-existência de variância genotípica entre as progênies.

A média de produção das famílias  $S_2$  foi maior que a das progênies  $S_1$ , mas é provável que tenha ocorrido depressão por endogamia de  $S_1$  para  $S_2$ . Nada de concreto pode ser dito a esse respeito, em virtude da ausência de uma testemunha comum aos dois ensaios.

A grande proporção de plantas acamadas nas famílias  $S_2$  pode ser atribuída, em parte, à perda de vigor em decorrência da endogamia. As médias dos caracteres AP e AE não são elevadas e, em consequência, era de se esperar baixa proporção de plantas acamadas e quebradas. No entanto, isso não se verificou. As médias dos caracteres PPA, PPQ, PEME, PEAP e PEAD podem ser consideradas altas. No entanto, essas médias não refletem a média da população Beija-Flor, uma vez que em progênies endogâmicas ocorre perda de vigor por causa da endogamia. Observa-se que em  $S_2$ , provavelmente em razão da endogamia, as plantas não apresentaram prolificidade. Como não há variabilidade, este não poderá ser utilizado como um caráter auxiliar no aumento da produtividade.

A média de CE das progênies  $S_1$  e  $S_2$  pode ser considerada muito boa, em se tratando de população ainda não-melhorada geneticamente, evidenciando o valor dessa população para o melhoramento, visando à qualidade da pipoca. A média de CE em  $S_1$  foi 25,37 mL/g, com máximo de 38,17 mL/g. Em  $S_2$ , a média de CE foi 27,77 mL/g, sendo o valor máximo de 40 mL/g. De acordo o Instituto Agrônomo de Campinas, a média de CE do híbrido IAC 112 está em torno de 34 mL/g. O híbrido Zélia da Pioneer apresenta o mesmo nível de qualidade. Os milhos das marcas comerciais Yoki e Hikari têm CE acima de 30 mL/g. Várias progênies  $S_1$  e  $S_2$  apresentaram qualidade comparável a estes materiais, indicando ser possível aumentar de

forma significativa a CE da população Beija-Flor. A população original e a Beija-Flor S<sub>1</sub>, da qual as famílias S<sub>2</sub> foram obtidas, possuem CE em torno de 25 mL/g. Fato interessante verificado foi o aumento da CE com o aumento na taxa de endogamia.

A estimativa de herdabilidade obtida para a variável CE, tanto nas progênes S<sub>1</sub> quanto S<sub>2</sub> (Tabelas 3 e 4), foi maior que a obtida para o caráter produção de grãos e a herdabilidade de ambas foi maior que a dos demais caracteres, indicando maior possibilidade de ganho para CE. Uma exceção é o caso da variável PEAD no ensaio com progênes S<sub>1</sub>. A herdabilidade estimada para esse caráter tem praticamente a mesma magnitude daquela estimada para CE.

De maneira geral, as correlações genotípicas entre os caracteres foram de baixa magnitude. Foi estimada correlação genotípica negativa (-0,39 em S<sub>1</sub> e -0,31 em S<sub>2</sub>) entre os caracteres CE e produção de

grãos, indicando que a seleção truncada em apenas um desses caracteres poderá ocasionar mudanças indesejáveis no outro. Correlação genotípica negativa (-0,34) também foi encontrada entre CE e PCGu, no ensaio com progênes S<sub>1</sub>. No teste com famílias S<sub>2</sub>, essa correlação foi positiva, porém de magnitude desprezível. A correlação genotípica entre CE e PEAD, nas progênes S<sub>1</sub>, foi também positiva, mas de magnitude muito baixa (0,09), não devendo a seleção com base em CE provocar alterações significativas na média de PEAD. Também de magnitudes desprezíveis foram as correlações genotípicas entre produção e PCGu e entre produção e PEAD nas progênes S<sub>1</sub>. Já em relação às famílias S<sub>2</sub>, a correlação genotípica entre produção e PCGu foi de -0,33, indicando que a seleção com base apenas na produção poderá provocar uma pequena diminuição na média de PCGu.

**Tabela 1.** Resumo das análises de variância para os caracteres altura de planta (AP, em m), altura de espiga (AE, em m), estande final (ST), proporção de plantas acamadas (PPA), proporção de plantas quebradas (PPQ), proporção de espigas mal empalhadas (PEME), índice de prolificidade (IP), peso de cem grãos corrigido para umidade padrão de 14,5% (PCGu, em g), proporção de espigas atacadas por pragas (PEAP), proporção de espigas atacadas por doenças (PEAD), produção corrigida para umidade padrão de 14,5% (PROD, em kg/ha) e capacidade de expansão (CE, em mL/g), no ensaio com progênes S<sub>1</sub>

F.V.	G.L.	Q.M.											
		AP	AE	ST	PPA	PPQ	PEME	IP	PCGu	PEAP	PEAD	PROD	CE
Blocos	1	0,567770	0,017675	3,938802	0,232176	0,105169	0,057150	0,012716	0,414619	0,387092	0,014190	160293,69	0,338005
Famílias	95	0,034709	0,015041	54,333539*	0,031124	0,042323	0,006976	0,139096	2,505292*	0,034082	0,046589**	795569,27*	42,816964**
Resíduo	95	0,030297	0,019353	36,460513	0,025596	0,031978	0,006386	0,099541	1,755526	0,031013	0,019962	528378,18	17,267738
Máximo		1,90	1,30	25	0,80	0,87	0,50	2,00	19,33	1	0,94	4460	38,17
Média		1,37	0,64	13,50	0,16	0,19	0,08	1,23	13,94	0,28	0,25	1294,35	25,37
Mínimo		0,80	0,30	1	0	0	0	0,42	9,88	0	0	112	8,33
CV <sub>e</sub> (%)		12,75	21,66	44,72	101,53	96,31	105,92	25,59	9,51	62,08	56,29	56,16	16,38

\*,\*\* = significativo a 5% e 1% de probabilidade, respectivamente, pelo teste F

**Tabela 2.** Resumo das análises de variância para os caracteres altura de planta (AP, em m), altura de espiga (AE, em m), estande final (ST), proporção de plantas acamadas (PPA), proporção de plantas quebradas (PPQ), proporção de espigas mal empalhadas (PEME), índice de prolificidade (IP), peso de cem grãos corrigido para umidade padrão de 14,5% (PCGu, em g), proporção de espigas atacadas por pragas (PEAP), proporção de espigas atacadas por doenças (PEAD), produção corrigida para umidade padrão de 14,5% e estande ideal de 25 plantas (PROD, em kg/ha) e capacidade de expansão (CE, em mL/g), no ensaio com famílias S<sub>2</sub>

F.V.	G.L.	Q.M.											
		AP	AE	ST	PPA	PPQ	PEME	IP	PCGu	PEAP	PEAD	PROD	CE
Blocos	1	0,003445	0,019596	150,302582	0,084954	0,043871	0,000520	0,083310	0,003578	0,025421	0,002526	1780895,13	114,861261
Famílias	209	0,017252	0,014638	38,853234	0,010629	0,008031	0,011466	0,140543	3,010902*	0,019070	0,022975	992449,24**	25,313210**
Resíduo	209	0,018597	0,014331	37,954316	0,011505	0,008576	0,010851	0,126653	2,239142	0,016009	0,024264	716211,16	17,148812
Máximo		1,85	1,00	26	0,86	0,57	0,71	2,00	19,81	0,88	1	5153,00	40,00
Média		1,56	0,71	21,54	0,53	0,28	0,13	0,95	13,68	0,19	0,20	1916,69	27,77
Mínimo		0,40	0,40	3	0,08	0	0	0,16	10,05	0	0	338,40	14,33
CV <sub>e</sub> (%)		8,73	16,91	28,59	20,34	33,65	78,58	37,44	10,94	67,50	78,81	44,15	14,91

\*,\*\* = significativo a 5% e 1% de probabilidade, respectivamente, pelo teste F

**Tabela 3.** Estimativas do coeficiente de herdabilidade (h<sup>2</sup>) em sentido amplo, em nível de média de progênes S<sub>1</sub> da população de milho pipoca Beija-Flor, em relação às variáveis altura de plantas (AP, em m), estande final (ST), proporção de plantas acamadas (PPA), proporção de plantas quebradas (PPQ), proporção de espigas mal empalhadas (PEME), índice de prolificidade (IP), peso de cem grãos corrigido para umidade de 14,5% (PCGu, em g), proporção de espigas atacadas por pragas (PEAP), proporção de espigas infestadas por doenças (PEAD), produção corrigida para umidade padrão de 14,5% (PROD, em kg/ha) e capacidade de expansão (CE, em mL/g)

Estimador	Estimativa/Característica										
	AP	ST	PPA	PPQ	PEME	IP	PCGu	PEAP	PEAD	PROD	CE
h <sup>2</sup> (%)	12,71	32,90	17,76	24,44	8,46	28,44	29,93	9,01	57,15	33,58	59,67

**Tabela 4.** Estimativas do coeficiente de herdabilidade ( $h^2$ ) em sentido amplo, em nível de média de famílias  $S_2$  da população de milho pipoca Beija-Flor, em relação às variáveis altura de espiga (AE, em m), estande final (ST), proporção de espigas mal empalhadas (PEME), índice de prolificidade (IP), peso de cem grãos corrigido para umidade de 14,5% (PCGu, em g), proporção de espigas atacadas por pragas (PEAP), produção corrigida para umidade padrão de 14,5% e estande ideal de 25 plantas (PROD, em kg/ha) e capacidade de expansão (CE, em mL/g)

Estimador	Estimativa/Característica							
	AE	ST	PEME	IP	PCGu	PEAP	PROD	CE
$h^2$ (%)	2,10	2,31	5,36	9,88	25,63	16,05	27,83	32,25

Em relação às progênies  $S_1$ , verifica-se que com seleção direta para CE foram preditos ganhos positivos tanto para CE (1,08 mL/g) quanto para PROD (12,97 kg/ha) (Tabela 5). Este resultado se deve ao cálculo com base em diferencial de seleção, pois a correlação estimada entre CE e PROD foi de -0,39. No grupo das famílias selecionadas a correlação entre produção e CE deve ser positiva. Com seleção direta para produção foram estimados ganhos positivos para PROD (99,66 kg/ha) e negativos para CE (-0,20 mL/g). Os ganhos indiretos preditos para as demais variáveis foram todos muito pequenos, tanto com seleção direta para CE, quanto com seleção direta para PROD. Embora alguns sejam em sentido desfavorável, não deverão alterar de forma significativa a média dos caracteres.

**Tabela 5.** Ganhos estimados com a seleção das 30 melhores famílias  $S_1$ , com seleção direta para capacidade de expansão (CE, em mL/g), com seleção direta para produção corrigida para umidade padrão de 14,5% (PROD, em kg/ha) e com o uso de diversos índices, nos quais foram levadas em consideração as variáveis PROD e CE

Critério de seleção	Característica	
	PROD	CE
1	12,9740	1,08449
2	99,6619	-0,19866
3	96,9573	0,11216
4	66,2061	0,80838
5	31,0678	1,03805
6	94,6414	0,25139
7	81,3431	0,64016
8	66,2061	0,80838
9	81,3431	0,64016
10	81,3431	0,64016
11	34,0465	1,01975
12	19,2087	1,08116
13	56,1366	0,72984

1 - Seleção direta para CE; 2 - Seleção direta para PROD; 3 - Índice Clássico (Smith, 1936 e Hazel, 1934) com pesos econômicos de 1 e 38 para PROD e CE, respectivamente; 4 - Índice Clássico (Smith, 1936 e Hazel, 1934) com pesos econômicos de 1 e 112 para PROD e CE, respectivamente; 5 - Índice Clássico (Smith, 1936 e Hazel, 1934) com pesos econômicos de 1 e 210 para PROD e CE, respectivamente; 6 - Índice Base (Williams, 1962) com pesos econômicos de 1 e 38 para PROD e CE, respectivamente; 7 - Índice Base (Williams, 1962) com pesos econômicos de 1 e 112 para PROD e CE, respectivamente; 8 - Índice Base (Williams, 1962) com pesos econômicos de 1 e 210 para PROD e CE, respectivamente; 9 - Índice baseado nos ganhos desejados (Pesek e Baker, 1969) com ganhos desejados equivalentes a um desvio padrão genotípico; 10 - Índice baseado na soma de "ranks" (Mulamba e Mock, 1978) com pesos de 1 e 1 para PROD e CE, respectivamente; 11 - Índice baseado na soma de "ranks" (Mulamba e Mock, 1978) com pesos de 1 e 2 para PROD e CE, respectivamente; 12 - Índice baseado na soma de "ranks" (Mulamba e Mock, 1978) com pesos de 1 e 10 para PROD e CE, respectivamente; 13 - Índice livre de pesos ou parâmetros (Elston, 1963) com valores de k iguais a 1100 kg/ha e 25 mL/g para PROD e CE, respectivamente

Em relação à seleção baseada no índice de Smith e Hazel, foi obtido ganho predito de 1,04 mL/g para CE e 31,07 kg/ha para PROD, quando foram utilizados como pesos econômicos os valores de 1 e 210 para PROD e CE, respectivamente. O ganho predito para CE corresponde a 96% daquele predito com a seleção direta. Dentre os pesos econômicos utilizados no índice clássico, este foi o que proporcionou os maiores ganhos para CE. Já os pesos de 1 para PROD e 112 para CE foram os que deram os maiores ganhos conjuntos para CE e PROD. Praticamente não se obteve ganho predito para CE, quando os pesos econômicos utilizados foram 1 para PROD e 38 para CE.

Pelo índice de Williams, os pesos econômicos de 1 para PROD e 210 para CE proporcionaram os maiores ganhos para CE (0,81 mL/g) e os pesos de 1 para PROD e 112 para CE deram os maiores ganhos conjuntos para CE e PROD. Da mesma forma que no índice clássico, os ganhos preditos para CE com os pesos de 1 para PROD e 38 para CE foram os menores.

Com o índice de Pesek e Baker foram obtidos ganhos preditos de 0,64 mL/g para CE e 81,34 kg/ha para PROD.

Com o índice de Mulamba e Mock, com pesos iguais para CE e PROD, foi predito ganho para CE (0,64 mL/g) muito inferior àquele predito com seleção direta para CE. Com os pesos 1 e 10 foram obtidos os maiores ganhos preditos para CE (1,08 mL/g) e com os pesos de 1 e 2 foram preditos ganhos de 1,02 mL/g para CE e de 34,05 kg/ha para PROD. O ganho conjunto foi menor do que aquele obtido com pesos iguais, porém, o ganho predito para CE foi maior e, como o interesse é melhorar a qualidade, é um bom resultado.

Com o índice de Elston foram preditos ganhos de 0,73 mL/g para CE e 56,14 kg/ha para PROD.

Observa-se que, de forma geral, os índices foram eficientes em prever ganhos simultâneos em CE e produção. Nenhum índice avaliado proporcionou estimativas de ganhos significativas para as variáveis não consideradas no índice, exceto para a variável PEAD. Entretanto, os ganhos preditos foram todos negativos e, portanto, em sentido desejável.

Como a população Beija-Flor já possui produtividade satisfatória, o interesse deste trabalho reside no aumento de qualidade. Dessa forma, critérios de seleção que proporcionem as maiores estimativas de ganhos em CE, sem previsão de perda em produção e mudanças indesejáveis nas demais variáveis, seriam os mais indicados. Assim, dentre todos os critérios avaliados, seleção direta para CE e seleção com base no índice de Mulamba e Mock

com pesos 1 e 10 para produção e CE, respectivamente, se destacam por serem os que proporcionaram as maiores estimativas de ganhos para CE e por não predizerem nenhuma redução na média de produção. Dessa forma, optou-se por seleção direta para CE para a seleção das progêneses  $S_1$  superiores, pois foi o critério que proporcionou o maior ganho predito para CE, além de proporcionar uma previsão de ganho em produção. As alterações estimadas por esse critério, para as demais variáveis, além de terem sido em sentido favorável para PEAD, PEAP, IP e ST, são muito pequenas, não devendo prejudicar o desempenho da população melhorada.

Com seleção direta para CE, nas famílias  $S_2$  (Tabela 6), houve ganho predito de 0,82 mL/g para CE, mas foi estimada uma pequena perda em produção. Já com seleção direta para produção, houve ganho estimado de 98,88 kg/ha para PROD, mas o ganho estimado em CE foi apenas metade do ganho estimado com seleção direta para CE. Os ganhos indiretos preditos para as demais variáveis são insignificantes, podendo ser desconsiderados.

**Tabela 6.** Ganhos estimados com seleção das 30 melhores famílias  $S_2$ , com seleção direta para capacidade de expansão (CE, em mL/g), com seleção direta para produção corrigida para umidade padrão de 14,5% e estande ideal de 25 plantas (PROD, em kg/ha) e com o uso de diversos índices, nos quais foram levadas em consideração as variáveis PROD e CE

Critério de seleção	Característica	
	PROD	CE
1	-21,1332	0,81964
2	98,8773	0,41776
3	98,8773	0,41776
4	92,5928	0,52078
5	10,1694	0,80260
6	98,8773	0,41776
7	92,5928	0,52078
8	64,6051	0,67576
9	84,4601	0,60882
10	50,0008	0,68522
11	0,3600	0,81337
12	-2,5000	0,81515
13	70,7385	0,53384

1 - Seleção direta para CE; 2 - Seleção direta para PROD; 3 - Índice clássico (Smith,1936 e Hazel,1943) com pesos econômicos de 1 e 33 para PROD e CE, respectivamente; 4 - Índice clássico (Smith,1936 e Hazel,1943) com pesos econômicos de 1 e 112 para PROD e CE, respectivamente; 5 - Índice clássico (Smith,1936 e Hazel,1943) com pesos econômicos de 1 e 400 para PROD e CE, respectivamente; 6 - Índice Base (Williams, 1962) com pesos econômicos de 1 e 33 para PROD e CE, respectivamente; 7 - Índice Base (Williams, 1962) com pesos econômicos de 1 e 112 para PROD e CE, respectivamente; 8 - Índice Base (Williams, 1962) com pesos econômicos de 1 e 400 para PROD e CE, respectivamente; 9 - Índice baseado nos ganhos desejados (Pesek e Backer,1969) com ganhos desejados equivalentes a um desvio padrão genotípico; 10 - Índice baseado na soma de "ranks" (Mulamba e Mock,1978) com pesos de 1 e 1 para PROD e CE, respectivamente; 11 - Índice baseado na soma de "ranks" (Mulamba e Mock,1978) com pesos de 1 e 3 para PROD e CE, respectivamente; 12 - Índice baseado na soma de "ranks" (Mulamba e Mock,1978) com pesos de 1 e 4 para PROD e CE, respectivamente; 13 - Índice livre de pesos ou parâmetros (Elston,1963) com valores de  $k$ , iguais a 1650 kg/ha e 28 mL/g para PROD e CE, respectivamente

Foram obtidos ganhos preditos de 0,80 mL/g para CE e 10,2 kg/ha para produção com o índice clássico, quando os pesos econômicos utilizados para PROD e CE foram 1 e 400, respectivamente. Esse

ganho em CE corresponde a 98% daquele esperado com seleção direta para CE, porém o ganho em produção corresponde a apenas 10% daquele estimado com seleção direta para PROD. Os pesos de 1 e 112 para CE e PROD foram os que proporcionaram as maiores estimativas de ganhos conjuntos para CE e produção.

Com os pesos de 1:33 e 1:112, pelo índice de Williams, foram obtidos exatamente os mesmos resultados obtidos pelo índice clássico com os mesmos pesos. O maior ganho estimado para CE, com o índice de Williams, foi com os pesos 1 para PROD e 400 para CE, mas o maior ganho conjunto foi obtido com os pesos 1 e 112.

Com o índice de Pesek e Baker foi estimado ganho em CE de 0,61 mL/g, menor que o ganho estimado com outros índices.

Com o índice de Mulamba e Mock foram preditos ganhos de 0,69 mL/g para CE e de 50 kg/ha para produção. Com peso 1 para PROD e 3 para CE, foi obtido ganho estimado de 0,81 mL/g para CE, que corresponde a 99% do ganho estimado com seleção direta para CE, e não houve previsão de perda em produção. Com os pesos 1 e 4, para PROD e CE, respectivamente, o ganho predito para CE foi 0,82 mL/g. Porém, uma ligeira previsão de perda em PROD foi encontrada. Com o uso deste índice, o maior ganho conjunto foi obtido quando pesos iguais foram atribuídos às variáveis PROD e CE.

Com o índice de Elston foram obtidos ganhos estimados de 0,53 mL/g para CE e 70,7 kg/ha para PROD.

De forma geral, todos os índices avaliados foram eficientes em proporcionar ganhos simultâneos para as variáveis PROD e CE. Em relação às variáveis não consideradas nos índices, nenhuma previsão de mudanças relevantes foi obtida.

Como o interesse deste trabalho é melhorar, principalmente, a qualidade da população, dentre os critérios avaliados, o índice clássico com pesos 1 e 400, o índice de Mulamba e Mock com pesos 1 e 3 e com pesos 1 e 4 para produção e CE, respectivamente, se destacam. Como o ganho predito em CE, pelo índice de Mulamba e Mock com pesos 1 e 3, corresponde a 99% daquele predito com seleção direta, e nenhuma estimativa de perda em produção foi obtida, este foi o critério escolhido para a seleção de famílias  $S_2$ .

## Agradecimentos

À Capes, pelos recursos financeiros do Programa Prof, à Fapemig pelos recursos do projeto CAG-824/00, e ao CNPq, pela bolsa.

## Referências

- CARANGAL, V. R. *et al.* Comparison of  $S_1$  with testcross evaluation for recurrent selection in maize. *Crop Sci.*, Madison, v.11, n.5, p.658-661, 1971.
- CRUZ, C. D. *Programa Genes*: aplicativo computacional em genética e estatística. Viçosa: UFV, 1997.
- DUCLOS, L. A.; CRANE, P. L. Comparative performance of topcross and  $S_1$  progeny for improving populations of corn (*Zea mays* L.). *Crop Sci.*, Madison, v.8, n.2, p.191-194, 1968.
- ELSTON, R. C. A weight-free index for the purpose of ranking or selection with respect to several traits at a time. *Biometrics*, Washington, DC., v.19, n.1, p.85-97, 1963.
- GENTER, C. F. Comparison of  $S_1$  and testcross evaluation after two cycles of recurrent selection in maize. *Crop Sci.*, Madison, v.13, n.5, p.524-527, 1973.
- GENTER, C. F.; ALEXANDER, M. W. Development and selection of productive  $S_1$  inbred lines of corn (*Zea mays* L.). *Crop Sci.*, Madison, v.6, n.5, p.429-431, 1966.
- HALLAUER, A. R. Relation of quantitative genetics to applied maize breeding. *Rev. Bras. Gen.*, Ribeirão Preto, v.3, n.3, p.207-233, 1980.
- HAZEL, L. N. The genetic basis for constructing selection indexes. *Genetics*, Austin, v.28, n.6, p.476-490, 1943.
- MATTA, F. P. *Seleção entre e dentro de famílias de meios-irmãos*. 2000. Tese (Mestrado) - Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, 2000.
- MULAMBA, N. N.; MOCK, J. J. Improvement of yield potential of the Eto Blanco maize (*Zea mays* L.) population by breeding for plant traits. *Egypt J. Gen. Cytol.*, Alexandria, v.7, n.1, p.40-57, 1978.
- PATERNIANI, E.; MIRANDA FILHO, J. B. Melhoramento de populações. In: PATERNIANI, E. (Ed.). *Melhoramento e produção de milho no Brasil*. Piracicaba: ESALQ, 1978. cap.6, p.202-246.
- PESEK, J.; BAKER, R. J. Desired improvement in relation to selected indices. *Can. J. Plant. Sci.*, Ottawa, v.49, n.6, p.803-804, 1969.
- SAWAZAKI, E. *Parâmetros genéticos em milho pipoca (Zea mays L.)*. 1996. Tese (Doutorado) - Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 1996.
- SMITH, H. F. A discriminant function for plant selection. *Ann. Eugen.*, London, v.7, p.240-250, 1936.
- VENCOVSKY, R.; CRUZ, C. D. Comparação de métodos de correção do rendimento de parcelas com estandes variados. I. Dados simulados. *Pesq. Agropecu. Bras.*, Brasília, v.26, n.5, p.647-657, 1991.
- WEYHRICH, R.A. *et al.* Responses to seven methods of recurrent selection in the BS11 maize population. *Crop Sci.*, Madison, v.38, n.2, p.308 - 321, 1998.
- WILLIAMS, J. S. The evaluation of a selection index. *Biometrics*, Washington, DC., v.18, n.3, p.375-393, 1962.
- WRIGHT, A. J. The expected efficiencies of half-sib, testcross and  $S_1$  progeny testing methods in single population improvement. *Heredity*, Harlow, v.45, n.3, p.361-373, 1980.
- ZIEGLER, K. E.; ASHMAN, B. Popcorn. In: HALLAUER, A. R. *Specialty Corns*, Iowa: CRC Press, 1994. cap.7, p.189-223.

Received on December 21, 2001.

Accepted on April 10, 2002.