

UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA – UNESP
CÂMPUS DE JABOTICABAL

CAPACIDADE COMBINATÓRIA E CORRELAÇÃO EM
POPULAÇÕES DE MILHO-PIPOCA

Gustavo Hugo Ferreira de Oliveira

Engenheiro Agrônomo

2016

**UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA – UNESP
CÂMPUS DE JABOTICABAL**

**CAPACIDADE COMBINATÓRIA E CORRELAÇÃO EM
POPULAÇÕES DE MILHO-PIPOCA**

Gustavo Hugo Ferreira de Oliveira

Orientador: Prof. Dr. Gustavo Vitti Môro

Tese apresentada à Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias – UNESP, Câmpus de Jaboticabal, como parte das exigências para obtenção do título de Doutor em Agronomia (Genética e Melhoramento de Plantas).

2016

Oliveira, Gustavo Hugo Ferreira
O48c Capacidade combinatória e correlação em populações de milho-
pipoca / Gustavo Hugo Ferreira de Oliveira. – – Jaboticabal, 2017
xi, 50 p. : il. ; 29 cm

Tese (doutorado) - Universidade Estadual Paulista, Faculdade de
Ciências Agrárias e Veterinárias, 2017
Orientador: Gustavo Vitti Môro
Banca examinadora: Maria Elisa Ayres Zagatto Paterniani, Ivana
Marino Bárbaro Torneli, Rinaldo Cesar de Paula, Dilermando Perecin
Bibliografia

1. Milho especial. 2. Capacidade de combinação. 3. Dialelo. 4.
Correlação. 5. Redes bayesiana. I. Título. II. Jaboticabal-Faculdade de
Ciências Agrárias e Veterinárias.

CDU 631.52:633.15

Ficha catalográfica elaborada pela Seção Técnica de Aquisição e Tratamento da Informação –
Serviço Técnico de Biblioteca e Documentação - UNESP, Câmpus de Jaboticabal.

CERTIFICADO DE APROVAÇÃO

TÍTULO: CAPACIDADE COMBINATÓRIA E CORRELAÇÃO EM POPULAÇÕES DE
MILHO-PIPOCA

AUTOR: GUSTAVO HUGO FERREIRA DE OLIVEIRA

ORIENTADOR: GUSTAVO VITTI MÔRO

Aprovado como parte das exigências para obtenção do Título de Doutor em AGRONOMIA
(GENÉTICA E MELHORAMENTO DE PLANTAS), pela Comissão Examinadora:



Prof. Dr. GUSTAVO VITTI MÔRO

Departamento de Produção Vegetal / FCAV / UNESP - Jaboticabal



Prof. Dr. MARIA ELISA AYRES GUIDETTI ZAGATTO PATERNIANI

Secretaria de Agricultura, Centro de Grãos e Fibras - IAC / Instituto Agrônomo de Campinas, SP



Pesquisadora Dra. IVANA MARINO BÁRBARO TORNELI

APTA / Colina, SP



Prof. Dr. RINALDO CESAR DE PAULA

Departamento de Produção Vegetal / FCAV / UNESP - Jaboticabal



Prof. Dr. DILERMANDO PERECIN

Departamento de Ciências Exatas / FCAV / UNESP - Jaboticabal

Jaboticabal, 15 de dezembro de 2016.

DADOS CURRICULARES DO AUTOR

GUSTAVO HUGO FERREIRA DE OLIVEIRA – Nasceu em 07 de setembro de 1986, no município de Teresina – Piauí. Em dezembro de 2005, concluiu o curso técnico em Agropecuária com concentração em Agroindústria, no Instituto Federal do Maranhão – IFMA, Codó - MA. Ingressou no curso de Agronomia (Bacharelado) em 2007 na Universidade Federal do Maranhão – UFMA, Campus IV, Chapadinha – MA. Durante o curso foi membro titular da Ecojagro (Empresa Junior de Agronomia) formada por estudantes de graduação da instituição, concluiu o curso em julho de 2011, obtendo o título de Bacharel em Agronomia. Em julho de 2011 ingressou no curso de Pós-graduação em Agronomia (Melhoramento Genético de Plantas) da Universidade Federal Rural de Pernambuco – UFRPE, Recife – PE. Em julho de 2013 obteve o título de Mestre em Agronomia (Melhoramento Genético de Plantas), durante o curso realizou estágio curricular por um período de seis meses no departamento de Fitotecnia da Universidade Federal de Lavras, Lavras – MG, realizando parte do projeto de dissertação. Em agosto de 2013 ingressou no programa de Pós-graduação em Agronomia (Genética e Melhoramento de Plantas), pela Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho”, Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias de Jaboticabal - SP. Participou da criação do Negemm (Núcleo de Estudos em Genética e Melhoramento do Milho) formados por estudantes de pós-graduação da instituição. No ano de 2015, realizou intercâmbio no departamento de Soil and Crop Science da Texas A&M University, por um período de um ano, onde desenvolveu parte da pesquisa do trabalho de tese.

A Deus

Ofereço

Aos meus pais, Antonina Oliveira e Francisco Oliveira,
aos meus irmãos, Teodoro Neto e Alanna Jéssica,

Dedico

AGRADECIMENTOS

A Deus em primeiro lugar, por ter concedido saúde para seguir em frente, mesmo em meio a tantas dificuldades.

À minha família por toda paciência e incentivo. Aos meus amados pais por sempre deixar claro que “nós somos o que conquistamos” e dizer sempre “vai em frente meu filho”. À minha irmã e ao meu irmão por inegavelmente, sempre disponibilizarem tempo para uma palavra de ânimo. Aos meus tios Rosilene (em memória), Ducilene, Francisco (Jardel) e Francisco (Chaveiro) pelo acolhimento familiar sempre que precisei. Aos meus primos Hellen, Suellen, Caio e Roney por todo o apoio e torcida para eu alcançar e concluir meu objetivo. À minha namorada Tâmara Rebecca pela confiança, amor sincero, amizade e paciência.

Ao meu orientador Prof. Dr. Gustavo Vitti Moro pela amizade, paciência e pelos ensinamentos transmitidos, que significativamente contribuíram para minha formação profissional e principalmente acadêmica durante todo o período de doutoramento.

Aos meus professores do Programa de Pós-Graduação em Agronomia (Genética e Melhoramento de Plantas) da UNESP/FCAV, por todos os conhecimentos transmitidos dentro e fora das salas de aula. À minha equipe de trabalho e amigos do Núcleo de Estudos em Genética e Melhoramento de Milho-Negemm da UNESP/FCAV, Lucas Revolti, Camila Amaral, Kauê, Rodolfo, Flávia, Sophia, Marcela, Élcio, Carlos (Carlão) e Carlos (Carlinhos) pela ajuda, apoio e amizade verdadeira durante todos esses anos.

Aos amigos do “Hostel Science”, Alisson Esdras, Alysson Jalles, Silvan Brito, Guilherme, Hudson, Lucas (o paulista), Carlos Eduardo, Ivanildo, Vitor Hugo, Marília e Miquéias.

À coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior-CAPES, pela concessão da bolsa de doutorado. A todos aqueles que direta ou indiretamente participaram do meu crescimento como profissional.

Muito obrigado!

“A mente que se abre a uma nova ideia jamais voltará a seu tamanho original.”

Albert Einstein

SUMÁRIO

	Página
RESUMO.....	x
ABSTRACT.....	xi
CAPÍTULO 1 – CONSIDERAÇÕES GERAIS.....	1
1 INTRODUÇÃO.....	1
2 REVISÃO DE LITERATURA.....	4
2.1 O Milho-Pipoca no Brasil.....	4
2.2 Análise dialética em milho-pipoca.....	6
2.3 Correlação entre características do grão em milho-pipoca.....	8
3 REFERÊNCIAS.....	10
CAPÍTULO 2 – VARIABILIDADE GENÉTICA EM POPULAÇÕES DE MILHO-PIPOCA	
RESUMO.....	17
ABSTRACT.....	18
1 INTRODUÇÃO.....	18
2 MATERIAL E MÉTODOS.....	20
3 RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	22
4 CONCLUSÕES.....	31
5 REFERÊNCIAS.....	31
CAPÍTULO 3 – EFEITOS DIRETOS E INDIRETOS ENTRE CAPACIDADE DE EXPANSÃO E COMPONENTES DO GRÃO EM MILHO-PIPOCA	
RESUMO.....	35
ABSTRACT.....	36
1 INTRODUÇÃO.....	36
2 MATERIAL E MÉTODOS.....	38
3 RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	41
4 CONCLUSÕES.....	47
5 REFERÊNCIAS.....	48

CAPACIDADE COMBINATÓRIA E CORRELAÇÃO EM POPULAÇÕES DE MILHO-PIPOCA

RESUMO - O milho-pipoca nacional apresenta baixa variabilidade genética e o desenvolvimento de linhagens avançadas e novas cultivares com alta produtividade de grãos (PG) e capacidade de expansão (CE) é dependente da determinação precisa de grupos heteróticos e do conhecimento das associações entre as principais características de importância para a cultura. O objetivo deste trabalho foi realizar análise dialélica e estimar a correlação entre as principais características em populações oriundas de linhagens S_3 de milho-pipoca. Para avaliação da capacidade combinatória foram obtidos 36 híbridos e seus recíprocos, os quais foram avaliados em delineamento de blocos casualizados com 72 tratamentos e duas repetições em dois anos, sendo avaliada a PG e CE. Para avaliação da correlação entre as características foi utilizado 41 genótipos dentre os híbridos e recíprocos obtidos que foram avaliados em blocos casualizados para três amostras de 50 grãos de cada parcela de cada repetição: comprimento do grão (CG), espessura do grão (EG), largura do grão (LG), diâmetro do grão (DG) massa de 50 grãos (MG) e CE. Foram estimados a capacidade geral e específica de combinação, o efeito recíproco e materno, o coeficiente de correlação de Pearson, foi realizada análise de trilha, modelos de regressão simples e redes bayesianas. Os efeitos não aditivos dos genes foram os mais importantes no controle genético tanto da PG como da CE, indicando situação favorável para a exploração de híbridos nos programas de melhoramento. O efeito recíproco observado foi devido, principalmente, aos efeitos não maternos. A exploração de populações a partir de linhagens S_3 pode ser uma alternativa para aumento da variabilidade genética para PG e da CE em programas de melhoramento de milho-pipoca. Foi detectada correlação negativa entre CE e os características avaliados, exceto para DG, corroborando com os modelos de regressão. A análise de trilha indicou que MG possui efeito direto e positivo sobre a CE e que a correlação negativa observada é devida, principalmente, aos efeitos indiretos por meio da LG e EG. As redes bayesianas não detectaram associação direta entre as dimensões do grão e indicaram que a EG é a única medida que pode influenciar o tamanho do floco da pipoca.

Palavras-chave: Milho especial, Capacidade de combinação, Dialelo, Correlação, Redes bayesiana.

COMBINING ABILITY AND CORRELATION IN POPCORN POPULATION

ABSTRACT - The Brazilian popcorn has low genetic variability and the development of advanced lines and new cultivars with high grain yield (GY) and expansion volume (EV) is dependent on the accurate determination of heterotic groups and knowledge of associations between the main traits. The aim of this study was apply diallel analysis and correlation coefficient among the main traits from S₃ lines populations of popcorn. The 36 hybrids and its reciprocals were evaluated in a randomized complete block design (RCBD) with 72 treatments and two replications in two years and GY and EV were evaluated. At the same time, from 41 hybrids of popcorn were evaluated in a RCBD design for three samples of 50 kernel from each plot: grain length (GL), grain thickness (GT), grain width (GW) of grain diameter (GD) mass of 50 grains (MG) and EV. It was estimated the general e specific combining ability, as well as the reciprocal and maternal effect, Pearson correlation coefficient, path analysis, simple regression models and Bayesian networks. The non-additive effects of genes were the most important in the genetic control of GY and EV indicating favorable situation to produce hybrids. The reciprocal effect is mainly due to non-maternal effects. The use of synthetic populations from S₃ lines can be an alternative to increase the genetic variability for GY and EV in popcorn breeding programs. It was detected negative correlation between EV and the traits, except for GD, corroborating the regression models. Path analysis indicated that MG has direct and positive effect on the EV and the negative correlation observed is mainly due to the indirect effects by GW and GT. Bayesian networks detected no direct association between the kernel size and indicated that GT is the only measure that can influence the flake size of popcorn.

Keywords: Special corn, Combining ability, Diallel, Correlation, Bayesian network.

CAPÍTULO 1 – Considerações gerais

1. INTRODUÇÃO

O milho-pipoca (*Zea mays* L.) apresenta alta demanda do produto no mercado e alto valor agregado na semente. No entanto, ainda se observa alta dependência de sementes estrangeiras, principalmente americana e argentina, para suprir a demanda do produto pelas empresas empacotadoras (CARVALHO et al., 2015).

Houve um incremento significativo na produção do milho-pipoca na safra de 2010/2011 a 2014/2015 passando de 44.475 a 255.000 toneladas, respectivamente (AGRODEBATE – G1, 2015). As principais áreas que garantem altas estimativas de produção concentram-se, principalmente, na região do estado do Mato Grosso, onde as empresas empacotadoras disponibilizam sementes importadas para agricultores especializados que possuem garantia de venda do produto. Os agricultores que não possuem contrato com empresas empacotadoras, limitam-se ao cultivo de cultivares que, na sua maioria, são menos produtivas quando comparadas às estrangeiras (CABRAL et al., 2015). Além disso, as poucas disponíveis são adaptadas para o cultivo em regiões específicas.

Existiam no mercado, em 2001, sete cultivares de milho-pipoca registrada no SNPC (Serviço Nacional de Proteção aos Cultivares) do MAPA (Ministério de Agricultura, Pecuária e Abastecimento), sendo que seis eram de acesso restrito aos produtores parceiros de empresas detentoras de sementes e a única disponível para os produtores era a cultivar Zélia, que é um híbrido triplo e que possui suscetibilidade as principais causas de perda de produtividade, mesmo possuindo características de grão aceitáveis (SAWAZAKI, 2001). Segundo Scapim et al. (2010) foram disponibilizadas na safra agrícola de 2008/2009 para comercialização 302 cultivares de milho, dos quais doze eram de milhos especiais e apenas sete de milho-pipoca: Zélia (híbrido triplo), Jade (híbrido triplo), IAC 112 (híbrido simples modificado), IAC 125 (híbrido triplo), BRS Angela (variedade), RS-20 (variedade) e UFVM2-Barão-Viçosa (variedade).

Até agosto de 2016 existiam 75 registros de milho-pipoca no RNC (Registro Nacional de Cultivares), dentre estas, apenas oito cultivares estão disponíveis para os

agricultores menos tecnificados, sendo duas disponibilizadas pela UENF (Universidade Estadual Norte Fluminense) e seis pelo IAC (Instituto Agrônomo de Campinas) e a grande maioria dos registros pertencem às empresas empacotadoras, que estabelecem acesso restrito de uso aos produtores parceiros. Dessa forma, verifica-se que a falta de cultivares comerciais disponíveis para os agricultores que não possuem contrato de compra e venda no mercado futuro junto às empresas empacotadoras, é uma das principais problemáticas, no que se refere a comercialização e cultivo do milho-pipoca no Brasil.

A dificuldade no desenvolvimento de cultivares produtivas para competir com as cultivares estrangeiras deve-se, dentre outras, à baixa variabilidade genética existente no germoplasma brasileiro (MUNDIM et al., 2015). Com esse cenário, é de suma importância o melhoramento genético objetivando a obtenção de novas cultivares de milho-pipoca que reúnam características agronômicas desejáveis e adaptadas as diferentes regiões produtoras no Brasil.

Entre os recursos existentes para estudo da variabilidade genética destacam-se as análises dialélicas, que são aplicadas para obtenção das capacidades combinatórias, geral (CGC) e específica (CEC), efeito recíproco (REC) e estudo de herança de características (PINTO et al., 2015). Assim, visando ao aumento da frequência alélica de características de interesse, os cruzamentos dialélicos têm sido utilizados para aumentar a possibilidade de seleção de genótipos para características de interesse, principalmente por meio das combinações híbridas (CABRAL et al., 2015). A seleção de populações com alta frequência de alelos favoráveis para as principais características é uma das estratégias que visam aumentar as possibilidades de seleção de genótipos com boa aptidão para produtividade de grãos e capacidade de expansão, que são as principais características de importância para a cultura do milho-pipoca (SCAPIM et al., 2002).

Por outro lado, a pronunciada correlação genética negativa existente entre a capacidade de expansão do grão com a produtividade de grãos é o principal fator limitante para obtenção de genótipos com alta aptidão para produtividade de grãos e capacidade de expansão concomitantemente (CABRAL et al., 2016).

Diante do exposto, objetivou-se com esta pesquisa estimar a capacidade combinatória e a correlação entre as principais características de importância em populações de milho-pipoca.

2. REVISÃO DE LITERATURA

2.1 O Milho-Pipoca no Brasil

Dentre as espécies de milho (*Zea mays* L.) cultivadas, o milho-pipoca é consumido e apreciado pelo mercado brasileiro e devido ao aumento do consumo nos últimos anos e sua importância econômica nos dias de hoje, seu cultivo tem sido economicamente importante para os grandes produtores (MOTERLE et al., 2012). Porém, a dependência do mercado estrangeiro e a falta de cultivares adaptadas às diferentes condições edafoclimáticas do Brasil são as principais marcas atribuídas à comercialização do milho-pipoca no país.

Dentre os principais requisitos, à boa aceitação do milho-pipoca, a textura e maior maciez, que são correlacionadas positivamente com a capacidade de expansão, são pontos cruciais para o lançamento de bons produtos no mercado. No que se refere a melhor qualidade da pipoca, os norte-americanos superam o Brasil, criando dessa forma, uma dependência na importação para o mercado interno, sem mencionar que as empresas empacotadoras deixam de trabalhar com o milho-pipoca produzido no Brasil, devido à pouca oferta decorrente da falta de sementes nacionais (CABRAL et al., 2016). Assim, as necessidades e exigências por melhores qualidades na pipoca são evidentes.

Por outro lado, o melhoramento para as principais características do milho-pipoca tem sido realizado nas últimas décadas a fim de reduzir as importações dos grãos, como também no desenvolvimento de novas cultivares que sejam adaptadas às diferentes regiões do Brasil (SILVA et al., 2010a; SILVA et al., 2013).

A contribuição do melhoramento genético no Brasil tem sido expressiva quando se refere ao desenvolvimento de variedades e híbridos de milho-pipoca. Contudo, mesmo com forte indício de crescimento interno, não tem sido significativo os avanços no que se refere aos objetivos dos programas de melhoramento genético. Assim, é de suma importância que os programas das empresas públicas e privadas liberem cultivares com alto potencial produtivo nas diferentes regiões do Brasil, fazendo com que se reduza a dependência por sementes dos mercados estrangeiros,

principalmente variedades híbridas norte-americanas (CARVALHO et al., 2013; SILVA et al., 2013).

Considera-se também que a capacidade de expansão esteja relacionado ou afetado por várias propriedades físicas e químicas dos grãos. Entre as físicas, injúrias mecânicas sofridas pelo pericarpo e endosperma durante o manuseio inadequado na colheita, secagem, beneficiamento e armazenagem. Quanto as propriedades químicas o arranjo das pirâmides de amido, espessura do pericarpo, porcentagem de umidade e composição química da amilose no endosperma.

Silva et al. (2010) avaliando características de importância econômica e comercial para milho-pipoca, verificaram que a herança para o caráter capacidade de expansão tem uma alta herdabilidade no sentido restrito e que métodos interpopulacionais com linhagens endogâmicas podem promover ganhos, assim como também para produtividade. Além disso, estudos têm sido realizados com objetivo de se obter linhagens que respondam de maneira positiva para as principais características de interesse agrônomo e econômico em diferentes ambientes (CABRAL et al., 2015; RESH et al., 2015; SILVA et al., 2015). Dessa forma, os trabalhos para obtenção de linhagens produtivas com boa capacidade de combinação tem sido o enfoque dos principais programas de melhoramento (SILVA et al., 2013). Além disso, para Scapim et al. (2010a) além de outros aspectos, os estudos de interação genótipos x ambientes devem ser feitos, porque a capacidade de resposta de uma cultivar muda de acordo com o local cultivado. Estatisticamente, essa resposta não é aditiva e muda de cultivar para cultivar de acordo com o ambiente. Dessa forma, trabalhos de estabilidade e adaptabilidade em diferentes ambientes também têm sido feitos visando selecionar genótipos específicos para cada ambiente (CARGNELUTTI FILHO et al., 2007; MENDES DE PAULA et al., 2010; NUNES et al., 2010; SCAPIM et al., 2010a).

Porém, sabe-se que os bancos de germoplasma no Brasil, possuem base genética estreita e essa característica é um ponto negativo para o desenvolvimento de linhagens que possam gerar híbridos produtivos, pelo fato de que para isso, são exigidos certo grau de divergência entre as linhagens (CARVALHO et al., 2013). Assim, o melhoramento populacional para obtenção de compostos ou populações sintéticas (SCAPIM et al., 2010a), estudos de divergência genética para

características agronômicas e marcadores moleculares (PAJIC et al., 2010), estimação da capacidade geral e específica de combinação de linhagens extraídas de populações (MOTERLE et al., 2012), avaliação e introdução de resistência a doenças em cultivares comerciais (VIEIRA et al., 2009), são exemplos de ferramentas que têm sido usadas para fins de sucesso no melhoramento do milho-pipoca no Brasil.

Dessa forma, para obtenção de linhagens endogâmicas de milho pipoca com boa capacidade de combinação para as principais características comerciais e agronômicas, os esquemas em dialelo são utilizados e permitem estimar além de outros fatores, os efeitos genéticos envolvidos nas respostas das características e a melhor combinação híbrida. Dentre outros aspectos, a metodologia proposta por Griffing (1956) nos permite estimar e identificar os efeitos aditivo e não aditivo no controle das características estudadas, assim como os genótipos com maior frequência de alelos favoráveis.

Silva et al. (2010b) encontraram a partir de cruzamentos dialélicos, combinações híbridas que superaram as cultivares-elite avaliadas em seu trabalho. Corroborando com esses resultados, Moterle et al. (2012) selecionaram linhagens promissoras para as principais características em análise com dialelo, estimaram a capacidade geral e específica de combinação entre linhagens e atribuíram a qualidade das sementes de milho pipoca aos efeitos de dominância. Scapim et al. (2002) trabalharam com cruzamentos dialélicos em população de polinização aberta e selecionaram populações com alta frequência de alelos favoráveis para produtividade e capacidade de expansão, porém existe dificuldade em selecionar híbridos que possuam boas médias para as duas características concomitantemente, assim, segundo o mesmo autor, uma estratégia para se obter população de milho-pipoca com alta produtividade e boa capacidade de expansão é a síntese de compostos para programas de melhoramento intra-populacional. Porém, a escolha das populações precisa ser baseada na CGC, que depende dos efeitos aditivos.

2.2 Análise dialélica em milho-pipoca

Os métodos que compreendem as análises em dialelo, são aplicados para obtenção de informações relacionadas com a capacidade combinatória dos genótipos

utilizados no bloco de cruzamento. A principal importância é atribuída ao emprego das informações, visando à recombinação da variabilidade disponível para obtenção de novos genótipos com características superiores (MURTADHA; ARIYO; ALGHAMDI, 2016).

As análises de cruzamentos em dialelo têm sido utilizadas extensivamente em programas de melhoramento, visando estimativas de efeitos gênicos envolvidos nas características quantitativas dos genitores para determinação de grupos heteróticos, predição de híbridos e seleção de linhagens (GOWDA; RAJANNA; RAMESH, 2013; LAUDE; CARENA, 2014). Esse tipo de análise permite avaliar número amostral significativo da população, permitindo maior acurácia e sucesso na seleção (LAUDE; CARENA, 2014).

Nesse mesmo sentido, a análise da capacidade de combinação é empregada para identificar as melhores combinações híbridas e explorar a heterose para selecionar os melhores cruzamentos para uso direto ou futuro nos programas de melhoramento. Bello e Olawui (2015) mostraram que os efeitos da capacidade específica de combinação foram mais eficientes quando comparados com os efeitos de heterose para descrição da performance híbrida, corroborando com Chaudhary et al (2000), Abdel-Moneam et al. (2009), Laude e Carena (2014) e Gowda et al. (2013) que encontraram efeitos não aditivos para a maioria das características avaliados em milho. No entanto, com uma ampla literatura a respeito do controle gênico para os diferentes características em milho, ainda encontram-se contradições a respeito, mesmo sabendo que as populações possuem estrutura peculiar para cada programa de melhoramento. Nigussie e Zelleke (2001), El-shouny et al (2003) e Ojo et al. (2007) mostraram que os efeitos aditivos foram os mais importantes para a maioria das características no milho.

Em milho-pipoca, Gonçalves et al. (2014) avaliaram 10 linhagens de diferentes origens e obtiveram significativo efeito de CGC e CEC para PG e CE. Por outro lado, Moterle et al. (2012) avaliaram nove linhagens de pipoca, oito de clima temperado e uma de clima tropical, para PG e CE e encontraram efeito significativo de CGC e CEC apenas para PG. Scapim et al. (2002) recomendaram o uso de populações com alta estimativa de CGC para formação de novas variedades com alta PG e CE. Porém, segundo Wu e Matheson (2001), apenas as estimativas de CGC e CEC não permitem

obter informações quando os genitores são usados ora como macho, ora como fêmea e considera o efeito materno e efeito não materno como fatores atribuídos aos ganhos quando o genitor utilizado como fêmea e a interação entre os fatores do núcleo e do citoplasma ou segregação, respectivamente. Cabral et al. (2015) relataram efeito recíproco em milho-pipoca para PG e recomendaram o revezamento dos genitores em cruzamentos. Andrade et al. (2008) relataram efeito recíproco para CE, no entanto, nenhuma importância foi atribuída em seus resultados.

Dessa forma, é de suma importância a aplicação das análises dialélicas para suporte no que se refere ao estudo genético das diferentes características no melhoramento da qualidade do milho-pipoca.

2.3 Correlação entre características do grão em milho-pipoca

O objetivo principal do melhoramento genético moderno do milho-pipoca é melhorar o rendimento de grãos e a qualidade da pipoca de maneira conjunta. Com isso, em programas de melhoramento deseja-se que a capacidade de expansão seja predito usando diferentes variáveis e tipos de genótipos. As variáveis podem contribuir ou influenciar o volume de expansão da pipoca de maneira direta ou indireta.

O sucesso com a seleção de genótipos superiores de milho-pipoca pode ser potencializado com o conhecimento das associações existentes entre as principais características de interesse agrônomo da cultura. Em milho-pipoca, as principais características são capacidade de expansão e produtividade de grãos, porém a correlação negativa existente entre estas, dificulta a obtenção de cultivares com ambas características favoráveis (AMARAL JUNIOR et al., 2010; SCAPIM et al., 2010).

Cabral et al. (2016), Vieira et al. (2009) e ALBERTO et al. (2006) relataram correlação negativa entre a capacidade de expansão e rendimento de grãos e a dificuldade em se obter cultivares de milho-pipoca que associem elevada capacidade de expansão e produtividade de grãos. Por outro lado, há relatos da quebra da correlação entre essas duas características (CARPENTIERI-PÍPOLO; SILVA; SEIFERT, 2003; DAROS et al., 2004).

Carpentieri-Pípolo; Silva e Seifert (2003) relataram valor negativo de correlação entre, capacidade de expansão com a massa total de espigas e massa de grãos por planta. Segundo esses mesmos autores, a seleção continuada para aumento da capacidade de expansão, produz modificações em características correlacionados com produção de grãos. Da mesma forma, Daros et al. (2004), Freitas Júnior (2008) e Rangel et al. (2011) apresentaram correlação não significativa para rendimento de grãos com a capacidade de expansão e afirmaram que é possível, em um programa de melhoramento de milho-pipoca, a seleção de cultivares com efeito positivo em ambos as características. Importante mencionar que esses autores trabalharam com a mesma população porém, em diferentes ciclos de seleção recorrente.

Além disso, sabe-se que o volume de expansão da pipoca é dependente de vários fatores intrínsecos ao grãos (ANNE ALLRED-COYLE et al. 2000; KARABABA, 2006). Sabe-se também que, o formato do grão pode afetar significativamente o volume de pipoca estourado (LYERLY, 1942). Assim, o conhecimento das relações, não somente entre rendimento e volume de expansão, mas também entre o formato do grão com a capacidade de expansão podem auxiliar no processo de seleção de genótipos. Rangel et al. (2011) relataram a possibilidade de se realizar a seleção truncada de grãos menores para obtenção de populações com alta capacidade de expansão e rendimento de grãos. Cabral et al. (2016) mostraram que grãos mais arredondados e menores apresentam maior capacidade de expansão.

Os coeficientes de correlação mostram as relações entre variáveis independentes e o grau de relação linear entre essas características. Isso não é o suficiente para descrever as relações de causa e efeito. As análises de trilha são utilizadas quando se necessita obter informações de causas ou para se determinar o quantitativo do efeito direto e indireto dos componentes causais sobre o componente afetado (GÜLER; ADAK; ULUKAN, 2001). Soylu e Tekkanat (2007) mostraram, por meio da análise de trilha, que o tamanho do floco e o tamanho do grão têm efeito positivo direto sobre a capacidade de expansão. Cabral et al. (2016) relataram uma relação de causa e efeito entre comprimento e largura do grão com a capacidade de expansão. Rangel et al. (2011) concluíram que a variável massa de 100 grãos obteve a maior associação com a capacidade de expansão. Esses resultados mostram que é necessário a estimação dos coeficientes de correlação e a utilização da análise de

trilha ou outras metodologias, para obtenção de informações a respeito das associações de características em milho-pipoca, pois as correlações são dinâmicas e dependem da estrutura populacional trabalhada.

As redes bayesianas (RB) são metodologias que podem gerar informações precisas para o estudo da correlação entre as características e podem ser utilizadas de maneira conjunta com as análises de trilha. A representação gráfica da RB pode facilitar a compreensão da relação existente entre um conjunto de características, principalmente devido a propriedade da relação de dependência condicional, representada pela distribuição conjunta dos dados (MARQUES e DUTRA, 2002). Além disso, é uma maneira intuitiva de entender as relações diretas e indiretas entre variáveis (FELIPE et al., 2015). Além disso, é uma maneira intuitiva de entender as relações diretas e indiretas entre variáveis. O *Directed Acyclic Graph* (DAG) é a denominação dada a representação gráfica produzida por essa modelagem estatística, na qual são apresentados um conjunto de círculos que representam as variáveis, conectadas entre si diretamente por meio de setas (MARGARITIS, 2003).

Um dos principais benefícios da RB é que a modelagem envolve a procura de uma estrutura que seja compatível com a distribuição conjunta dos dados, e a dependência condicional trazida pela estrutura de uma RB permite gerar a mais parcimoniosa representação da distribuição conjunta de um conjunto de dados. Isso faz com que esse modelo se torne interessante para propósito de predição e seleção de variáveis no contexto do melhoramento genético.

3. REFERÊNCIAS

ABDEL-MONEAM, M.; ATTIA, A.; EL-EMERY, M.; FAYED, E. Combining ability and heterosis for some agronomic traits in crosses of maize. **Pakistan journal of biological sciences: PJBS**, v. 12, n. 5, p. 433-438, 2009.

AGRODEBATE – G1. Área de milho pipoca deve ser 20 mil hectares menor em MT nesta safra. Disponível em: <http://g1.globo.com/mato-grosso/agrodebate/noticia/2015/06/area-de-milho-pipoca-deve-ser-20-mil-hectares-menor-em-mt-nesta-safra.html>. Acesso em: abril, 2015.

ALBERTO, S. C.; DE LUCCA, B. A.; BARTH, P. R. J.; DE ARAÚJO, R. M.; MARA, M. L. Componentes genéticos de médias e depressão por endogamia em populações de milho-pipoca. **Ciência Rural**, v. 36, n. 1, p. 36-41, 2006.

AMARAL JUNIOR, A. T.; JÚNIOR, S. F.; RANGEL, R.; PENA, G.; RIBEIRO, R.; MORAIS, R.; SCHUELTER, A. AT do et al. Improvement of a popcorn population using selection indexes from a fourth cycle of recurrent selection program carried out in two different environments. **Genetics and Molecular Research**, v. 9, n. 1, p. 340-370, 2010.

ANDRADE, R. A.; CRUZ, C. D.; SCAPIM, C. A.; SILVERIO, L.; PINTO, R. J. B.; TONET, A. Análise dialélica da capacidade combinatória de variedades de milho-pipoca. **Acta Scientiarum. Agronomy**, v. 24, p. 1197-1204, 2008.

ANNE ALLRED-COYLE, R. B. T., WENDY REIBOLDT, MANI THAKUR, TRACEY. Effects of moisture content, hybrid variety, kernel size, and microwave wattage on the expansion volume of microwave popcorn. **International journal of food sciences and nutrition**, v. 51, n. 5, p. 389-394, 2000.

BELLO, O. B.; OLAWUYI, O. J. Gene action, heterosis, correlation and regression estimates in developing hybrid cultivars in maize. **Tropical Agriculture**, v. 91, n. 1, p. 102-117, 2015.

CABRAL, P. D.; AMARAL JÚNIOR, A. T.; FREITAS, I. L. J.; RIBEIRO, R. M.; SILVA, T. R. C. Relação de causa e efeito de caracteres quantitativos sobre a capacidade de expansão do grão em milho-pipoca. **Revista Ciência Agronômica**, v. 47, n. 1, p. 108, 2016. Disponível em: <http://www.ccarevista.ufc.br/seer/index.php/ccarevista/article/view/3435> >.

CABRAL, P. D. S.; AMARAL JÚNIOR, A. T.; VIANA, A. P.; VIEIRA, H. D.; DE JESUS FREITAS, I. L.; VITTORAZZI, C.; VIVAS, M. Combining ability between tropical and temperate popcorn lines for seed quality and agronomic traits. **Australian Journal of Crop Science**, v. 9, n. 4, p. 256, 2015.

CARGNELUTTI FILHO, A.; PERECIN, D.; MALHEIROS, B.; GUADAGNIN, J. P. Comparação de métodos de adaptabilidade e estabilidade relacionados à produtividade de grãos de cultivares de milho. **Bragantia**, v. 66, n. 4, p. 571-578, 2007.

CARPENTIERI-PÍPOLO, V.; SILVA, F. A. M.; SEIFERT, A. D. Popcorn parental selection based on genetic divergence. **Crop Breed Appl Biotechnol**, v. 3, p. 261-268, 2003.

CARVALHO, C.; KIST, B. B.; SANTOS, C. E.; MULLER, I.; BELING, R. R. **Anuário brasileiro de milho**. Santa Cruz do Sul: Editora Gazeta Santa Cruz LTDA., 2015. 112 p.

CARVALHO, M. S. N.; MANGOLIN, C. A.; SCAPIM, C. A.; DA SILVA, T. A.; DA SILVA, M. D. F. P. A collection of popcorn as a reservoir of genes for the generation of lineages. **Molecular biotechnology**, v. 53, n. 3, p. 300-307, 2013.

CHOUDHARY, A.; CHAUDHARY, L.; SHARMA, K. Combining ability estimates of early generation inbred lines derived from two maize populations. **Indian Journal of Genetics & Plant Breeding**, v. 60, n. 1, p. 55-61, 2000.

DAROS, M.; AMARAL, A. T.; PEREIRA, J. M. G.; SCAPIM, F. S. S. C. A.; JÚNIOR, S. D. P. F.; DAHER, R. F.; ÁVILA, M. R. Correlações entre caracteres agronômicos em dois ciclos de seleção recorrente em milho-pipoca. **Ciência Rural**, v. 34, n. 5, p. 1389-1394, 2004.

EL-SHOUNY, K.; OLFAT, H.; EL-BAGAOURY, H.; EL-SHERBIENY, A.-A. S. Combining ability for yield and its components in yellow maize (*Zea mays* L.) under two plant densities. **Egypt J Plant Breed**, v. 7, p. 399-417, 2003.

ELTON, V.; FERNANDES, B. N. J.; GIRARDI, P. D.; NATALINO, N. C.; HAA, C. L. D. Combining ability of twelve maize populations. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, 2002.

FELIPE, V. P.; Silva, M. A.; Valente, B. D.; Rosa, G. J. Using multiple regression, Bayesian networks and artificial neural networks for prediction of total egg production in European quails based on earlier expressed phenotypes. **Poultry science**, v. 94, n. 4, p. 772-780, 2015.

FONTANELI, R. S.; DURR, J. W.; SCHEFFER-BASSO, S. M.; HAUBERT, F.; BORTOLINI, F. Validação do método da reflectância no infravermelho proximal para análise de silagem de milho. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 31, n. 2, p. 594-598, 2002.

FREITAS JÚNIOR, S. **Seleção recorrente entre famílias de irmãos completos em geração avançada da população UNB-2U de milho pipoca. 2008. 96 f.** 2008. f. - Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas)-Centro de Ciências e Tecnologias Agrárias, Universidade Estadual do Norte Fluminense, Campos dos Goytacazes, 2008.

GONÇALVES, A.; SIMÕES, L.; FREITAS JÚNIOR, S. D. P.; AMARAL JÚNIOR, A. T.; SCAPIM, C. A.; RODRIGUES, R.; MARINHO, C. D.; PAGLIOSA, E. S. Estimating combining ability in popcorn lines using multivariate analysis. **Chilean journal of agricultural research**, v. 74, n. 1, p. 10-15, 2014.

GOWDA, K.; RAJANNA, M.; RAMESH, S. Diallel analysis to estimate the gene action and combining ability of grain yield and its contributing traits in maize (*Zea mays* L.). **Mysore Journal of Agricultural Sciences**, v. 47, n. 4, p. 758-764, 2013.

GRIFFING, B. Concept of general and specific combining ability in relation to diallel crossing systems. **Australian Journal of Biological Sciences**, v. 9, n. 4, p. 463-493, 1956.

GÜLER, M.; ADAK, M. S.; ULUKAN, H. Determining relationships among yield and some yield components using path coefficient analysis in chickpea (*Cicer arietinum* L.). **European Journal of Agronomy**, v. 14, n. 2, p. 161-166, 2001.

HOSENEY, R.; ZELEZNAK, K.; ABDELRAHMAN, A. Mechanism of popcorn popping. **Journal of Cereal Science**, v. 1, n. 1, p. 43-52, 1983.

KARABABA, E. Physical properties of popcorn kernels. **Journal of Food Engineering**, v. 72, n. 1, p. 100-107, 2006.

LAUDE, T. P.; CARENA, M. J. Diallel analysis among 16 maize populations adapted to the northern US Corn Belt for grain yield and grain quality traits. **Euphytica**, v. 200, n. 1, p. 29-44, 2014.

LYERLY, P. J. Genetic and morphologic characters affecting the popping expansion of popcorn. **Journal American Society of Agronomy**, v. 34, p. 986-995, 1942.

MARQUES, R. L.; DUTRA, I. N. Ê. S. Redes Bayesianas: o que são, para que servem, algoritmos e exemplos de aplicações. **Rio de Janeiro: Coppe Sistemas**; UFRJ, 2002.

MARGARITIS, D. Learning Bayesian network model structure from data. 2002. 126 f. (PhD)- **School of Computer Science**, Carnegie Mellon University, Pittsburgh, 2003.

MENDES DE PAULA, T. O.; AMARAL JÚNIOR, A. T.; GONÇALVES, L. S. A.; SCAPIM, C. A.; PETERNELLI, L. A.; SILVA, V. Q. R. S. P i statistics underlying the evaluation of stability, adaptability and relation between the genetic structure and homeostasis in popcorn. **Acta Scientiarum Agronomy**, v. 32, n. 2, p. 269-277, 2010.

MOTERLE, L. M.; E BRACCINI, A. D. L.; SCAPIM, C. A.; PINTO, R. J. B.; GONÇALVES, L. S. A.; RODRIGUES, R.; DO AMARAL JÚNIOR, A. T. Combining ability of popcorn lines for seed quality and agronomic traits. **Euphytica**, v. 185, n. 3, p. 337-347, 2012.

MUNDIM, G. B.; VIANA, J. M. S.; MAIA, C.; PAES, G. P.; DELIMA, R. O.; VALENTE, M. S. F. Inferring tropical popcorn gene pools based on molecular and phenotypic data. **Euphytica**, v. 202, n. 1, p. 55-68, 2015.

MURTADHA, M.; ARIYO, O.; ALGHAMDI, S. Analysis of combining ability over environments in diallel crosses of maize (*Zea mays*). **Journal of the Saudi Society of Agricultural Sciences**, v. 15, n. 2, p. 1-10, 2016.

NIGUSSIE, M.; ZELLEKE, H. Heterosis and combining ability in a diallel among eight elite maize populations. **African Crop Science Journal**, v. 9, n. 3, p. 471-479, 2001.

NUNES, H. V.; MIRANDA, G. V.; GALVÃO, J. C. C.; SOUZA, L. V. D.; GUIMARÃES, L. J. M. Adaptabilidade e estabilidade de cultivares de milho-pipoca por meio de dois métodos de classificação. **Revista Brasileira de Milho e Sorgo**, v. 1, n. 3, 2010.

OJO, G.; ADEDZWA, D.; BELLO, L. Combining ability estimates and heterosis for grain yield and yield components in maize (*Zea mays* L.). **J. Sustain. Develop. Agri. Env**, v. 3, p. 49-57, 2007.

PAJIĆ, Z.; ERIĆ, U.; MLADENOVIC DRINIĆ, S.; SRDIĆ, J.; FILIPOVIĆ, M. Genetic divergence estimated by RAPD markers and its relationship with hybrid performance in popcorn. **Cereal Research Communications**, v. 38, n. 2, p. 184-192, 2010.

PINTO, R. J. B.; SCAPIM, C. A.; BARRETO, R. R.; RODOVALHO, M. D. A.; ESTEVES, N.; LOPES, A. D. Análise dialélica de linhagens de milho-pipoca. **Ceres**, v. 54, n. 315, 2015.

RANGEL, R. M.; DO AMARAL JÚNIOR, A. T.; GONÇALVES, L. S.; JÚNIOR, S. D. P. F.; CANDIDO, L. S. Análise biométrica de ganhos por seleção em população de milho pipoca de quinto ciclo de seleção recorrente. **Revista Ciência Agronômica**, v. 42, n. 2, p. 473-481, 2011.

RESH, F.; SCAPIM, C.; MANGOLIN, C.; MACHADO, M.; AMARAL JUNIOR, A. T.; RAMOS, H.; VIVAS, M. Genetic diversity of popcorn genotypes using molecular analysis. **Genetics and molecular research: GMR**, v. 14, n. 3, p. 9829-9840, 2015.

SAWAZAKI, E. A cultura do milho pipoca no Brasil. **O agrônomo**, v. 53, n. 2, p. 11-13, 2001.

SCAPIM, C. A.; AMARAL JÚNIOR, A. T.; VIEIRA, R. A.; MOTERLE, L. M.; TEIXEIRA, L. R.; VIGANÓ, J.; JÚNIOR, G. B. S. Novos compostos de milho-pipoca para o Brasil. **Semina: Ciências Agrárias**, v. 31, n. 2, p. 321-330, 2010a.

SCAPIM, C. A.; PACHECO, C. A. P.; AMARAL JÚNIOR, A. T.; VIEIRA, R. A.; PINTO, R. J. B.; CONRADO, T. V. Correlations between the stability and adaptability statistics of popcorn cultivars. **Euphytica**, v. 174, n. 2, p. 209-218, 2010b.

SCAPIM, C. A.; PACHECO, C. A. P.; TONET, A.; BRACCINI, A. L. E.; PINTO, R. J. B. Análise dialélica e heterose de populações de milho-pipoca. **Bragantia**, v. 61, n. 3, p. 219-230, 2002.

SCAPIM, C. A.; PATTO, C. A.; PACHECO, A. T.; BRACCINI, R. J. B. Análise dialélica e heterose de populações de milho-pipoca. **Bragantia**, Campinas, v. 61, n. 3, p. 219-230, 2002.

SILVA, T. A.; BELIZÁRIO CANTAGALLI, L.; SAAVEDRA, J.; LOPES, A. D.; APARECIDA MANGOLIN, C.; PIRES DA SILVA MACHADO, M. D. F.; SCAPIM, C. A. Population structure and genetic diversity of Brazilian popcorn germplasm inferred by microsatellite markers. **Electronic Journal of Biotechnology**, v. 18, n. 3, p. 181-187, 2015.

SILVA, T. R. C.; AMARAL JÚNIOR, A. T.; GONÇALVES, L. S. A.; CANDIDO, L. S.; VITTORAZZI, C.; SCAPIM, C. A. Agronomic performance of popcorn genotypes in Northern and Northwestern Rio de Janeiro State. **Acta Scientiarum. Agronomy**, v. 35, n. 1, p. 57-63, 2013.

SILVA, V.; AMARAL JÚNIOR, A.; GONÇALVES, L.; JÚNIOR, S. F.; CANDIDO, L.; VITTORAZZI, C.; MOTERLE, L.; VIEIRA, R.; SCAPIM, C. Combining ability of tropical and temperate inbred lines of popcorn. **Genetics and Molecular Research**, v. 9, n. 3, p. 1742-1750, 2010a.

SILVA, V.; AMARAL JÚNIOR, A.; SCAPIM, C.; FREITAS JÚNIOR, S.; GONÇALVES, L. Inheritance for economically important traits in popcorn from distinct heterotic groups by Hayman's diallel. **Cereal Research Communications**, v. 38, n. 2, p. 272-284, 2010.

SILVA, V. Q. R. S.; AMARAL JÚNIOR, A. T.; GONÇALVES, L. S. A.; JÚNIOR, S. P. F.; CANDIDO, L. S.; VITTORAZZI, C.; MOTERLE, L. M.; VIEIRA, R. A.; SCAPIM, C. A. Combining ability of tropical and temperate inbred lines of popcorn. **Genetics and Molecular Research**, v. 9, n. 3, p. 1742-1750, 2010b.

SOYLU, S.; TEKKANAT, A. Interactions amongst kernel properties and expansion volume in various popcorn genotypes. **Journal of food engineering**, v. 80, n. 1, p. 336-341, 2007.

SWELEY, J. C.; ROSE, D. J.; JACKSON, D. S. Quality Traits and Popping Performance Considerations for Popcorn (*Zea mays* Everta). **Food Reviews International**, v. 29, n. 2, p. 157-177, 2013.

VIEIRA, R.; SCAPIM, C.; MOTERLE, L.; TESSMANN, D.; CONRADO, T.; AMARAL JÚNIOR, A. Diallel analysis of leaf disease resistance in inbred Brazilian popcorn cultivars. **Genetics and Molecular Research**, v. 8, n. 4, p. 1427-1436, 2009a.

VIEIRA, R. A.; RODOVALHO, M. D. A.; SCAPIM, C. A.; TESSMANN, D. J.; AMARAL JÚNIOR, A. T. D.; BIGNOTTO, L. S. Agronomic performance of new popcorn hybrids in Northwestern Paraná State, Brazil. **Acta Scientiarum. Agronomy**, v. 31, n. 1, p. 29-36, 2009b.

WU, H. X.; MATHESON, A. Reciprocal, maternal and non-maternal effects in radiata pine diallel mating experiment on four Australia sites. **Forest genetics**, v. 8, n. 3, p. 205-212, 2001.

YANYANG, L.; YONGBIN, D.; SUZHEN, N.; DANGQUN, C.; YANZHAO, W.; MENGGUAN, W.; XUEHUI, L.; JIAFENG, F.; ZHONGWEI, Z.; HUANQING, C. QTL identification of kernel composition traits with popcorn using both F₂: 3 and BC₂ F₂ populations developed from the same cross. **Journal of cereal science**, v. 48, n. 3, p. 625-631, 2008.

CAPÍTULO 2 – Variabilidade genética em populações de milho-pipoca

Gustavo H.F. Oliveira^{1*}, Rodolfo Buzinaro¹, Lucas T.M. Revolti¹, Camila B. Amaral¹ and
Gustavo Vitti Môro¹

¹Universidade Estadual Paulista (Unesp), Faculdade Ciências Agrárias e Veterinárias, Jaboticabal, Departamento de Produção Vegetal, Via de acesso Prof. Paulo Donato Castellane s/n, CEP: 14884-900, Jaboticabal, São Paulo, Brasil.

*Autor para correspondência: gustavo.melhorista@gmail.com

RESUMO - O milho-pipoca nacional apresenta baixa variabilidade genética e o sucesso no desenvolvimento de linhagens avançadas e novas cultivares com alta produtividade de grãos (PG) e capacidade de expansão (CE) é dependente da seleção parental e da determinação precisa de grupos heteróticos. O objetivo deste trabalho foi avaliar, por meio de cruzamentos dialélicos, a variabilidade genética e identificar grupos heteróticos em populações de milho-pipoca. Assim, nove populações foram cruzadas usando esquema de dialelo completo. Os 36 híbridos e seus recíprocos foram avaliados em delineamento de blocos casualizados com 72 tratamentos e duas repetições, em dois anos agrícolas, sendo avaliadas a PG e a CE. Os efeitos não aditivos dos genes foram os mais importantes no controle genético das características estudadas, indicando situação favorável para a exploração de híbridos nos programas de melhoramento genético. O efeito recíproco observado foi devido, principalmente, aos efeitos não maternos para PG e CE. Os maiores valores de PG foram obtidos pelas combinações P-02xP-08, P-04xP-09, P-05xP-09 e P-01xP-09 e para CE pelas combinações P-07xP-01, P-03xP-04. Assim, exploração de populações a partir da mistura de linhagens pode ser uma alternativa para aumentar a variabilidade genética para produtividade de grãos e da capacidade de expansão em programas de melhoramento de milho-pipoca.

Palavras-chave: *Zea mays*. Capacidade geral de combinação. Capacidade específica de combinação. Dialelo.

Genetic variability in popcorn synthetic population

ABSTRACT - The Brazilian popcorn has low genetic variability and the successful development of advanced lines and new popcorn cultivars with high grain yield (GY) and expansion volume (EV) is dependent on parental selection and precise determination of heterotic groups. The main of this study was to evaluate, through diallel crosses, genetic variability and identify heterotic groups in synthetic populations of popcorn. Thus, nine synthetic populations were crossed using complete diallel scheme. The 36 hybrids and reciprocals were evaluated in a randomized block design with 72 treatments and two replications in two years, rated GY and EV. The effects of non-additive genes were the most important in the genetic control of these characteristics indicating favorable situation to produce hybrids. The reciprocal effect is mainly due to non-maternal effects for GY and EV. The higher GY values were obtained by P-02 x P-08, P-04 x P-09, P-05 x P-09, P-01xP-09 and the higher EV were obtained by P-07 x P-01, P-03 x P-04 combination. The exploitation of synthetic populations from S₃ lines can be an alternative to increase the genetic variability for grain yield and expansion volume in popcorn breeding programs.

Keywords: *Zea mays*. General combining ability. Specific combining ability. Diallel.

INTRODUÇÃO

O milho-pipoca (*Zea mays* L.) apresenta demanda do produto no mercado e seu alto valor agregado na semente. No entanto, seu plantio comercial ainda não se compara com o cultivo do milho comum. De acordo com o Anuário Brasileiro do Milho (Carvalho et al., 2015), as principais áreas produtoras do país produziram um total de aproximadamente 255 mil toneladas de grãos, tendo produtividade média de 4.425 kg.ha⁻¹. Isso se deve, sobretudo, à baixa qualidade da pipoca disponível no mercado brasileiro, devido a limitação de cultivares de alta qualidade e tecnologia de produção inadequada (Scapim et al., 2002). Dentre as principais características de interesse da cultura, destacam-se a produtividade de grãos (PG) e a capacidade de expansão (CE). Assim, o melhoramento do milho-pipoca deve beneficiar tanto os produtores, devido à alta produtividade, quanto os consumidores, uma vez que a alta capacidade de expansão, que confere melhor textura e maior maciez, está ligada à qualidade da pipoca.

Porém, baixa variabilidade genética são observadas para capacidade de expansão nas cultivares brasileiras em relação as cultivares comerciais estrangeiras. Por outro lado, para

produtividade de grãos, há variabilidade genética significativa, entre as variedades locais, a serem exploradas (Miranda et al., 2008). Nesse contexto, o sucesso no desenvolvimento de linhagens avançadas e novas cultivares de milho-pipoca com alta PG e CE é dependente da seleção parental e da determinação precisa de grupos heteróticos (Munhoz et al., 2009; Resh et al., 2015). Nos EUA, o sucesso no aumento da base genética do germoplasma se deve, principalmente, na determinação de três grupos heteróticos distintos de milho-pipoca, permitindo a introdução de novos materiais elite a partir da seleção dos melhores cruzamentos (Blanco et al., 2005; Goodman, 2005).

No Brasil, estudos de divergência genética do germoplasma de milho-pipoca de clima temperado e tropical, tem sido realizados para gerar informações importantes sobre a base genética do milho pipoca nacional e diversas metodologias tem sido utilizadas para esse fim. Miranda et al. (2003) e Gonçalves et al. (2014) avaliaram o potencial de nove cultivares de milho pipoca de clima tropical por meio de análises multivariadas. Saavedra et al. (2013) avaliaram a estrutura do germoplasma brasileiro de milho-pipoca por meio de inferência bayesiana. Carpentieri-Pípolo et al. (2003) avaliaram a divergência genética entre populações de milho-pipoca usando métodos de agrupamento. Miranda et al. (2008) avaliaram a variabilidade genética e determinaram grupos heteróticos em variedades locais e populações F₂ usando informação provenientes de análise dialélica.

A análise dialélica tem sido desenvolvida para fins da exploração das informações sobre a ação gênica que controla as características e para determinação de grupos heteróticos (Griffing, 1956a). Essas análises podem ser aplicadas para variedades de polinização aberta (Gardner & Eberhart, 1966), para genótipos em homozigose (Hayman, 1954) e podem ser utilizadas, sem restrição, pela metodologia proposta por Griffing (1956b). Elas permitem a obtenção da performance media dos genitores em cruzamentos, conhecido como a capacidade geral de combinação (CGC), e estimam o desvio dos cruzamentos individuais a partir da media, conhecido como capacidade específica de combinação (CEC). Os efeitos da CGC são proporcionais à frequência dos alelos favoráveis presentes nos genitores. Por outro lado, os efeitos da CEC mostram que os genitores diferem entre si, significativamente, na produção de híbridos de desempenho superior ou inferior.

Assim, o objetivo deste trabalho foi avaliar, por meio de cruzamentos dialélicos, a variabilidade genética e identificar grupos heteróticos em populações de milho-pipoca.

MATERIAL E MÉTODOS

Foram obtidas 185 linhagens S_3 a partir de nove cultivares comerciais de milho pipoca. As linhagens foram agrupadas de acordo com a origem (cultivar comercial) e retirando-se o mesmo número de sementes de cada linhagem do mesmo grupo, foram formadas as nove populações utilizadas neste estudo. Essas populações foram cruzadas no esquema dialelo completo, método III (F_1 e recíproco), modelo II (tratamentos aleatórios) de Griffing (1956), resultando em 72 híbridos dialélicos. Para a avaliação desses genótipos foi utilizado o delineamento experimental de blocos casualizados com 72 tratamentos e duas repetições, no município de Jaboticabal-SP (Latitude $21^\circ 15' 17''$ S, longitude $48^\circ 19' 20''$ W e altitude de 605 m). Os experimentos foram avaliados em dois anos, safra 2013/2014 (safra13/14) e safra 2014/2015 (safra14/15). As parcelas experimentais foram constituídas por uma linha de 5 m, com espaçamento de 0,8 m entre linhas e 0,2 m entre plantas dentro de cada linha. Os tratamentos culturais foram realizados de acordo com as necessidades e exigências da cultura.

Foram avaliadas a produtividade de grãos (PG) e a capacidade de expansão (CE) usando todas as espigas da parcela. Os dados de peso de grãos da parcela (g.parcela^{-1}) foram corrigidos para 13% de umidade, ajustados pelo estande médio por covariância e convertidos para quilograma por hectare (kg.ha^{-1}). As amostras de grãos foram armazenadas em câmara seca durante duas semanas, e periodicamente a umidade foi aferida por meio de amostra piloto (Hoseney et al., 1983). A análise de capacidade de expansão foi realizada quando as amostras atingiram umidade de 12%. Foram utilizadas três amostras de 30 g de cada tratamento para cada repetição, totalizando seis amostras por tratamento, as quais foram pesadas em balança de precisão. A expansão da pipoca foi avaliada com auxílio de micro-ondas (Brastemp®, 30 litros, 0,8KW/h, 800w, 127w, dimensão de 30x53, 9x42cm, 16kg) utilizando sacos de papel, sendo as três amostras submetidas ao mesmo tempo de estouro (2 min e 30 seg).

O volume de expansão foi aferido com proveta graduada de 1000 mL, com uma inversão para cada amostra, e a CE (mL.g^{-1}) de cada amostra foi determinada pela razão entre o volume de expansão (mL) e a massa (g) da amostra. A CE de cada repetição foi estimada pela média das três amostras.

Com os dados obtidos foram realizadas as análises de variância individuais e os quadrados médios dos resíduos foram comparados para confirmação da homogeneidade das variâncias (Hartley, 1950), realizando-se a análise conjunta dos dois anos de avaliação, para as duas variáveis consideradas.

Os dados foram submetidos a três modelos lineares relatado por Wu e Matheson (2001).
O primeiro modelo foi usado para estimar os efeitos de tratamento:

$$Y_{lmijk} = u + l_l + r_{m(l)} + f_{ij} + lf_{lij} + rf_{mij(l)} + e_{lmijk} \quad [1]$$

Onde, Y_{lmijk} é a observação do i -ésimo, j -ésimo indivíduo, u é a média geral, l_l é o l -ésimo ano, $r_{m(l)}$ é a m -ésima repetição dentro do l -ésimo ano, f_{ij} é o ij -ésimo efeito de tratamento, lf_{lij} é a interação entre o l -ésimo ano e o ij -ésimo tratamento, $rf_{mij(l)}$ é a interação entre a m -ésima repetição dentro do l -ésimo ano e ij -ésimo tratamento e e_{lmijk} é o resíduo.

O segundo modelo é um desdobramento do efeito de tratamento em CGC (g_i ou g_j), sendo g_i e g_j os efeitos de CGC do i -ésimo e j -ésimo genitor, CEC (s_{ij}), sendo s_{ij} os cruzamentos entre genitores de ordem i e j , efeito recíproco (rec_{ij}), sendo rec_{ij} as diferenças proporcionadas pelo genitor i ou j quando utilizado como macho ou fêmea no cruzamento ij e desdobramento da interação entre anos e tratamentos em CGC x anos ($lg_{li} + lg_{lj}$), CEC x anos (ls_{lij}) e REC x anos ($lrec_{lij}$).

$$Y_{lmijk} = u + l_l + r_{m(l)} + g_i + g_j + s_{ij} + rec_{ij} + lg_{li} + lg_{lj} + ls_{lij} + lrec_{lij} + e_{lmijk} \quad [2]$$

O terceiro modelo é o desdobramento do efeito de recíproco em efeito materno (MAT) (m_i) e não materno (NMAT) (nm_{ij}), e o efeito de REC x anos ($lm_{li} + lm_{lj}$) e efeito da interação NMAT x anos (lnm_{lij}).

$$Y_{lmijk} = u + l_l + r_{m(l)} + g_i + g_j + s_{ij} + m_i + m_j + nm_{ij} + lg_{li} + lg_{lj} + ls_{lij} + lm_{li} + lm_{lj} + lnm_{lij} + e_{lmijk} \quad [3]$$

As pressuposições usadas para estimar os efeitos de CGC, CEC, REC, MAT e NMAT foram: $\sum g_i = 0, \sum s_{ij} = 0$ para cada j com $s_{ij} = s_{ji}, rec_{ij} = -rec_{ji}, \sum m_i = 0, \sum nm_i = \sum nm_{.j} = 0$ com $nm_{ij} = -nm_{ji}$. Os efeitos aditivos e de dominância envolvidos na determinação das características foram calculados pela relação entre as soma de quadrados da CGC e CEC, para cada caráter, estimados pelo método de Griffing (1956a) de acordo com a seguinte equação proposta por Baker (1978):

$CGC : CEC = SQ_{cgc} / (SQ_{cgc} + SQ_{cec})$ [4], onde SQ_{cgc} : soma de quadrado CGC; SQ_{cec} : soma de quadrado da CEC.

As estimativas dos quadrados médios para todos os efeitos foram calculadas com auxílio do programa SAS (SAS, 2011) usando a macro Diallel-05 proposta por Zhang et al. (2005).

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Houve diferença significativa entre os genótipos para as características avaliadas, indicando que existe variabilidade no dialelo (híbridos F_1 e recíprocos), a qual é de fundamental importância para obtenção de ganhos genéticos nas combinações híbridas (Tabela 1). Os baixos coeficientes de variação (CV) para as características avaliadas confirmam a confiabilidade dos resultados obtidos nas duas safras. Observou-se diferença no desempenho relativo dos genótipos entre os anos de avaliação, revelada na significância de genótipos x anos para todas as características. Esses resultados sugerem que existe performance diferenciada em resposta às mudanças ambientais. Estudo com milho-pipoca relata a presença da interação genótipos por ambientes (Cabral et al., 2015). A presença desta interação pode explicar o motivo de existirem poucas variedades nacionais lançadas no mercado adaptadas a diferentes ambientes ou regiões (Amaral Júnior et al., 2013a).

Tabela 1. Análise de variância conjunta e medias da produtividade de grãos (PG, kg.ha⁻¹) e capacidade de expansão (CE, mL.g⁻¹) de híbridos de milho-pipoca.

FV	GL	QM	
		PG	CE
Rep(Anos)	2	5536,60 ^{ns}	3,87 ^{ns}
Anos	1	104171,20 ^{***}	380,03 ^{***}
Genótipos	71	4121208,90 ^{***}	512,23 ^{***}
Genótipos*Anos	71	44827,80 ^{***}	32,46 ^{***}
Resíduo	-	6858,40	9,76
Media		1982,63	32,15
CV (%)		4,17	9,71
SAFRA13/14			
Media	-	1999,77	30,97
CV (%)	-	4,27	11,69
SAFRA14/15			
Media	-	1965,37	33,32
CV (%)	-	4,07	7,62

***: significativo a $p < 0,0001$; FV: fonte de variação; GL: graus de liberdade; QM: quadrado médio; PG: produtividade de grãos em kg.ha⁻¹; CE: capacidade de expansão em mL.g⁻¹.

A interação genótipos x anos indica que o desdobramento dos efeitos de tratamento em CGC, CEC e suas interações com os anos de cultivo são importantes e necessárias para a interpretação genética completa do dialelo (Wu; Matheson, 2001). Observou-se que a interação genótipos x anos foi devida, principalmente, ao efeito da interação CEC x anos (Tabela 2), pois esse efeito foi significativo para PG e CE, enquanto a interação CGC x anos foi significativa apenas para CE. Os efeitos da interação REC x anos também foram significativos para todas as variáveis devido ao efeito da interação NMAT x anos, indicando que a segregação gênica das populações genitoras é a causa das diferenças entre os híbridos e seus recíprocos nos anos de avaliação. É sabido que, em programas de melhoramento de híbridos, o objetivo geral é a seleção de cruzamentos que sejam adaptados a todos os ambientes testados, ou pelo menos à maioria deles. A esse respeito, Mukanga et al. (2010) sugerem que apenas a interação CGC x anos, quando significativa, seja utilizada para indicar a seleção de genitores em ambientes específicos. Devido ao menor efeito da interação CGC x anos, com relação a CEC x anos, sobre a interação genótipos x anos, o estudo genético das características e a determinação de grupos heteróticos foi baseada apenas na análise conjunta dos dados.

Tabela 2. Análise de variância da capacidade geral de combinação (CGC), capacidade específica de combinação (CEC), efeito de recíproco (REC), efeito materno (MAT) e efeito não materno (NMAT) para produtividade de grãos e capacidade de expansão do dialelo de populações de milho-pipoca.

FV	GL	QM	
		PG	CE
CGC	8	8738660,33 [*]	409,54 ^{ns}
CEC	27	3602796,28 ^{***}	455,98 ^{***}
REC	36	3478157,86 ^{***}	569,61 ^{***}
MAT	8	3889706,00 ^{ns}	116,37 ^{ns}
NMAT	28	3357032,35 ^{***}	698,45 ^{***}
CGC x anos	8	54696,32 ^{ns}	60,21 ^{**}
CEC x anos	27	33254,51 ^{***}	20,59 ^{**}
REC x anos	36	45666,02 ^{**}	30,37 ^{**}
MAT x anos	8	46820,06 ^{ns}	22,22 ^{ns}

Continua...

Continuação **Tabela 2**

NMAT x anos	28	44106,76***	31,28***
Resíduo	-	1198788,20	151,46
CGC:CEC		0,41	0,22
SAFRA13/14			
CGC	8	4426910,64***	255,59***
CEC	27	1893866,48***	246,55***
REC	36	1822581,71***	242,20***
MAT	8	1925275,42***	106,39***
NMAT	28	1539775,91***	232,63***
SAFRA14/15			
CGC	8	4366446,01***	244,15***
CEC	27	1742184,31***	230,02***
REC	36	1701242,17***	357,77***
MAT	8	1138960,88***	81,06***
NMAT	28	1296521,39***	41,37***

***: significativo a $P < 0,0001$, **: significativo a $P < 0,01$ e * significativo a $P < 0,05$, ns: não significativo, respectivamente; FV: fonte de variação; GL: graus de liberdade; QM: quadrado médio; CGC: capacidade geral de combinação; CEC: capacidade específica de combinação; REC: efeito de recíproco; MAT: efeito materno; NMAT: efeito não materno; PG: produtividade de grãos em kg.ha^{-1} ; CE: capacidade de expansão em ml.g^{-1} .

198

199 As estimativas da CGC e CEC foram simultaneamente significativas para produtividade
200 de grãos, indicando que os efeitos aditivos e não aditivos dos genes estão presentes no controle
201 genético desse caráter. Para a capacidade de expansão, apenas a CEC mostrou-se significativa,
202 revelando que os efeitos não aditivos são os mais importantes na herança desse caráter. A
203 relação CGC:CEC, para as duas características, reforça a existência da predominância de genes
204 de efeito dominante no controle dessas características e que a exploração de híbridos pode levar
205 ao aumento significativo da media (Bello & Olawuyi, 2015; Soni & Khanorkar, 2014).

206 Gonçalves et al. (2014) avaliaram 10 linhagens de milho-pipoca de diferentes origens e
207 obtiveram efeito significativo de CGC e CEC para PG e CE. Por outro lado, Moterle et al.
208 (2012) avaliaram nove linhagens de pipoca, oito de clima temperado e uma de clima tropical,
209 para PG e CE e encontraram efeito significativo de CGC e CEC apenas para PG. Scapim et al.
210 (2002) recomendaram o uso de populações com alta estimativa de CGC para formação de novas
211 variedades com alta PG e CE. Porém, segundo Wu e Matheson (2001), apenas as estimativas

de CGC e CEC não permitem obter informações quando os genitores são utilizados ora como macho ora como fêmea. Cabral et al. (2016) relataram efeito recíproco em milho-pipoca para PG e recomendaram o revezamento dos genitores em cruzamentos. Andrade et al. (2008) relataram efeito recíproco para CE, no entanto, desprezível para a característica. Rodovalho et al. (2014), utilizando referência bayesiana, relataram predominância de efeitos não aditivos para as duas características, contudo, Miranda et al. (2008) encontram efeito aditivos apenas para CE.

Houve efeito recíproco (REC) para as duas características consideradas. Este efeito se deve a diferença significativa existente entre o híbrido e seu recíproco e pode apresentar implicações nas estimativas dos efeitos genéticos (Mukanga et al., 2010). Fan et al. (2014) relataram que os efeitos recíprocos aumentam as chances na obtenção de híbridos produtivos e que os métodos que contemplam esse efeito são cruciais para classificação de grupos heteróticos. Yao et al. (2013) recomendam a inclusão dos cruzamentos recíprocos no dialelo, uma vez que o REC influencia diretamente na estimativa de CGC e CEC. Segundo Wu e Matheson (2001), esse efeito pode ser dividido em efeito materno (MAT) e efeito não materno (NMAT). Mukanga et al. (2010) e Evans e Kermicle (2001) afirmaram que efeito materno pode ser explicado pela contribuição dos genes presentes no citoplasma e que o efeito não materno seria explicado por produto gênico envolvendo genes do núcleo e do citoplasma. Cabral et al. (2015) e Andrade et al. (2008) encontraram efeito recíproco para PG em milho-pipoca e o atribuíram ao efeito materno, sugerindo que os parentais devem ser revezados nos cruzamentos para maiores ganhos de PG. Neste trabalho, foram encontrados efeitos REC para PG e CE devido aos efeitos NMAT, indicando existência de variabilidade das populações formadas a partir de linhagens S₃, refletindo no aumento da possibilidade de seleção de genótipos superiores quando utilizado em programas de melhoramento pelo surgimento de novas combinações híbridas.

Observa-se elevada amplitude nos valores médios dos híbridos e recíprocos, com valores variando de 321,26 a 4496,31 kg.ha⁻¹ para produtividade de grãos e 11,8 a 56,18 mL.g⁻¹ para capacidade de expansão (Tabela 3). Em média, as combinações híbridas F₁ apresentaram maiores valores de PG e CE quando comparados com as combinações híbridas recíprocas. Observou-se, também, que maioria dos genótipos com valores superiores a 4000 kg.ha⁻¹ apresentaram as menores médias de capacidade de expansão. Este resultado sugere uma

correlação negativa existente entre as duas características avaliados e reforça a dificuldade na seleção de genótipos produtivos e com alta capacidade de expansão.

Tabela 3. Estimativas de media⁺ da produtividade de grãos (PG, kg.ha⁻¹) e capacidade de expansão (CE, mL.g⁻¹) dos híbridos e seus recíprocos.

Híbridos	PG	CE	Recíprocos	PG	CE
01 x 02	457,18	49,14	02 x 01	2339,72	21,95
01 x 03	535,33	27,92	03 x 01	2360,43	22,12
01 x 04	1538,79	49,18	04 x 01	1487,90	25,76
01 x 05	520,06	17,00	05 x 01	3846,56	15,98
01 x 06	595,50	30,85	06 x 01	581,32	52,57
01 x 07	1441,70	47,22	07 x 01	321,26	56,18
01 x 08	3562,67	25,75	08 x 01	1507,67	23,44
01 x 09	4103,50	27,14	09 x 01	1500,33	51,28
02 x 03	2330,61	46,91	03 x 02	1556,71	33,50
02 x 04	2734,20	40,38	04 x 02	1705,17	34,53
02 x 05	1458,21	50,53	05 x 02	495,40	30,62
02 x 06	1683,21	32,61	06 x 02	1672,95	24,77
02 x 07	1683,12	37,36	07 x 02	1899,87	30,95
02 x 08	4496,31	23,47	08 x 02	2931,89	32,35
02 x 09	2075,82	37,87	09 x 02	936,75	20,37
03 x 04	1867,47	53,30	04 x 03	322,01	26,24
03 x 05	1853,71	28,46	05 x 03	1235,41	49,18
03 x 06	584,31	20,33	06 x 03	1878,16	25,91
03 x 07	2076,36	17,88	07 x 03	1933,16	27,16
03 x 08	1329,25	24,36	08 x 03	1431,42	38,93
03 x 09	1906,65	46,52	09 x 03	2894,29	22,62
04 x 05	2673,39	22,79	05 x 04	1309,77	31,19
04 x 06	2698,39	50,13	06 x 04	1232,13	31,34
04 x 07	1782,18	43,48	07 x 04	1336,87	14,30
04 x 08	1556,48	23,23	08 x 04	964,26	37,70
04 x 09	4438,61	30,13	09 x 04	967,54	38,95

Continua...

Continuação **Tabela 3**

05 x 06	2608,33	44,63	06 x 05	3081,23	31,37
05 x 07	1676,70	35,71	07 x 05	1099,13	16,91
05 x 08	3889,31	25,39	08 x 05	3446,94	27,88
05 x 09	4257,27	11,89	09 x 05	3609,67	42,90
06 x 07	2049,14	43,62	07 x 06	1493,09	20,15
06 x 08	1648,06	26,25	08 x 06	2789,99	14,31
06 x 09	2013,09	21,62	09 x 06	2564,21	33,47
07 x 08	1791,38	31,73	08 x 07	2681,17	25,33
07 x 09	2303,53	47,16	09 x 07	2287,95	21,46
08 x 09	2500,06	25,98	09 x 08	2184,71	21,21
Amplitude	4039,13	41,41		3525,30	41,88
Media	2131,11	33,83		1830,19	29,86

+: media da análise conjunta

Os genitores 01, 02 e 04 apresentaram os maiores valores de CGC entre todos os genitores para CE (Tabela 4), podendo ser indicados quando o objetivo do programa de melhoramento for obtenção de linhagens com boa CE, uma vez que a CGC é o parâmetro que indica, no bloco de cruzamento, os genitores que apresentam melhor performance média em cruzamentos. Porém, deve-se levar em consideração o efeito materno nestes genitores. Quando considera-se o genitor 04, por exemplo, com efeito materno de -2,14, os métodos baseados em teste de progênie, com enfoque principalmente na performance da descendência provenientes de plantas usadas como fêmea (seleção de família S₁), pode ser menos efetivo na identificação e seleção de genitores superiores, consequentemente, menos efetivo no melhoramento da população. No entanto, efeito MAT significativo e positivo no genitor 02 indica que são esperados ganhos com a seleção, quando utilizado este mesmo método.

Tabela 4. Estimativa da capacidade geral de combinação (CGC) e efeito materno (MAT), para dos nove genitores, com relação a CE (ml.g⁻¹) e PG (kg.ha⁻¹).

Genitores	CE		PG	
	CGC	MAT	CGC	MAT
01	2,55 ^{***}	0,06 ^{ns}	-356,50 ^{***}	-66,15 ^{***}
02	2,54 ^{***}	1,92 ^{***}	-88,13 ^{***}	396,98 ^{***}
03	0,17 ^{ns}	-0,83 ^{ns}	-399,42 ^{***}	53,99 ^{***}
04	2,96 ^{***}	-2,14 ^{***}	-219,71 ^{***}	261,82 ^{***}
05	-1,67 ^{***}	-0,02 ^{ns}	383,55 ^{***}	87,56 ^{***}
06	-0,63 ^{ns}	0,59 ^{ns}	-179,83 ^{***}	-47,85 ^{***}
07	0,49 ^{ns}	-1,34 ^{***}	-273,91 ^{***}	-194,45 ^{***}
08	-5,88 ^{***}	1,29 ^{***}	501,69 ^{***}	-122,34 ^{***}
09	-0,52 ^{ns}	0,48 ^{ns}	632,26 ^{***}	-359,55 ^{***}

***: significativo a P<0,0001, **: significativo a P<0,01 e * significativo a P<0,05, ns: não significativo, respectivamente.

Os genitores 05 e 08 apresentaram valores negativos significativos de CGC, revelando que esses genitores contribuem com efeito aditivo para o diminuir o caráter CE. Por outro lado, o genitor 08 pode contribuir com efeitos aditivos quando usado como genitor feminino. Os genitores 03, 06, 07 e 09 não apresentaram valores significativos de CGC. Foram observados valores positivos e significativos de CGC para PG nos genitores 05, 08 e 09 (Tabela 4). Esses genitores podem ser utilizados em programas de melhoramento para aumento de PG com a utilização do desempenho *per se*, mas a cautela na escolha do método de melhoramento é necessária para esses genitores, principalmente para 08 e 09, devido ao negativo e significativo pronunciado efeito materno. Valores negativos e significativos de CGC foram observados para 01, 02, 03, 04, 06 e 07, revelando que esses genitores apresentam baixo desempenho quanto à PG.

Foi observado que aproximadamente 31% e 50% das combinações híbridas (F₁) e combinações híbridas recíprocas para CE, respectivamente, apresentaram valores positivos e significativos de CEC (Tabela 5). Os valores positivos da CEC revelam que os genitores envolvidos nos cruzamentos possuem complementariedade ou são os mais dissimilares com relação a frequência dos genes com dominância, porém, mesmo tendo como parâmetro a CEC para a escolha das melhores combinações híbridas, não é possível prever o desempenho dos cruzamentos utilizando os genitores ora como masculino ou feminino.

Os cruzamentos 01 x 07 e 07 x 04 apresentaram os maiores acréscimos na média do dialelo para CE, de 18,59 mL.g⁻¹ e 14,58 mL.g⁻¹, respectivamente. Por outro lado, o genitor 05 utilizado como genitor feminino nos cruzamentos com os genitores 01 e 09, apresentou as menores estimativas de acréscimo na média do dialelo para essa mesma característica. Esses resultados sugerem que em programas de melhoramento de milho-pipoca para CE, os cruzamentos recíprocos devem ser testados, pois podem aumentar as chances de se encontrar, em determinados cruzamentos, híbridos com alta CE. Porém, ressalta-se que na obtenção de linhagens ou síntese de populações base, em programas de melhoramento, a partir dos híbridos recíprocos com altos e positivos valores de REC, os efeitos podem ser perdidos durante as gerações devido à presença do efeito NMAT em determinados cruzamentos (Wu & Matheson, 2001).

A CE é o caráter mais importante da cultura do milho-pipoca, especialmente quando o objetivo é aumentar a competição entre cultivares nacionais e cultivares estrangeiras, principalmente as cultivares americanas. Porém, a baixa variabilidade genética entre as genótipos nacionais (Amaral Júnior et al., 2013; Silva et al., 2015) fortalece a dependência do uso de cultivares estrangeiras e aumenta o desafio dos programas de melhoramento de milho-pipoca no Brasil. Por outro lado, mesmo havendo variabilidade genética nas cultivares locais (Miranda et al., 2008), a PG é outro caráter que merece atenção nos programas de melhoramento, principalmente devido à correlação genética negativa com CE (Cabral et al., 2016). Os cruzamentos 09 x 01, 09 x 04 e 05 x 09 apresentaram CEC significativos, sendo que o cruzamento 09 x 04 apresentou a maior estimativa de CEC para incremento da média de PG do dialelo (Tabela 5).

Tabela 5. Estimativa da capacidade específica de combinação (CEC) e efeito recíproco (REC), dos híbridos e seus recíprocos com relação a produtividade de grãos (PG, kg.ha⁻¹) e capacidade de expansão (CE, mL.g⁻¹).

Híbridos	PG	CE	Recíprocos	PG	CE
01 x 02	-137,63 ^{**}	-1,60	02 x 01	-941,26 ^{**}	13,74 ^{**}
01 x 03	223,47 ^{**}	-9,72 ^{**}	03 x 01	-912,59 ^{**}	3,01 [*]
01 x 04	108,91 [*]	-0,18 ^{ns}	04 x 01	25,51 ^{ns}	11,45 ^{**}
01 x 05	175,58 ^{**}	-16,55 ^{**}	05 x 01	-1663,19 ^{**}	0,51 ^{ns}
01 x 06	-855,65 ^{**}	7,67 ^{**}	06 x 01	7,41 ^{ns}	-10,90 ^{**}

Continua...

Continuação Tabela 5

01 x 07	-468,76**	18,59**	07 x 01	560,28**	-6,07**
01 x 08	409,25**	-3,75 ^{ns}	08 x 01	1027,50**	1,18 ^{ns}
01 x 09	544,83**	5,54**	09 x 01	1300,97**	-12,34**
02 x 03	450,52**	5,58**	03 x 02	386,91**	6,46**
02 x 04	546,82**	-0,18 ^{ns}	04 x 02	514,53**	2,91 ^{ns}
02 x 05	-1299,34**	8,50**	05 x 02	481,40**	10,27**
02 x 06	-34,67 ^{ns}	-5,25**	06 x 02	5,12 ^{ns}	4,05**
02 x 07	172,85**	-1,03**	07 x 02	-108,32*	3,21*
02 x 08	1319,99**	-0,90 ^{ns}	08 x 02	782,39**	-4,44**
02 x 09	-1018,55**	-5,11**	09 x 02	569,55**	8,56**
03 x 04	-266,83**	4,88**	04 x 03	772,73**	13,94**
03 x 05	-420,19**	8,87**	05 x 03	309,25**	-9,86**
03 x 06	-170,23**	-8,37**	06 x 03	-646,92**	-2,67 ^{ns}
03 x 07	697,36**	-10,35**	07 x 03	71,60 ^{ns}	-4,70*
03 x 08	-701,10**	6,10**	08 x 03	-52,64 ^{ns}	-6,81**
03 x 09	187,01*	3,02*	09 x 03	-493,70**	12,10**
04 x 05	-152,98**	-6,30**	05 x 04	681,81**	-4,05**
04 x 06	384,15**	6,62**	06 x 04	733,06**	9,66**
04 x 07	72,42 ^{ns}	-6,70**	07 x 04	222,65**	14,58**
04 x 08	-1002,31**	1,55 ^{ns}	08 x 04	296,09**	-7,03**
04 x 09	309,80**	0,32 ^{ns}	09 x 04	1735,53**	-4,14**
05 x 06	660,33**	8,17**	06 x 05	-236,45**	6,65**
05 x 07	-702,45**	-4,45**	07 x 05	288,78**	8,89**
05 x 08	802,14**	2,42 ^{ns}	08 x 05	221,18**	-1,64 ^{ns}
05 x 09	936,92**	-0,66 ^{ns}	09 x 05	323,80**	-17,22**
06 x 07	244,13**	-0,04 ^{ns}	07 x 06	278,02**	11,83**
06 x 08	-83,56 ^{ns}	-5,33**	08 x 06	-570,96**	6,02**
06 x 09	-144,50**	-3,47*	09 x 06	-275,56**	-5,79 ^{ns}
07 x 08	27,76 ^{ns}	1,76 ^{ns}	08 x 07	-444,89*	3,20*
07 x 09	-43,33 ^{ns}	2,21 ^{ns}	09 x 07	7,79 ^{ns}	12,48**
08 x 09	-772,18	-1,84 ^{ns}	09 x 08	157,55**	2,05 ^{ns}

***, **, *, ns: significativo a 0,001, 0,01, 0,05 e não significativo, respectivamente.

311

312

313

A segunda maior estimativa de CEC para aumento da media do dialelo foi apresentada pelo cruzamento 02 x 08 apresentando ganhos significativos na PG, além disso, é comum

observar que as maiores estimativas de CEC não são provenientes de dois genitores que apresentam as maiores e positivas estimativas de CGC do dialelo (Cruz & Vencovsky, 1989).

A exploração de populações sintéticas a partir da mistura de linhagens provenientes de cultivares comerciais pode ser uma alternativa para aumento da variabilidade genética para produtividade de grãos e da capacidade de expansão em programas de melhoramento de milho-pipoca. Esses resultados criam expectativas positivas quanto as ferramentas disponíveis nos programas de melhoramento do milho-pipoca para aumento da variabilidade genética, a fim de se obter progênies com alta produtividade de grãos e com boa capacidade de expansão.

CONCLUSÕES

Os efeitos gênicos aditivos e não aditivos são importantes no controle genético de PG, enquanto para CE foram importantes apenas os efeitos não aditivos dos genes.

Os maiores valores de PG foram obtidas pelas combinações 02x08, 04x09, 05x09 e 01x09 e para CE pelas combinações 07x01, 03x04. As populações 01, 02 e 04 podem ser indicadas para programas de melhoramento intra-populacional para incremento da capacidade de expansão, enquanto as populações 05, 08 e 09 podem ser utilizados em programas de melhoramento intra-populacional para incremento da produtividade de grãos.

Sugere-se cautela na escolha do método de melhoramento para as populações 08 e 09 devido ao significativo e pronunciado efeito materno. Recomendamos o uso desses genitores para programas de melhoramento populacional.

REFERÊNCIAS

- Amaral Júnior, A.T., L.S.A. Gonçalves, F. Júnior, S. de Paiva, L.S. Candido, C. Vittorazzi, G.F. Pena, R.M. Ribeiro, T.R.d.C. Silva and M.G. Pereira. 2013a. UENF 14: a new popcorn cultivar. *Crop Breeding and Applied Biotechnology* 13: 218-220. doi:10.1590/S1984-70332013000300013.
- Amaral Junior, A.T., S.F. Júnior, R. Rangel, G. Pena, R. Ribeiro, R. Morais and A. Schuelter. 2010. AT do et al. Improvement of a popcorn population using selection indexes from a fourth cycle of recurrent selection program carried out in two different environments. *Genetics and Molecular Research* 9: 340-370. doi:10.4238/vol9-1gmr702.
- Amaral Júnior, A.T., É.C. Oliveira, L.S.A. Gonçalves, C.A. Scapim, L.S. Candido, T.R. Conceição Silva, C. Vittorazzi and K.S. Cunha. 2013b. Assessment of genetic diversity among maize accessions using inter simple sequence repeats (ISSR) markers. *African Journal of Biotechnology* 10: 15462-15469. doi:10.5897/AJB10.2624.

- 349 Andrade, R.A., C.D. Cruz, C.A. Scapim, L. Silverio, R.J.B. Pinto and A. Tonet. 2008. Análise
350 dialélica da capacidade combinatória de variedades de milho-pipoca. *Acta Scientiarum.*
351 *Agronomy* 24: 1197-1204. doi:10.4025/actasciagron.v24i0.2265.
- 352 Baker, R. 1978. Issues in diallel analysis. *Crop Science* 18: 533-536.
- 353 Bello, O.B. and O.J. Olawuyi. 2015. Gene action, heterosis, correlation and regression estimates
354 in developing hybrid cultivars in maize. *Tropical Agriculture* 91: 102-117.
- 355 Blanco, M., C. Gardner, W. Salhuana and N. Shen. 2005. Germplasm enhancement of maize
356 project (GEM). *Proceedings of 41st Annual Illinois Corn Breeding School*: 22-41.
- 357 Cabral, P.D., A.T. Amaral Júnior, I.L.J. Freitas, R.M. Ribeiro and T.R.C. Silva. 2016. Relação
358 de causa e efeito de caracteres quantitativos sobre a capacidade de expansão do grão em milho-
359 pipoca. *Revista Ciência Agronômica* 47: 108.
- 360 Cabral, P.D.S., A.T. Amaral Júnior, A.P. Viana, H.D. Vieira, I.L. de Jesus Freitas, C. Vittorazzi
361 and M. Vivas. 2015. Combining ability between tropical and temperate popcorn lines for seed
362 quality and agronomic traits. *Australian Journal of Crop Science* 9: 256.
- 363 Carpentieri-Pípolo, V., F.A.M. Silva and A.D. Seifert. 2003. Popcorn parental selection based
364 on genetic divergence. *Crop Breed Appl Biotechnol* 3: 261-268. doi:10.12702/1984-
365 7033.v03n04a03.
- 366 Carvalho, C., B.B. Kist, C.E. Santos, I. Muller and R.R. Beling. 2015. Anuário brasileiro de
367 milho Editora Gazeta Santa Cruz LTDA., Santa Cruz do Sul.
- 368 Cruz, C. and R. Vencovsky. 1989. Comparação de alguns métodos de análise dialélica. *Revista*
369 *Brasileira de Genética* 12: 425-438.
- 370 Daros, M., A.T. Amaral Junior, M.G. Pereira, F.S. Santos, A.P.C. Gabriel, C.A. Scapim, S.d.P.
371 Freitas Junior and L. Silvério. 2004. Recurrent selection in inbred popcorn families. *Scientia*
372 *Agricola* 61: 609-614. doi:10.1590/S0103-90162004000600008
- 373 Evans, M.M. and J.L. Kermicle. 2001. Interaction between maternal effect and zygotic effect
374 mutations during maize seed development. *Genetics* 159: 303-315.
- 375 Fan, X., Y. Zhang, W. Yao, Y. Bi, L. Liu, H. Chen and M. Kang. 2014. Reciprocal diallel
376 crosses impact combining ability, variance estimation, and heterotic group classification. *Crop*
377 *Science* 54: 89-97. doi:10.2135/cropsci2013.06.0393.
- 378 Fan, X., Y. Zhang, W. Yao, H. Chen, J. Tan, C. Xu, X. Han, L. Luo and M. Kang. 2009.
379 Classifying maize inbred lines into heterotic groups using a factorial mating design. *Agronomy*
380 *journal* 101: 106-112. doi:10.2134/agronj2008.0217.
- 381 Gardner, C. and S. Eberhart. 1966. Analysis and interpretation of the variety cross diallel and
382 related populations. *Biometrics*: 439-452.
- 383 Gonçalves, A., L. Simões, S.d.P. Freitas Júnior, A.T. Amaral Júnior, C.A. Scapim, R.
384 Rodrigues, C.D. Marinho and E.S. Pagliosa. 2014. Estimating combining ability in popcorn

- 385 lines using multivariate analysis. Chilean journal of agricultural research 74: 10-15.
386 doi:10.4067/S0718-58392014000100002.
- 387 Goodman, M. 2005. Broadening the US maize germplasm base. Maydica 50: 203.
- 388 Griffing, B. 1956a. Concept of general and specific combining ability in relation to diallel
389 crossing systems. Australian journal of biological sciences 9: 463-493.
- 390 Griffing, B. 1956b. A generalised treatment of the use of diallel crosses in quantitative
391 inheritance.
- 392 Hartley, H.O. 1950. The maximum F-ratio as a short-cut test for heterogeneity of variance.
393 Biometrika 37: 308-312. doi:10.2307/2332383.
- 394 Hayman, B. 1954. The analysis of variance of diallel tables. Biometrics 10: 235-244.
- 395 Hosene, R., K. Zeleznak and A. Abdelrahman. 1983. Mechanism of popcorn popping. Journal
396 of Cereal Science 1: 43-52. doi:10.1016/S0733-5210(83)80007-1.
- 397 Karababa, E. 2006. Physical properties of popcorn kernels. Journal of Food Engineering 72:
398 100-107.
- 399 Miranda, G.V., R.R. Coimbra, C.L. Godoy, L.V. Souza, L.J.M. Guimarães and A.V.d. Melo.
400 2003. Potential to breeding and genetic divergence in popcorn cultivars. Pesquisa Agropecuária
401 Brasileira 38: 681-688. doi:10.1590/S0100-204X2003000600003.
- 402 Miranda, G.V., L.V. De Souza, J.C.C. Galvão, L.J.M. Guimarães, A.V. De Melo and I.C. Dos
403 Santos. 2008. Genetic variability and heterotic groups of Brazilian popcorn populations.
404 Euphytica 162: 431-440. doi:10.1007/s10681-007-9598-9.
- 405 Moterle, L.M., A.d.L. e Braccini, C.A. Scapim, R.J.B. Pinto, L.S.A. Gonçalves, R. Rodrigues
406 and A.T. do Amaral Júnior. 2012. Combining ability of popcorn lines for seed quality and
407 agronomic traits. Euphytica 185: 337-347. doi: 10.1007/s10681-011-0458-2.
- 408 Mukanga, M., J. Derera and P. Tongoona. 2010. Gene action and reciprocal effects for ear rot
409 resistance in crosses derived from five tropical maize populations. Euphytica 174: 293-301.
410 doi:10.1007/s10681-010-0178-z.
- 411 Munhoz, R., A. Prioli, A.T. Amaral Júnior, C. Scapim and G. Simon. 2009. Genetic distances
412 between popcorn populations based on molecular markers and correlations with heterosis
413 estimates made by diallel analysis of hybrids. Genetics and Molecular Research 8: 951-962.
414 doi: 10.4238/vol8-3gmr592.
- 415 Resh, F., C. Scapim, C. Mangolin, M. Machado, A.T. Amaral Junior, H. Ramos and M. Vivas.
416 2015. Genetic diversity of popcorn genotypes using molecular analysis. Genetics and molecular
417 research: GMR 14: 9829-9840. doi:10.4238/2015.August.19.16.
- 418 Rodvalho, M., F. Mora, O. Arriagada, C. Maldonado, E. Arnhold and C.A. Scapim. 2014.
419 Genetic evaluation of popcorn families using a Bayesian approach via the independence chain

- algorithm. *Crop Breeding and Applied Biotechnology* 14: 261-265. doi:10.1590/1984-70332014v14n4n41
- Saavedra, J., T.A. Silva, F. Mora and C.A. Scapim. 2013. Bayesian analysis of the genetic structure of a Brazilian popcorn germplasm using data from simple sequence repeats (SSR). *Chilean journal of agricultural research* 73: 99-107. doi:10.4067/S0718-58392013000200003
- SAS, S. 2011. for Windows Version 9.3. SAS Institute Inc., Cary, NC, USA.
- Scapim, C.A., C.A.P. Pacheco, A. Tonet, A.L.E. Braccini and R.J.B. Pinto. 2002. Análise dialélica e heterose de populações de milho-pipoca. *Bragantia* 61: 219-230.
- Silva, T.A., L. Belizário Cantagalli, J. Saavedra, A.D. Lopes, C. Aparecida Mangolin, M.d.F. Pires da Silva Machado and C.A. Scapim. 2015. Population structure and genetic diversity of Brazilian popcorn germplasm inferred by microsatellite markers. *Electronic Journal of Biotechnology* 18: 181-187. doi:10.1016/j.ejbt.2015.03.005
- Soni, N. and S. Khanorkar. 2014. Genetic architecture of yield traits and popping quality in popcorn (*Zea mays* var. *evarta*) inbred lines. *Electronic Journal of Plant Breeding* 5: 11-16.
- Wu, H.X. and A. Matheson. 2001. Reciprocal, maternal and non-maternal effects in radiata pine diallel mating experiment on four Australia sites. *Forest genetics* 8: 205-212.
- Yao, W., Y. Zhang, M. Kang, H. Chen, L. Liu, L. Yu and X. Fan. 2013. Diallel analysis models: A comparison of certain genetic statistics. *Crop Science* 53: 1481-1490. doi:10.2135/cropsci2013.01.002.
- Zhang, Y., M.S. Kang and K.R. Lamkey. 2005. DIALLEL-SAS05. *Agronomy Journal* 97: 1097-1106.

CAPÍTULO 3 – Efeitos diretos e indiretos entre capacidade de expansão e componentes do grão em milho-pipoca

Gustavo Hugo Ferreira de Oliveira^{1*}, Elcio Hissagy Samecima Junior¹, Gabriela Pelegrini¹
and Gustavo Vitti Môro¹

¹Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho”, Faculdade Ciências Agrárias e Veterinárias, UNES FCAV, Departamento de Produção Vegetal, Via de acesso Prof. Paulo Donato Castellane s/n, CEP: 14884-900, Jaboticabal, São Paulo, Brasil.

*Autor para correspondência: gustavo.melhorista@gmail.com

RESUMO - O conhecimento das relações de causa e efeito de duas ou mais características pode contribuir para aumentar a acurácia na seleção de genótipos superiores. O objetivo deste trabalho foi avaliar a relação de causa e efeito entre a capacidade de expansão e o tamanho do grão em milho-pipoca por meio de correlações, análise de trilha e redes bayesianas. Foram avaliados 41 híbridos de milho-pipoca em blocos casualizados com duas repetições, sendo avaliados: comprimento do grão (CG), espessura do grão (EG), largura do grão (LG), diâmetro do grão (DG,) massa de 50 grãos (MG) e capacidade de expansão (CE). Com exceção das duas últimas variáveis, as mensurações foram feitas individualmente para cada grão, utilizando-se três amostras de 50 grãos de cada parcela. Foram estimados o coeficiente de correlação de Pearson, análise de trilha, modelos de regressão simples e redes bayesianas. Foi detectada correlação negativa entre CE e as características avaliadas, exceto para DG, corroborando com os modelos de regressão. A análise de trilha indicou que MG possui efeito direto e positivo sobre a CE e que a correlação negativa observada é devida, principalmente, aos efeitos indiretos por meio da LG e EG. As redes bayesianas não detectaram associação direta entre as dimensões do grão e indicaram que a EG é a única medida que pode influenciar o tamanho do floco da pipoca.

PALAVRAS-CHAVE: *Zea mays*; redes bayesianas; análise de trilha; correlação; regressão.

Cause and effect between expansion volume and popcorn kernel size

ABSTRACT – The knowledge of the cause and effect among two or more traits can help to increase the accuracy in the selection of superior genotypes. The main of this study was to evaluate the cause and effect relationship between expansion volume and the kernel size in popcorn through path analysis and Bayesian network. It were evaluated 41 popcorn hybrids in a randomized complete block design (RCBD) with two replications and the traits assessed were: grain length (GL), grain thickness (GT), grain width (GW), a grain diameter (GD) mass of 50 grains (MG) and expansion volume (EV). Measurements were made for each individual grain, using three samples of 50 grains of each plot. Were estimated Pearson's correlation coefficient, path analysis, simple regression models and Bayesian network. It was detected negative correlation among EV and the traits, except for GD, corroborating the regression models. Path analysis indicated that MG has direct and positive effect on the EV and the negative correlation observed is mainly due to the indirect effects by GL and GT. Bayesian networks detected no direct association between the kernel size and indicated that GT is the only measure that can influence the popcorn flake size.

KEYWORDS: *Zea mays*; Bayesian networks; Path analysis; Correlation; Regression.

INTRODUÇÃO

O conhecimento da correlação entre as características é de suma importância para programas de melhoramento genético, principalmente para seleção de genótipos superiores. A seleção indireta para um caráter de difícil mensuração ou baixa herdabilidade, utilizando características de fácil mensuração e de moderada a alta herdabilidade, possibilita ao melhorista obter progresso mais rápido em relação ao uso da seleção direta. Cruz et al. (2012) afirmam que

as associações podem gerar ganhos indiretos quando as características estudados apresentam correlação genética, principalmente em seleção truncada em características de baixa herdabilidade, o que pode aumentar a eficiência de seleção.

Sabe-se que a capacidade de expansão pode estar correlacionada com outras características do grão como tamanho, comprimento, largura e massa do grão (Cabral et al. 2016, Ribeiro et al. 2016). Porém, esses resultados não são constantes, já que outros autores relatam correlação positiva ou falta de correlação linear entre as principais características de milho-pipoca, como descrito por Carpentieri-Pípolo et al. (2002) e Daros et al. (2004). Soylyu & Tekkanat (2006) relataram correlação positiva significativa entre tamanho do grão com a CE e não significativa entre massa de 1000 grãos e CE.

Dentre os diversos estudos da associação entre características, a análise de trilha e as redes bayesianas são métodos que podem gerar informações precisas para o melhoramento genético do milho-pipoca quando utilizadas concomitantemente. A análise de trilha é o desdobramento do coeficiente de correlação e informa não somente a magnitude dos valores de correlação, mas também, possibilita a obtenção da informação de causa e efeito da correlação entre duas variáveis e o quanto outras variáveis podem influenciar nesta correlação (Cruz et al. 2012).

As redes bayesianas (RB) são abordagem alternativas de modelagem, no qual aplica os critérios para modelos de seleção. Por sua vez, tem sua importância na representação gráfica das relações de causalidade entre variáveis de um sistema (Marques & Dutra 2002), permitindo a obtenção de informações da relação de dependência condicional, representada pela distribuição conjunta de um conjunto de variáveis. Além disso, é uma maneira intuitiva de entender as relações diretas e indiretas entre variáveis (Felipe et al. 2015). O *Directed Acyclic Graph* (DAG) é a denominação dada a representação gráfica produzida por essa modelagem

estatística, na qual são apresentados um conjunto de círculos que representam as variáveis, conectadas entre si diretamente por meio de setas (Margaritis 2003).

Um dos principais benefícios da RB é que a modelagem envolve a procura de uma estrutura que seja compatível com a distribuição conjunta dos dados, e a dependência condicional trazida pela estrutura de uma RB permite gerar a mais parcimoniosa representação da distribuição conjunta de um conjunto de dados. Isso faz com que esse modelo se torne interessante para propósito de predição e seleção de variáveis no contexto do melhoramento genético.

Sabe-se que para produção comercial de milho-pipoca a maior capacidade de expansão é desejada, e essa capacidade depende de fatores como tamanho do grão, tamanho do floco do grão estourado e massa de grãos dentre outros, como propriedades químicas (Cabral et al. 2016). Além disso, o método de avaliação e das mensurações não são claramente abordados. Assim, o objetivo deste trabalho foi avaliar a relação de causa e efeito entre a capacidade de expansão, peso e dimensões do grão em milho-pipoca.

MATERIAL E MÉTODOS

Foram obtidas 185 linhagens S₃ de milho-pipoca a partir de nove populações de origens diferentes. As linhagens foram separadas por características agronômicas semelhantes e, dentro de cada população, as sementes das linhagens foram misturadas na mesma proporção, para compor a população de origem, obtendo-se nove populações sintéticas. As populações sintéticas foram semeadas na safra 2013/2014 em Jaboticabal – SP (Latitude 21° 15' 17'' S, longitude 48° 19' 20'' W e altitude de 605 m acima do nível do mar), e por meio de polinização manual foram cruzadas em esquema de dialelo completo. As progênies (híbridos dialélicos) foram colhidas, trilhadas manualmente e parte das sementes foi acondicionada em câmara seca, enquanto outra parte foi semeada na safra 2014/2015 no mesmo local.

O experimento foi realizado em blocos casualizados com 41 híbridos dialélicos e duas repetições, em parcelas constituídas por duas linhas de 5 m, com espaçamento de 0,8 m entre linhas e 0,2 m entre plantas. Os tratos culturais foram realizados de acordo com a necessidade da cultura. A colheita foi realizada na maturidade fisiológica, colhendo-se manualmente todas as espigas da parcela. Após a colheita, todas as espigas das parcelas foram debulhadas manualmente e mantidas em sacos de papel que foram identificados e acondicionados em câmara seca.

De cada parcela de cada repetição foram formadas três amostras de 50 grãos, as quais foram utilizadas para avaliação das características consideradas nesse trabalho, que foram divididas em duas etapas:

Primeira etapa (estimativa das características para os 50 grãos de cada amostra, individualmente): comprimento do grão (CG) sendo a distância da ponta para a base do grão; largura do grão (LG) a distância de ponta a ponta da parte mais larga do grão; espessura do grão (EG) a distância entre as duas faces do grão, conforme proposto por Pordesimo et al. (1990) e diâmetro do grão (DG) a relação entre CG, LG e EG usando a fórmula $DG = (CG.LG.EG)^{1/3}$ proposta por Mohsenin (1970). As características CG, LG e EG foram aferidos em milímetros, com auxílio de paquímetro digital.

Segunda etapa (estimativa das características para a amostra de 50 grãos completa): massa de 50 grãos (MG) aferida em gramas com utilização de balança de precisão; capacidade de expansão (CE) avaliado com auxílio do micro-ondas (Brastemp®, 30 litros, 0,8 KW/h, 800 w, 127 w, dimensão de 30 x 53, 9 x 42 cm, 16 kg) utilizando sacos de papel, de maneira que as amostras foram submetidas ao mesmo tempo de estouro (2 minutos e 30 segundos). A CE foi determinada pela razão do volume de expansão (mL) pela massa (g) da sua referida amostra sendo expressa em ml.g^{-1} ; volume de expansão (VOL) aferido com proveta graduada de 1000

125 mL, com uma inversão para homogeneização dentro do cilindro; tamanho do floco (TF)
 126 definido pela razão entre VOL e o número de grãos estourados da amostra. O VOL e o TF
 127 foram utilizados apenas nas análises de redes bayesianas.

128 As correlações fenotípicas (r_f), genotípicas (r_g) e ambientais (r_a) foram estimadas
 129 utilizando as seguintes expressões:

$$130 \quad r_f = \frac{Covf(x, y)}{\sqrt{\sigma_{fx}^2 \cdot \sigma_{fy}^2}}; r_g = \frac{Covg(x, y)}{\sqrt{\sigma_{gx}^2 \cdot \sigma_{gy}^2}}; r_a = \frac{Cova(x, y)}{\sqrt{\sigma_{ax}^2 \cdot \sigma_{ay}^2}}$$

131 Em que: $Covf(x, y)$, $Covg(x, y)$, e $Cova(x, y)$ são as correlações fenotípicas, genotípicas e
 132 ambientais, respectivamente, entre as variáveis x e y; r_f , r_g e r_a são as variâncias fenotípicas,
 133 genotípicas, e ambientais, respectivamente. A significância do coeficiente b da regressão foi
 134 avaliada pelo teste F e os índices de correlação foram analisados utilizando-se teste t.

135 Foi realizado teste de multicolinearidade entre as variáveis e, por esse critério, as
 136 variáveis VOL e TF foram retiradas do banco de dados. Em seguida, a matriz de r_f foi utilizada
 137 para o desdobramento do coeficiente de correlação, para estudos de causa e efeito entre as
 138 características do grão sobre a CE determinados pela análise de trilha fenotípica (ATF). As
 139 análises de correlação e análise de trilha foram realizadas com auxílio do software Genes (Cruz
 140 2013).

141 Para complemento das análises, foram realizadas análises gráficas via modelos de
 142 regressão linear simples (RLS) e análise via redes bayesianas (RB). Para análise de RLS, foram
 143 estimados modelos via análise das medias fenotípicas. A modelagem para ajuste da linha de
 144 tendência da regressão foi determinada apenas para características mensurados antes do estouro
 145 dos grãos, para fins de obtenção de modelos de predição sobre a CE.

146 A regressão foi analisada segundo o modelo: $y_i = b_1 x_j + b_0 + e_i$, em que y_i é a i-ésima
 147 observação da variável dependente, x_j é a j-ésima observação da variável independente, b_0 é o

intercepto no eixo x , b_1 é o coeficiente de inclinação da reta e e_i é o resíduo para a i -ésima observação.

Para RB foi utilizado modelo relatado por Felipe et al. (2015) e o DAG, e as regressões foram realizadas com auxílio do programa computacional R, sendo que para construção da RB foi utilizado o algoritmo Max-Min Hill-Climbing (MMHC) (TSAMARDINOS et al. 2006). Nesse estudo, RLS e RB foram utilizadas somente no contexto de predição e seleção de variáveis respectivamente, como relatado por Felipe et al. (2015).

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Observaram-se diferenças entre os coeficientes de correlação fenotípica (r_f), genotípica (r_g) e ambiental (r_a), em termos de magnitude (Tabela 1). Dentre as combinações, seis apresentaram r_g positiva e significativa e cinco r_g negativa e significativa. Resultados positivos nas estimativas de correlação indicam que a seleção objetivando ganho sobre um caráter, reflete o mesmo efeito em termos de ganho em outra característica (Vencovsky & Barriga 1992). Além disso, um total de sete correlações genéticas apresentaram valores maiores quando comparadas à ambiental, indicando que a associação linear observada entre esses pares de características é pouco influenciada pelos fatores ambientais.

172 Tabela 1. Correlações fenotípicas (r_f), genotípicas (r_g) e ambientais (r_a) entre seis características
 173 do grão de 41 híbridos dialélicos de milho-pipoca.

Caracteres		LG	EG	DG	MG	CE
CG	r_f	0,59**	0,21	0,19	0,58**	-0,19
	r_g	0,59**	0,24	0,13	0,62**	-0,20
	r_a	0,68**	-0,14	0,46	0,10	0,01
LG	r_f		0,43**	-0,63**	0,82**	-0,41**
	r_g		0,44**	-0,72**	0,84**	-0,43**
	r_a		0,06	0,03	0,42**	-0,04
EG	r_f			-0,26	0,56**	-0,48**
	r_g			-0,26	0,57**	-0,49**
	r_a			-0,44**	0,36*	-0,22
DG	r_f				-0,44**	0,29 ⁺
	r_g				-0,48**	0,33*
	r_a				-0,34*	0,07
MG	r_f					-0,38*
	r_g					-0,39**
	r_a					-0,15

*, **, significativo a 5 e a 1% pelo teste t; CE: capacidade de expansão; CG: comprimento do grão; LG: largura do grão; EG: espessura do grão; DG: diâmetro do grão; MG: massa de 50 grãos.

174

175 Por outro lado, dentre as 11 r_g significativas, cinco apresentaram valores significativos de
 176 correlação ambiental acima dos valores das respectivas correlações genéticas. Segundo
 177 Vencovsky e Barriga (1992), as correlações ambientais ocorrem quando uma mesma variação
 178 das condições ambientais, afeta duas características distintas, em que valores negativos e
 179 positivos indicam que o ambiente favoreceu uma característica em detrimento da outra ou
 180 beneficiou/prejudicou ambas pelas mesmas causas de variações ambientais.

181 Diversos autores ressaltam a importância das correlações entre as características em
 182 milho-pipoca (Cabral et al. 2016, Daros et al. 2004, Soylu & Tekkanat, 2006), principalmente

a quantificação do grau de associação genética e ambiental existente entre os principais atributos comerciais da cultura, uma vez que as correlações genéticas são de natureza herdável e podem auxiliar programas de melhoramento na seleção direta ou indireta de genótipos superiores. Além disso, as informações das correlações entre as características relativos ao grão podem aumentar a precisão na seleção de genótipos em programas de melhoramento, especialmente para a capacidade de expansão.

A maior estimativa significativa de r_f foi observada entre a LG e MG (0,82) e a menor entre a LG e DG (-0,63). Dentre as estimativas de r_g , a maior também foi observada entre LG e MG (0,84) e a menor entre LG e DG (-0,72). Para r_a a maior estimativa observada foi entre CG e LG (0,68) e a menor entre EG e DG (-0,44) (Tabela 1).

Com relação a CE, houve r_f e r_g positiva e significativa para DG e negativa para CG, LG, EG e MG. Entre a CE e DG observou-se valor de r_g significativa de 0,33. Além disso, obteve-se correlação genotípica negativa entre CE e CG, porém não significativa. Correlações não significativas implicam na não existência de uma correlação linear, e não necessariamente na falta de associação entre duas características (Cruz & Regazzi 1997). A correlação genotípica significativa entre CE x EG e CE x LG apresentaram valores de -0,49 e -0,43 respectivamente. As três principais dimensões do grão apresentaram indícios de que, grãos menores são capazes de proporcionar maiores valores de capacidade de expansão quando submetidos ao estouro. Sabe-se que o formato do grão exerce grande influência sobre a capacidade de expansão do grão (Lyerly 1942). Cabral et al. (2016), apresentaram correlações genéticas para essas três dimensões com a CE, sendo negativa para CG e LG, porém positiva para EG. Segundo Lyerly (1942), os grãos arredondados têm maior CE do que grãos alongados.

O caráter MG está relacionado com o tamanho geral do grão da amostra. Neste trabalho, observou-se r_g negativa significativa de -0,39 entre CE e MG. Importante ressaltar que MG

apresentou coeficientes de correlação positivos e significativos com todas as dimensões do grão (LG, EG e CG). Carpentieri-Pípolo et al. (2002) apresentaram estimativas de correlação negativa entre capacidade de expansão e massa total da espiga e massa de grãos por planta, importantes características da produtividade de grãos da cultura. Daros et al. (2004) relataram valores não significativos para CE e rendimento de grãos. Esses resultados confirmam a importância e a influência do formato do grão sobre a CE. Cabral et al. (2016) sugeriram transformar essas dimensões em volume de pipoca (m^3) por hectare ($VP\ ha^{-1}$) para diminuir o efeito dessas correlações na seleção de genitores produtivos e com capacidade de expansão acima da média nacional.

Para realizar a decomposição dos coeficientes de correlação em análise de trilha, realizou-se a análise de multicolinearidade entre variáveis (Cruz et al. 2012). Obteve-se o valor de 81,41 para o número de condição (NC) que permite classificá-la como fraca, podendo realizar a análise de trilha sem problemas estatísticos. Segundo Coimbra et al. (2005), na presença de multicolinearidade, podem ser observadas inconsistentes estimativas do coeficiente de regressão e também superestimativas dos efeitos diretos das variáveis explicativas sobre a variável resposta, ou seja, valores absurdos que não explicam o fenômeno biológico estudado.

Observou-se que os maiores valores dos efeitos diretos positivos sobre a CE foram para MG, CG e DG e valores negativos para EG e LG (Tabela 2). Esses efeitos corroboram com os resultados de r_g e r_f apresentados na Tabela 1.

230 Tabela 2. Estimativa dos efeitos diretos e indiretos de características do grão sobre a capacidade
 231 de expansão (CE) em milho-pipoca.

Efeito	CG	LG	EG	DG	MG
Direto sobre CE	0,03	-0,34	-0,39	0,012	0,11
Indireto via CG		0,018	0,006	0,005	0,02
Indireto via LG	-0,20		-0,15	0,219	-0,29
Indireto via EG	-0,08	-0,16		0,105	-0,22
Indireto via DG	0,002	-0,007	-0,003		-0,005
Indireto via MG	0,65	0,09	0,064	-0,05	
Total	-0,19	-0,41	-0,47	0,29	-0,38
R ²	0,28				
Efeito Residual	0,84				

CE: capacidade de expansão; CG: comprimento do grão; LG: largura do grão; EG: espessura do grão; DG: diâmetro do grão; MG: produtividade de grãos.

232

233 O maior efeito total sobre a CE foi observado para EG no valor de -0,47, no entanto,
 234 desse valor, -0,15 é representado por LG de forma indireta. O segundo maior efeito total foi
 235 observado para LG de -0,41, onde EG contribuiu com a maior parte no valor de -0,16. Esses
 236 resultados reforçam que a CE sofre grande influência do formato do grão e que o incremento
 237 nessas dimensões pode influenciar negativamente a CE da pipoca. O efeito total da MG sobre
 238 a CE foi de -0,38 e o efeito direto positivo de 0,11. Nesse caso, o estudo da análise de trilha
 239 indica uma relação complexa bastante pronunciada entre MG e CE, onde tem-se que a
 240 correlação negativa existente entre MG e CE se deve aos efeitos indiretos das dimensões dos
 241 grãos, principalmente LG e EG. No entanto, quando as três dimensões (CG, LG e EG) são
 242 transformadas em DG, observa-se um efeito total e direto positivo sobre a CE. Esses resultados
 243 sugerem que a variável DG seja utilizada para seleção indireta objetivando ganhos na variável
 244 CE. O efeito residual foi de 0,84 revelando que, determinada correlação na análise de trilha,
 245 para ter relevância do ponto de vista estatístico e genético, necessitaria ser maior que o valor
 246 residual de 0,84 (Souza 2013).

As associações entre as características avaliadas por meio da RB podem ser visualizadas com a utilização da DAG (Figura 2). Nesse estudo, a RB foi utilizada somente no contexto de visualização da relação entre as características do grão do milho-pipoca, permitindo aferir sobre a relação de dependência das variáveis estudadas.

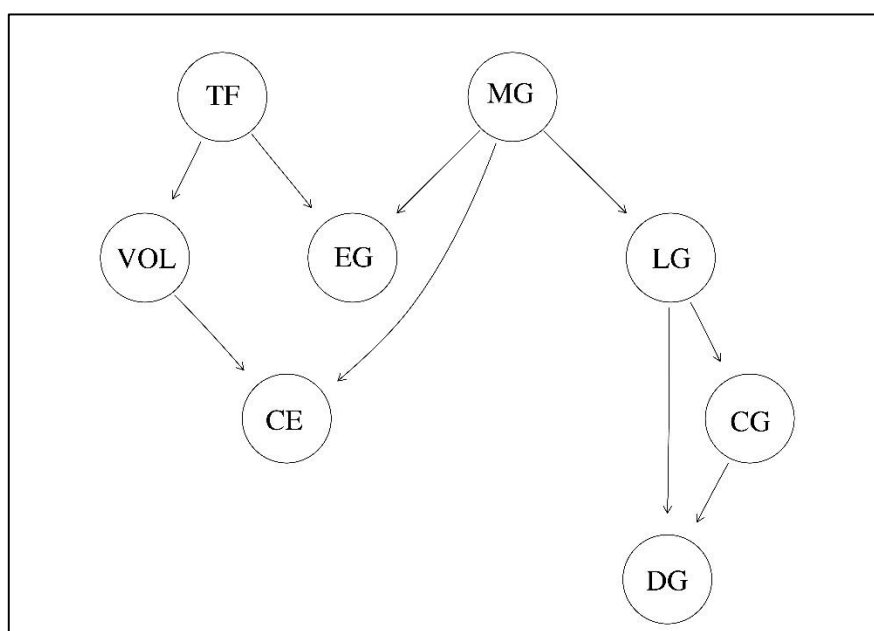


Figura 2. Rede bayseana formada entre as características do grão do milho-pipoca: largura do grão (LG), comprimento do grão (CG), diâmetro do grão (DG), volume de expansão (VOL), tamanho do floco (TF), espessura do grão (EG), massa de 50 grãos (MG) e capacidade de expansão (CE).

Na rede bayesiana, as associações são dispostas de tal maneira que pode-se observar a ordem de importância em termos de predição e dependência condicional da associação direta entre as características avaliadas (Felipe et al. 2015). Assim, a DAG revela que apenas a MG e o VOL estão relacionados diretamente com a CE, indicando que esta depende da massa do grão

e do volume estourado da pipoca. Sabe-se que essa relação existe, pois, a CE é determinada pela relação entre essas duas características.

Segundo Yu et al. (2004), as redes bayesianas podem ser usadas para demonstração do fenômeno biológico em dados experimentais. Assim, as dimensões medidas nos grãos como largura, comprimento, espessura e diâmetro não estão diretamente relacionadas com a CE e não precisam ser utilizadas em modelos de predição (Figura 2). É importante observar que, dentre as dimensões medidas no grão, apenas a EG pode influenciar o tamanho da pipoca, representado por TF e tendo em vista que o volume da pipoca depende exclusivamente do TF e, com base nos resultados presentes nas análises de regressão, o incremento na espessura do grão pode levar a obtenção de genótipos com baixos valores de CE.

Não há relação direta ou indireta entre o CG e DG com a CE segundo o DAG. Observa-se também que a EG e o LG possuem associação direta com MG e com o formato do grão e podem influenciar de maneira indireta a CE. Esses resultados corroboram com a análise de trilha (Tabela 2) e com os resultados apresentados por Cabral et al. (2016) utilizando análise de correlação e trilha.

Apesar de terem sido observadas algumas divergências entre as análises, a utilização dessas estratégias de forma combinada pode aumentar a eficiência de seleção de variáveis, visando o aumento da CE em programas de melhoramento do milho-pipoca.

CONCLUSÕES

Há correlação genética negativa significativa entre a capacidade de expansão e a largura e espessura do grão. As correlações existentes entre a massa de 50 grãos com a capacidade de expansão são devidas aos efeitos indiretos da largura com a espessura do grão.

A espessura, largura, comprimento e diâmetro do grão não possuem associação direta com a capacidade de expansão de acordo com a RB.

Sugerimos a utilização da rede bayesiana, em conjunto com a análise de trilha para auxiliar no processo de seleção e avaliação de características em programas de melhoramento do milho-pipoca.

REFERÊNCIAS

CABRAL, P. D. S. et al. Relação de causa e efeito de caracteres quantitativos sobre a capacidade de expansão do grão em milho-pipoca. *Revista Ciência Agronômica*, v. 47, n. 1, p. 108-117, 2016.

CARPENTIERI-PÍPOLO, V. et al . Correlações entre caracteres quantitativos em milho pipoca. *Horticultura Brasileira*, v. 20, n. 4, p. 551-554, 2002.

CRUZ, C. D. Genes: a software package for analysis in experimental statistics and quantitative genetics. *Acta Scientiarum Agronomy*, v. 35, n. 3, p. 271-276, 2013.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético. 4. ed. Viçosa: UFV, 2012. 514 p.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J. Modelos Biométricos aplicados ao Melhoramento Genético. 2. ed. Viçosa: UFV, 1997. 390p.

COIMBRA, J. L. M. et al. Consequências da multicolinearidade sobre a análise de trilha em canola. *Ciência Rural*, v. 35, n. 2, p. 347-352, 2005.

DAROS, M. et al. Correlations among agronomic traits in two recurrent selection cycles in popcorn. *Ciência Rural*, v. 34, n. 5, p. 1389-1394, 2004.

- 308 FELIPE, V. P. et al. Using multiple regression, Bayesian networks and artificial neural
 309 networks for prediction of total egg production in European quails based on earlier expressed
 310 phenotypes. *Poultry science*, v. 94, n. 4, p. 772-780, 2015.
- 311 LYERLY, P. J. Genetic and morphologic characters affecting the popping expansion of
 312 popcorn. *Journal American Society of Agronomy*, v. 34, p. 986-995, 1942.
- 313 MARGARITIS, D. Learning Bayesian network model structure from data. 2002. 126 f. (PhD)-
 314 School of Computer Science, Carnegie Mellon University, Pittsburgh, 2003.
- 315 MARQUES, R. L.; DUTRA, I. N. Ê. S. Redes Bayesianas: o que são, para que servem,
 316 algoritmos e exemplos de aplicações. Rio de Janeiro: Coppe Sistemas; UFRJ, 2002.
- 317 MOHSENIN, N. N. Physical properties of plant and animal materials: structure, physical
 318 characteristics and mechanical properties . New York : Gordon and Breach Science Publishers,
 319 1970. 742p.
- 320 PORDESIMO, L. et al. Physical properties as indicators of popping characteristics of
 321 microwave popcorn. *Journal of Food Science*, v. 55, n. 5, p. 1352-1355, sept. 1990.
- 322 RIBEIRO, R. M. et al . Effect of recurrent selection on the variability of the UENF-14 popcorn
 323 population. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, v. 16, n. 2, p. 123-131, 2016.
- 324 SOYLU, S.; TEKKANAT, A. Interactions amongst kernel properties and expansion volume in
 325 various popcorn genotypes. *Journal of food engineering*, v. 80, n. 1, p. 336-341, 2007.
- 326 TSAMARDINOS, I.; BROWN, L. E.; ALIFERIS, C. F. The max-min hill-climbing Bayesian
 327 network structure learning algorithm. *Machine Learning*. v. 65, p. 31-78, 2006.
- 328 VENCOVSKY, R.; BARRIGA, P. Genética biométrica no fitomelhoramento. Ribeirão Preto:
 329 Sociedade Brasileira de Genética, 1992. 496 p.

330 YU, J. et al. Advances to Bayesian network inference for generating causal networks from
331 observational biological data. *Bioinformatics*, v. 20, n. 18, p. 3594-3603, 2004.

332