



Acta Scientiarum. Agronomy

ISSN: 1679-9275

eduem@uem.br

Universidade Estadual de Maringá

Brasil

Arnhold, Emmanuel; Gonçalves Silvac, Ricardo; Soriano Viana, José Marcelo
Seleção de linhagens S5 de milho-pipoca com base em desempenho e divergência genética

Acta Scientiarum. Agronomy, vol. 32, núm. 2, 2010, pp. 279-283

Universidade Estadual de Maringá

Maringá, Brasil

Disponível em: <http://www.redalyc.org/articulo.oa?id=303026591022>

- Como citar este artigo
- Número completo
- Mais artigos
- Home da revista no Redalyc

redalyc.org

Sistema de Informação Científica

Rede de Revistas Científicas da América Latina, Caribe , Espanha e Portugal
Projeto acadêmico sem fins lucrativos desenvolvido no âmbito da iniciativa Acesso Aberto

Seleção de linhagens S₅ de milho-pipoca com base em desempenho e divergência genética

Emmanuel Arnhold^{1*}, Ricardo Gonçalves Silva¹ e José Marcelo Soriano Viana²

¹Centro de Ciências Agrárias e Ambientais, Universidade Federal do Maranhão, BR 222, Cx. Postal 9, 65550-000, Chapadinha, Maranhão, Brasil. ²Departamento de Biologia Geral, Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, Minas Gerais, Brasil. *Autor para correspondência. E-mail: earnhold@pq.cnpq.br

RESUMO. O objetivo deste trabalho foi selecionar famílias S₅ de milho-pipoca com base na divergência genética e no desempenho *per se*. Foram avaliadas 144 famílias S₅, obtidas da população Beija-flor. O experimento foi instalado em Viçosa, na safra 2002/2003, no delineamento em blocos aumentados, com as testemunhas IAC 112 e Zélia, intercaladas a cada dez famílias. A divergência genética foi predita pelo método de otimização de Tocher, utilizando a distância generalizada de Mahalanobis. Foram formados 23 grupos. Dentro de cada grupo, estipularam-se pontos de corte para índice de prolifidade (≥ 1), peso de 100 grãos (≤ 15 g) e rendimento de grãos ($\geq 1.000 \text{ kg ha}^{-1}$). As famílias restantes dentro de cada grupo foram selecionadas em capacidade de expansão. Assim, foram selecionadas 23 famílias, que podem ser utilizadas no melhoramento populacional na formação de sintéticos, ou em futuros cruzamentos. A seleção de famílias com base na diversidade genética e em desempenho *per se* foi eficiente, sendo possível selecionar famílias divergentes e, em geral, com excelentes características agronômicas, como capacidade de expansão média de 30,67 mL g⁻¹ e produtividade média de 1.897,69 kg ha⁻¹.

Palavras-chave: *Zea mays*, Tocher, Mahalanobis, agrupamento.

ABSTRACT. Selection of popcorn s₅ inbred lines based on performance and genetic divergence. The objective of this work was to select S₅ families of popcorn based on their genetic divergence and performance. The study evaluated 144 S₅ families, obtained from the Beija-flor population. The experiment was conducted in Viçosa, during the 2002/2003 crop season, in an augmented block design, with the controls IAC 112 and Zélia inserted every 10 families. The genetic divergence was predicted using Tocher's optimization method, based on the Mahalanobis distance. Twenty-three groups were formed. Within each group formed, points were prescribed for cutting prolificity index (≥ 1), weight of a hundred grains (≤ 15) and yield ($\geq 1,000 \text{ kg ha}^{-1}$). Twenty-three families were selected for popping expansion, which can be used in population breeding to synthesize synthetic varieties, or advancing the breeding process for subsequent hybrid crosses. The selection of families based on their genetic diversity and performance was quite efficient. Different families with excellent agronomic characteristics, as popping expansion average of 30.67 mL g⁻¹ and yield of 1,897.69 kg ha⁻¹, were selected.

Key words: *Zea mays*, Tocher, Mahalanobis, grouping.

Introdução

Na obtenção de linhagens de milho, além da capacidade combinatória, avaliada geralmente em *topcross* e dialelos, deve-se considerar também a performance *per se* das mesmas. Segundo Ziegler e Ashman (1994) e Fornasieri Filho (2007), um fator que pode afetar a escolha do tipo de híbrido de milho-pipoca é o desempenho agronômico inferior de suas linhagens, especialmente na produtividade de sementes. Portanto, a seleção *per se* na produtividade das linhagens é fundamental para menor custo da semente comercializada.

Outra característica a considerar é o valor *per se* das linhagens de milho-pipoca quanto à capacidade de expansão, pois este é o principal parâmetro de qualidade do milho-pipoca. A seleção de famílias endogâmicas ou linhagens de milho-pipoca com maiores valores de capacidade de expansão é justificada pela predominância de efeitos gênicos aditivos no controle deste caráter (PEREIRA; AMARAL JÚNIOR, 2001; SIMON et al., 2004; SCAPIM et al., 2006). A capacidade de expansão também apresenta dominância positiva e negativa (SCAPIM et al., 2002), dificultando a exploração da heterose.

Lyerly (1942) comenta que, em processo de melhoramento no qual se deseja obter híbridos de milho-pipoca, deve-se praticar seleção com base em capacidade de expansão na fase de obtenção de linhagens, pois, em geral, cruzamentos entre linhagens de alta capacidade de expansão tendem a produzir híbridos de melhor qualidade.

Além da seleção no desempenho *per se* e com base no *topcross* ou em dialelos, as linhagens também podem ser selecionadas por meio de análises de divergência genética, utilizando técnicas multivariadas na avaliação da distância genética. A variabilidade genética é essencial para o sucesso de um programa de melhoramento (VILELA et al., 2008) e, quanto maior a divergência genética entre os genótipos, maior é a heterose (MELCHINGER, 1999). Segundo Cruz e Carneiro (2006), a análise de diversidade genética possibilita a identificação de genitores adequados à obtenção de híbridos com maior efeito heterótico.

Na predição da divergência genética, vários métodos multivariados podem ser aplicados, como os métodos aglomerativos, que dependem das medidas de similaridade estimadas previamente, e os métodos de dispersão gráfica, como o método dos componentes principais e da análise canônica (CRUZ et al., 2004).

As linhagens podem ser aproveitadas com sucesso não somente no desenvolvimento de híbridos, mas também no melhoramento populacional, com variedades sintéticas (PATERNIANI; CAMPOS, 1999). Neste caso, o desempenho *per se* e a distância genética também podem ser utilizados em conjunto na seleção do grupo de linhagens a serem combinadas na formação destas variedades.

Assim, este trabalho teve o objetivo de selecionar famílias S₅ de milho-pipoca, com base na divergência genética e no desempenho *per se*, visando à formação de um sintético e à redução do número de famílias a serem avaliadas em futuros cruzamentos.

Material e métodos

Foram avaliadas 144 famílias S₅, obtidas da população de milho-pipoca Beija-flor, de grãos de coloração amarela e formato pérola. O experimento foi instalado em Viçosa, Estado de Minas Gerais, na safra 2002/2003, no delineamento de blocos aumentados, com as testemunhas IAC 112 e Zélia, intercaladas a cada dez famílias. Cada parcela correspondeu a uma fileira de 5 m, com 30 plantas após desbaste, e o espaçamento entre fileiras foi de 0,9 m, equivalendo à densidade aproximada de 66.666 plantas por hectare. As duas fileiras iniciais e

finais foram também das testemunhas, definindo estratos de dez famílias.

O experimento foi instalado em lote isolado no tempo e as plantas das testemunhas foram despendoadas, garantindo a recombinação apenas entre famílias. Foram autofecundadas dez plantas em cada família. As características analisadas por parcela foram alturas médias de planta (AP) e espiga (AE), em metros, índice de prolificidade (IP), massa de 100 grãos (PCG), em grama, rendimento de grãos (RG), em kg ha⁻¹, e capacidade de expansão (CE), em mL g⁻¹.

Os dados referentes às pesagens de grãos foram corrigidos para umidade-padrão de 14,5%, em base úmida. O rendimento de grãos foi corrigido para estande de 30 plantas por parcela, utilizando-se o método da covariância, segundo metodologia apresentada em Cruz e Carneiro (2006).

Na determinação da capacidade de expansão foram retiradas amostras de 30 g de grãos de cada parcela. Para o pipocamento foi utilizada uma pipoqueira de ar quente com 1.200 watts de potência. O sistema empregado consiste em colocar os grãos no recipiente da pipoqueira quando a temperatura atingir 100°C.

A divergência genética foi predita utilizando o Método de Otimização de Tocher, seguindo o critério de que a variância entre os genótipos não poderia ser maior dentro dos grupos do que entre os grupos, conforme descrito em Cruz e Carneiro (2006) e Cruz et al. (2004). A medida de dissimilaridade utilizada no agrupamento foi a Distância Generalizada de Mahalanobis. A importância dos caracteres para a diversidade foi avaliada pelos elementos dos autovalores, com a análise das variáveis canônicas.

As análises de variância, bem como todas as análises multivariadas, foram realizadas utilizando-se o programa estatístico GENES (CRUZ, 2001).

Após a formação dos grupos, com base na divergência genética, selecionou-se apenas uma família S₅ em cada grupo. O critério para seleção *per se* dentro de cada grupo formado foi seleção em capacidade de expansão, em famílias com índice de prolificidade igual ou acima de 1, massa de 100 grãos menor ou igual a 15 g e rendimento de grãos igual ou acima de 1.000 kg ha⁻¹. Caso todas as famílias de um determinado grupo estivessem fora dos padrões estipulados para uma dada característica, a característica em questão foi desconsiderada na seleção. Desta forma, procurou-se descartar famílias de desempenho agronômico inferior dentro de um mesmo grupo, reduzindo o número de linhagens a serem avaliadas em futuros cruzamentos, de forma semelhante à formação de uma coleção nuclear.

Resultados e discussão

Na análise de variância, detectou-se variabilidade genética significativa, pelo teste F, em nível de 5% de probabilidade, considerando altura de plantas, peso de 100 grãos, rendimento de grãos e capacidade de expansão (Tabela 1). Para altura de espiga e índice de prolificidade, apesar de não ter ocorrido significância em nível de 5%, pode-se considerar que, provavelmente, existe variabilidade, pelos reduzidos valores do P-value estimados (abaixo de 0,13). Os coeficientes de variação de altura de plantas, altura de espigas e massa de 100 grãos foram de, respectivamente, 7,7, 12,2 e 7,0%. São valores considerados médios, segundo a classificação de Scapim et al. (1995). Os coeficientes de índice de prolificidade e rendimento de grãos foram de, respectivamente, 29,4 e 35,7%. Estes valores são considerados altos por Scapim et al. (1995). Para capacidade de expansão, o coeficiente de variação foi de 9,4%. Este valor pode ser considerado adequado, considerando outros trabalhos com milho-pipoca (SCAPIM et al., 2002; MIRANDA et al., 2003; VON PINHO et al., 2003; SIMON et al., 2004; CARPENTIERI-PIPOLO et al., 2005; SEIFERT et al., 2006; ARNHOLD; VIANA, 2007).

As famílias apresentaram, em média, produtividade satisfatória ($1.791,39 \text{ kg ha}^{-1}$) considerando que são famílias S_5 de milho-pipoca (Tabela 1). Em relação à qualidade, as famílias apresentaram elevados valores de capacidade de expansão (médias ajustadas), chegando a valores próximos de 45 mL g^{-1} . A média foi de $30,29 \text{ mL g}^{-1}$; 55,55% das famílias apresentaram capacidade de expansão acima de 30 mL g^{-1} , e 14% apresentaram capacidade de expansão acima de 35 mL g^{-1} . Em comparação às testemunhas, que são híbridos comerciais, 8% das famílias se apresentaram superiores em qualidade.

Média elevada em capacidade de expansão é muito importante pela heterose bidirecional e, em geral, de baixa magnitude encontrada para esta variável (SCAPIM et al., 2002). Assim, espera-se que híbridos de elevada qualidade sejam derivados de linhagens com capacidade de expansão elevada (LYERLY, 1942). Este fato é corroborado por estudos que demonstraram predominância dos efeitos gênicos aditivos em capacidade de expansão (PEREIRA; AMARAL JUNIOR, 2001; SIMON et al., 2004; SCAPIM et al., 2006).

Tabela 1. Quadrados médios ajustados (QM), P-value, coeficientes de variação (CV %), médias ajustadas e importância relativa para a diversidade (IRC %) de seis caracteres avaliados em 144 famílias S_5 de milho-pipoca.

Caracteres	QM	P-value	CV (%)	Médias	IRC (%)
Altura de plantas (m)	0,0534	0,03	7,7	1,90	18,88
Altura de espigas (m)	0,0256	0,13	12,2	1,01	6,97
Massa de 100 grãos (g)	2,0092	0,05	7,0	13,62	18,09
Índice de prolificidade	0,1477	0,12	29,4	1,00	13,97
Rendimento de grãos (kg ha^{-1})	1.711.672,1476	0,02	35,7	1.791,39	13,44
Capacidade de expansão (mL g^{-1})	30,9192	0,01	9,4	30,29	28,65

Na análise da importância de caracteres para a diversidade, por meio de variáveis canônicas, observa-se (Tabela 1) que as variáveis foram igualmente importantes na classificação das famílias. Segundo Cruz et al. (2004), a análise das variáveis canônicas permite o descarte daquelas características que pouco contribuíram para a variabilidade genética entre os genótipos avaliados, possibilitando economia de tempo, mão-de-obra e recursos financeiros em futuros estudos. Neste caso, pode-se descartar apenas a variável altura de espiga, cuja importância foi de 6,97%. Rendimento de grãos, índice de prolificidade, massa de 100 grãos, altura de plantas e capacidade de expansão apresentaram importância relativa de, respectivamente, 13,44; 13,97; 18,09; 18,88 e 28,65%. No total, estas cinco características somam 93,03%.

No trabalho de Miranda et al. (2003), em análise de divergência genética em populações de polinização aberta e híbridos de milho-pipoca, apenas duas variáveis foram necessárias para representar 96,56% da variância genética.

As características dispensáveis em estudos de divergência genética são aquelas com poucas variações entre as cultivares ou redundantes por estarem correlacionadas com outras características, como altura de plantas e de espigas (CRUZ et al., 2004). Portanto, é desnecessária a utilização de altura de plantas e espigas juntas em análises de diversidade genética, pois são características redundantes por serem altamente correlacionadas (COIMBRA et al., 2001). Neste experimento, a correlação genética entre altura de plantas e espiga foi de 0,98.

A análise de agrupamento dividiu as 144 famílias, Zélia e IAC 112 em 23 grupos geneticamente dissimilares, e Zélia e IAC 112 ficaram no mesmo grupo (Tabela 2). Nota-se que alguns grupos foram formados por apenas uma família. Nestes casos, não foi realizada seleção dentro do grupo. Outros grupos (como é o caso dos Grupos 1, 2 e 3) foram bastante numerosos, sendo a pressão de seleção maior nestes casos. Estes grupos têm em comum elevada produtividade média (acima de 1.800 kg ha^{-1}) e elevada capacidade de expansão média (acima de 30 mL g^{-1}). Este fato ocorreu pela seleção com base nas duas variáveis durante o processo de autofecundação, o que deve ter selecionado famílias com conjuntos gênicos semelhantes.

Tabela 2. Número de famílias por grupo e suas médias para altura de plantas (AP, m), índice de prolificidade (IP), massa de 100 grãos (MCG, g), rendimento de grãos (RG, kg ha⁻¹) e capacidade de expansão (CE, mL g⁻¹).

Grupo	Número de famílias	Médias				
		AP	IP	MCG	RG	CE
1	52	1,96	0,88	13,87	1878,71	30,10
2	25	2,08	0,92	13,49	1834,36	33,72
3	11; IAC 112; Zélia	1,65	0,94	12,91	2101,86	33,59
4	7	1,95	0,94	11,75	1432,21	30,00
5	7	2,02	0,83	14,91	1945,70	28,28
6	10	1,81	1,08	13,86	2071,84	27,25
7	6	1,68	0,70	14,25	1434,09	27,78
8	2	2,00	1,04	14,85	1620,47	42,34
9	2	1,90	1,24	16,10	2131,60	22,34
10	4	1,60	0,79	13,10	1663,50	30,83
11	2	1,55	0,77	13,65	1533,96	21,92
12	2	1,85	0,42	10,68	1227,49	28,34
13	2	1,98	0,95	17,34	1842,16	26,67
14	2	1,83	0,54	15,17	1246,68	20,34
15	2	1,48	1,26	10,36	1823,03	32,00
16	1	1,45	1,00	9,75	1806,58	28,00
17	1	1,30	1,22	12,35	1733,03	28,00
18	1	1,50	1,20	13,08	1910,56	32,67
19	1	1,95	0,83	10,45	1026,10	31,33
20	1	2,00	1,09	12,93	2193,55	16,67
21	1	1,90	1,28	15,22	2458,33	39,33
22	1	2,00	0,84	15,64	1231,49	20,00
23	1	2,20	0,39	14,38	1248,96	37,33
Média Geral		1,81	0,92	13,48	1712,88	29,08

Pode-se observar (Tabela 3) que IAC 112 e Zélia possuem características fenotípicas de magnitude semelhante que, provavelmente, foram conferidas por genes semelhantes. Em Miranda et al. (2003), o agrupamento de Tocher não classificou Zélia e IAC 112 no mesmo grupo. Este fato pode ter ocorrido pelas diferenças de genótipos avaliados e por serem utilizadas apenas duas variáveis na análise multivariada.

Segundo Hallauer e Miranda Filho (1981), devem-se preferir cruzamentos entre populações ou genitores que apresentem altas médias e divergência ampla nas características de interesse. No entanto, Miranda et al. (2003) comentam que, se houver a necessidade de optar entre um genitor com média de produtividade intermediária e ampla diversidade, ou outro com alta produtividade e diversidade intermediária, deve-se preferir esta última. Portanto, o potencial das famílias S₅ para cruzamento e formação do sintético também foi determinado pelas médias das características agronômicas mais importantes, juntamente com a posição das cultivares em diferentes grupos obtidos da divergência genética.

Na Tabela 3, observam-se as 23 famílias com melhores características agronômicas e comerciais que representam cada um dos 23 grupos formados. Nota-se que em alguns grupos a família selecionada está fora dos padrões estipulados para uma ou mais características, por nenhuma família do grupo atender aos padrões estabelecidos. E também deve-se considerar que alguns grupos foram formados por apenas uma família. Como alguns grupos foram muito

numerosos (Tabela 2), pode-se optar por selecionar mais de uma família em grupos nos quais existe grande número de famílias com caracteres desejáveis. Ainda, eliminar famílias muito ruins, como as famílias dos Grupos 11, 14, 20 e 22, que possuem baixa capacidade de expansão (Tabela 3). Neste caso, a ênfase no desempenho *per se* seria maior, elevando a média de características importantes como capacidade de expansão e rendimento de grãos.

Tabela 3. Médias de altura de plantas (AP, m), índice de prolificidade (IP), massa de 100 grãos (MCG, g), rendimento de grãos (RG, kg ha⁻¹) e capacidade de expansão (CE, mL g⁻¹) para as famílias selecionadas em cada grupo, juntamente com as médias de Zélia e IAC 112.

Grupo	Genótipo Selecionado	AP	IP	MCG	RG	CE
1	02-589-3	1,80	1,05	13,52	1894,49	36,67
2	02-557-4	2,15	1,03	13,27	3108,27	39,33
3	02-454-2	2,00	1,81	14,00	3820,84	36,00
	Zélia	1,91	1,54	14,49	4333,40	37,99
	IAC 112	2,04	1,42	14,59	4665,95	37,29
4	02-506-1	2,10	1,13	12,44	1427,04	34,67
5	02-569-2	1,80	1,16	14,53	2110,36	33,33
6	02-539-1	1,50	1,05	14,40	1642,76	32,67
7	02-572-1	1,60	0,88	14,57	1878,43	29,33
8	02-542-2	2,05	1,14	14,82	1635,72	40,00
9	02-446-1	1,95	1,47	17,10	2661,81	24,67
10	02-518-3	1,60	0,76	12,20	1368,30	32,67
11	02-565-1	1,60	1,00	13,69	1744,87	21,33
12	02-464-1	1,60	0,31	10,45	1201,42	30,00
13	02-584-1	2,05	1,00	18,79	2486,46	26,67
14	02-565-2	1,70	0,38	14,53	1254,50	20,00
15	02-465-1	1,50	1,43	10,65	1802,90	34,67
16	02-574-2	1,45	1,00	9,75	1806,58	28,00
17	02-442-3	1,30	1,22	12,35	1733,03	28,00
18	02-442-1	1,50	1,20	13,08	1910,56	32,67
19	02-437-1	1,95	0,83	10,45	1026,10	31,33
20	02-490-1	2,00	1,09	12,93	2193,55	16,67
21	02-487-2	1,90	1,28	15,22	2458,33	39,33
22	02-439-2	2,00	0,84	15,64	1231,49	20,00
23	02-501-1	2,20	0,39	14,38	1248,96	37,33

Enfim, mesmo optando pela máxima divergência em detrimento da maior ênfase no desempenho *per se*, a capacidade de expansão média no grupo de famílias selecionadas foi de 30,67 mL g⁻¹, e a produtividade média foi de 1.897,69 kg ha⁻¹. Estas médias são bastante elevadas para estes caracteres em milho-pipoca, considerando que são famílias endogâmicas.

Conclusão

A seleção de famílias com base na diversidade genética e em desempenho *per se* foi eficiente, pois foi possível selecionar famílias divergentes e, em geral, com excelentes médias para as principais características agronômicas do milho-pipoca.

Agradecimentos

Os autores agradecem o suporte financeiro ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico - CNPq, à Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior - Capes e à Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de Minas Gerais - Fapemig.

Referências

- ARNHOLD, E.; VIANA, J. M. S. Eficiência da seleção dentro de famílias S₄ de milho-pipoca, visando a obtenção de linhagens. *Revista Ceres*, v. 54, n. 2, p. 107-111, 2007.
- CARPENTIERI-PIPOLO, V. P.; RINALDI, D. A.; LIMA, V. E. M. Adaptabilidade e estabilidade de populações de milho-pipoca. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, v. 40, n. 1, p. 87-90, 2005.
- COIMBRA, R. R.; MIRANDA, G. V.; VIANA, J. M. S.; CRUZ, C. D. Correlações entre caracteres na população de milho-pipoca DFT-1 Ribeirão. *Revista Ceres*, v. 48, n. 4, p. 427-435, 2001.
- CRUZ, C. D. **Programa genes**: aplicativo computacional em genética e estatística. Viçosa: UFV, 2001.
- CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 3. ed. Viçosa: UFV, 2004. v. 1.
- CRUZ, C. D.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 2. ed. Viçosa: UFV, 2006. v. 2.
- FORNASIERI FILHO, D. **Manual da cultura do milho**. Jaboticabal: Funep, 2007.
- HALLAUER, A. R.; MIRANDA FILHO, J. B. **Quantitative genetics in maize breeding**. Ames: Iowa State University, 1981.
- LYERLY, P. J. Some genetic and morphological characters affecting the popping expansion of popcorn. *Journal of the American Society of Agronomy*, v. 34, n. 2, p. 986-999, 1942.
- MELCHINGER, A. E. Genetic diversity and heterosis. In: COORS, J. G.; PANDEY, S. (Ed.). **The genetics and exploitation of heterosis in crops**. Madison: Crop Science of America, 1999. p. 99-118.
- MIRANDA, G. V.; COIMBRA, R. R.; GODOY, C. L.; SOUZA, L. V.; GUIMARÃES, L. J. M.; MELO, A. V. Potencial de melhoramento e divergência genética de cultivares de milho-pipoca. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, v. 38, n. 6, p. 681-688, 2003.
- PATERNANI, E.; CAMPOS, M. S. Melhoramento do milho. In: BORÉM, A. (Ed.). **Melhoramento de espécies cultivadas**. Viçosa: UFV, 1999. p. 429-485.
- PEREIRA, M. G.; AMARAL JÚNIOR, A. T. Estimation of genetic components in popcorn base on the nested design. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, v. 1, n. 1, p. 3-10, 2001.
- SCAPIM, C. A.; BRACCINI, A. L.; PINTO, R. J. B.; AMARAL JÚNIOR, A. T.; RODOVALHO, M. A.; SILVA, R. M.; MOTERLE, L. M. Componentes genéticos de médias e depressão por endogamia em populações de milho-pipoca. *Ciência Rural*, v. 36, n. 1, p. 36-41, 2006.
- SCAPIM, C. A.; CARVALHO, C. G. P.; CRUZ, C. D. Uma proposta de classificação dos coeficientes de variação para a cultura do milho. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, v. 30, n. 5, p. 683-86, 1995.
- SCAPIM, C. A.; PACHECO, C. A. P.; TONET, A.; BRACCINI, A. L.; PINTO, R. J. B. Análise dialélica e heterose de populações de milho-pipoca. *Bragantia*, v. 61, n. 3, p. 219-230, 2002.
- SEIFERT, A. L.; CARPENTIERI-PIPOLO, V.; FERREIRA, J. M.; GERAGE, A. C. Análise combinatória de populações de milho pipoca em topcrosses. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, v. 41, n. 5, p. 771-778, 2006.
- SIMON, G. A.; SCAPIM, C. A.; PACHECO, C. A. P.; PINTO, R. J. B.; BRACCINI, A. L.; TONET, A. Depressão por endogamia em populações de milho-pipoca. *Bragantia*, v. 63, n. 1, p. 55-62, 2004.
- VILELA, F. O.; AMARAL JÚNIOR, A. T.; PEREIRA, M. G.; SCAPIM, C. A.; VIANA, A. P.; FREITAS JÚNIOR, A. P. Effect of recurrent selection on the genetic variability of the UNB-2U popcorn population using RAPD markers. *Acta Scientiarum. Agronomy*, v. 30, n. 1, p. 25-30, 2008.
- VON PINHO, R. G.; BRUGNERA, A.; PACHECO, C. A. P.; GOMES, M. S. Estabilidade de cultivares de milho-pipoca em diferentes ambientes, no Estado de Minas Gerais. *Revista Brasileira de Milho e Sorgo*, v. 2, n. 1, p. 53-61, 2003.
- ZIEGLER, K. E.; ASHMAN, B. Popcorn. In: HALLAUER, A. R. (Ed.). **Specialty corns**. Iowa: CRC Press, 1994. cap.7. p. 189-223.

Received on June 13, 2008.

Accepted on September 20, 2008.