

Eficiências relativas de métodos de seleção de famílias endogâmicas em milho-pipoca

Emmanuel Arnhold^{1*}, José Marcelo Soriano Viana², Ricardo Gonçalves Silva¹ e Freddy Mora³

¹Centro de Ciências Agrárias e Ambientais, Universidade Federal do Maranhão, BR 222, km 4, 65500-000, Cx. Postal 9, Chapadinha, Maranhão, Brasil. ²Departamento de Biologia Geral, Centro de Ciências Biológicas e da Saúde, Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, Minas Gerais, Brasil. ³Facultad de Ciencias Forestales, Universidad de Concepción, Concepción, Chile.

*Autor para correspondência. E-mail: emmanuelarnhold@yahoo.com.br

RESUMO. Objetivou-se avaliar a eficiência relativa da seleção massal, entre e dentro e de um novo índice de seleção combinada proposto. O índice, baseado na genealogia, foi obtido por: $IC = b_1 P_{S_{n-1}} + b_2 \bar{P}_{FSn}$, em que $P_{S_{n-1}}$ é o valor fenotípico da planta S_{n-1} ; \bar{P}_{FSn} é o valor fenotípico da família S_n descendente da planta S_{n-1} ; b_1 é o peso do valor fenotípico individual; e b_2 é o peso do valor fenotípico de família S_n . Os pesos foram obtidos por derivação, pressupondo que os mesmos minimizam a variância da diferença entre o índice e o valor genético aditivo da planta S_{n-1} . Para comparar os métodos, utilizaram-se famílias e plantas endogâmicas, obtidas da população Viçosa. Fez-se seleção em capacidade de expansão, utilizando os três métodos nas gerações S_1 , S_2 , S_3 e S_4 , e avaliou-se a eficiência dos métodos comparando médias em capacidade de expansão de famílias descendentes de selecionadas por cada método em S_2 , S_3 , S_4 e S_5 . Para comparação de médias, utilizou-se o teste t ao nível de 5% de probabilidade. Concluiu-se que a seleção combinada proposta foi superior à seleção massal e foi, em geral, superior à seleção entre e dentro. A seleção entre e dentro foi, geralmente, superior à seleção massal.

Palavras-chave: seleção combinada, *Zea mays*, capacidade de expansão.

ABSTRACT. Relative efficiencies of selection methods of inbred families in popcorn. The study aimed to evaluate the relative efficiency of mass selection, among, within and of proposed new index of combined selection. The index, based on genealogy, was obtained by: $IC = b_1 P_{S_{n-1}} + b_2 \bar{P}_{FSn}$, where $P_{S_{n-1}}$ is the phenotypic value of the plant S_{n-1} ; \bar{P}_{FSn} is the phenotypic value of the S_n family, descendant of the S_{n-1} plant; b_1 is the weight of the individual phenotypic value, and b_2 it is the weight of the phenotypic value of S_n family. The weights were obtained by derivation, assuming that they minimize the variance of the difference between the index and the value of the plant genetic additive S_{n-1} . To compare the methods, families and inbred plants were used, obtained from the population of Viçosa. A selection was made for popping expansion, using the three methods in S_1 , S_2 , S_3 and S_4 generations, and the efficiency of the methods of comparing averages in popping expansion of descendants of families selected by each method in S_2 , S_3 , S_4 and S_5 was assessed. For comparison of averages, the t-test at 5% of probability was used. It is concluded that the combined selection proposal was superior to the mass selection and was, in general, higher than the selection among and within. The selection among and within was, in general, higher than the mass selection.

Key words: combined selection, *Zea mays*, popping expansion.

Introdução

Uma das grandes contribuições da genética quantitativa é a indicação de estratégias de melhoramento que proporcionem avanços na direção desejada, em relação às características de interesse (CRUZ; CARNEIRO, 2003). Nesse sentido, procurou-se, e ainda procura-se, desenvolver métodos de seleção que sejam mais eficientes em aumentar a

frequência de genes favoráveis, em comparação com métodos 'clássicos', como a seleção massal e a seleção entre e dentro.

Em milho comum, a seleção entre e dentro de famílias tem sido muito utilizada e tem apresentado, em geral, bons resultados (PATERNIANI, 1967; HALLAUER; MIRANDA FILHO, 1988; CARVALHO et al., 1994; 1998; 2000; CARVALHO;

SOUZA, 2007). Em milho-pipoca, tanto a seleção massal como a seleção entre e seleção entre e dentro foram utilizadas com resultados satisfatórios (GRANATE et al., 2002; MATA; VIANA, 2003; VILARINHO et al., 2003; SANTOS et al., 2004; DAROS et al., 2004; PACHECO et al., 2005; SANTOS et al., 2008).

Um método 'alternativo' a esses métodos 'clássicos' é a seleção combinada. Segundo Cruz e Carneiro (2003), seleção combinada é aquela em que se identificam genótipos superiores a partir da informação do indivíduo e de seus aparentados. Neste contexto, Falconer e Mackay (1996) afirmam que o valor genotípico do indivíduo não é a única informação acerca de seu potencial genético e ressaltam a necessidade de se obterem informações adicionais dos valores fenotípicos de parentes. Falconer e Mackay (1996) também afirmam que a seleção combinada deve proporcionar resultados tão bons quanto os obtidos com outros métodos, ou superiores, como a seleção entre famílias, dentro de famílias e individual.

De fato, encontram-se trabalhos científicos na literatura nos quais a seleção combinada supera os demais métodos utilizados como Pires et al. (1996), Costa et al. (2000) e Martins et al. (2005). No entanto, na seleção de famílias S2 de milho-pipoca, comparando a seleção entre, entre e dentro, massal e seleção combinada proposta por Viana e Cruz (1997), Santos et al. (2004) concluíram, após análise dos ganhos realizados, que a seleção entre e dentro foi superior à seleção massal, seleção entre e seleção combinada.

Em milho-pipoca, a seleção combinada pode aumentar a eficiência da seleção na fase de obtenção de linhagens. Nesta fase, a seleção em capacidade de expansão é fundamental, pois, segundo Lyerly (1942), o cruzamento de linhagens com elevada capacidade de expansão, geralmente, produz híbridos de elevada capacidade de expansão. Esse fato ocorre pela predominância de efeitos gênicos aditivos (LYERLY, 1942; PEREIRA; AMARAL JÚNIOR, 2001; SIMON et al., 2004; SCAPIM et al., 2006).

Como a genealogia das famílias endogâmicas é conhecida na fase de obtenção de linhagens, pode ser utilizada para aumentar a eficiência da seleção. No entanto, não existem trabalhos que apresentem índice de seleção combinada para seleção de famílias endogâmicas com base em sua genealogia.

Assim, visando melhorar a eficiência da seleção de famílias endogâmicas em capacidade de expansão, em programas de obtenção de linhagens com milho-pipoca, objetivou-se avaliar a eficiência relativa da

seleção massal, seleção entre e dentro e de um novo índice de seleção combinada com base na genealogia.

Material e métodos

Foram utilizados dados de famílias e plantas endogâmicas nas gerações S₁, S₂, S₃, S₄ e S₅, todas obtidas por autofecundação da população de milho-pipoca Viçosa. Os ensaios de famílias S₁, S₂, S₃, S₄ e S₅ foram instalados em Viçosa, Minas Gerais, respectivamente, nas seguintes safras: 2000/2001, 2001/2002, 2002/2003, 2003/2004 e 2004/2005.

O ensaio de famílias S₁ foi instalado em delineamento inteiramente casualizado. Os demais ensaios de famílias endogâmicas foram delineados em blocos incompletos. Cada parcela correspondeu a uma fileira de 5 m, com 30 plantas, o que equivale a uma densidade de 66.666 plantas por hectare. O espaçamento entre fileiras foi de 0,9 m. Por ocasião do plantio, foram usados 350 kg ha⁻¹ da formulação NPK 4-14-08 e, na adubação de cobertura, foi usado sulfato de amônio, na dosagem de 60 kg ha⁻¹.

Em todos os ensaios, utilizou-se como testemunha a cultivar IAC 112 (híbrido simples), pertencente ao Instituto Agronômico de Campinas. Procurou-se autofecundar pelo menos cinco plantas superiores em desenvolvimento vegetativo dentro de cada família.

Na determinação da capacidade de expansão, foram utilizadas amostras de 30 g de grãos de cada parcela e 10 g de cada planta autofecundada. 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 atinge 100°C.

Em todos os ensaios, realizaram-se análises de variância para detectar variabilidade em nível de 5% de probabilidade. Confirmada a variabilidade, procedeu-se à seleção em capacidade de expansão com intensidade em torno de 30% nas gerações S₁, S₂, S₃ e S₄. A seleção foi realizada por seleção massal, seleção entre e dentro e por um novo método de seleção combinada proposto.

A seleção massal consistiu em selecionar as plantas (autofecundadas) superiores em capacidade de expansão. A seleção entre e dentro consistiu em selecionar famílias e, posteriormente, selecionar as melhores plantas (autofecundadas) dentro das famílias selecionadas. A seleção combinada consistiu em selecionar famílias com base no índice de seleção combinada proposto a seguir e, posteriormente, selecionar as melhores plantas dentro de cada família selecionada.

O índice de seleção combinada proposto é representado matematicamente por:

$$IC = b_1 P_{S_{n-1}} + b_2 \bar{P}_{FSn}$$

em que:

$P_{S_{n-1}}$ é o valor fenotípico da planta S_{n-1} ;

\bar{P}_{FSn} é o valor fenotípico da família S_n , descendente da planta S_{n-1} ;

b_1 é o peso do valor fenotípico individual;

b_2 é o peso do valor fenotípico médio da família.

Os pesos b_1 e b_2 são os que minimizam a variância da diferença entre o índice (I) e o valor genético aditivo da planta $S_{n-1}(A_{S_{n-1}})$. Assim, $V(I - A_{S_{n-1}}) = V(I) + V(A_{S_{n-1}}) - 2Cov(I, A_{S_{n-1}})$. Então:

$$V(I) = b_1^2 \sigma_{PS_{n-1}}^2 + b_2^2 \sigma_{PaS_{n-1}}^2 + 2b_1 b_2 Cov(P_{S_{n-1}}, \bar{P}_{FSn})$$

ou,

$$V(I) = b_1^2 \sigma_{PS_{n-1}}^2 + b_2^2 \sigma_{PaS_{n-1}}^2 + 2b_1 b_2 Cov(G_{S_{n-1}}, \bar{G}_{FSn})$$

em que:

$\sigma_{PS_{n-1}}^2$ é a variância dos valores fenotípicos das plantas S_{n-1} ;

$\sigma_{PaS_{n-1}}^2$ é a variância dos valores fenotípicos das famílias S_n ; e

$Cov(P_{S_{n-1}}, \bar{P}_{FSn}) = Cov(G_{S_{n-1}}, \bar{G}_{FSn})$ é a covariância entre o valor fenotípico de planta S_{n-1} e o valor fenotípico médio de família S_n , que é igual à covariância entre o valor genotípico de planta S_{n-1} ($G_{S_{n-1}}$) e o valor genotípico médio de família S_n (\bar{G}_{FSn}).

O valor genotípico de planta S_{n-1} é dado por:

$$G_{S_{n-1}} = M_{S_n} + A_{S_{n-1}} + D_{S_{n-1}} + 2F_{S_{n-1}} \sum_{i=1}^k p_i q_i d_i$$

O valor genotípico de família S_n é dado por:

$$\bar{G}_{FSn} = M_{S_n} + A_{S_{n-1}} + \bar{D}_{FSn} + 2F_{S_n} \sum_{i=1}^k p_i q_i d_i$$

em que:

M_{S_n} é a média da geração S_n ;

$A_{S_{n-1}}$ é o valor genético aditivo da planta S_{n-1} ;

$D_{S_{n-1}}$ é o valor genético devido à dominância de planta S_{n-1} ;

\bar{D}_{FSn} é o valor genético devido à dominância ao nível de família S_n ;

$F_{S_{n-1}}$ o coeficiente de endogamia da geração S_{n-1} ;

F_{S_n} o coeficiente de endogamia da geração S_n .

Logo, a variância da diferença entre o índice e o valor genético aditivo de planta S_{n-1} é:

$$\begin{aligned} V(I - A_{S_{n-1}}) &= b_1^2 \sigma_{PS_{n-1}}^2 + b_2^2 \sigma_{PaFSn}^2 + 2b_1 b_2 Cov(G_{PS_{n-1}}, \bar{G}_{FSn}) + V(A_{S_{n-1}}) - 2Cov(I, A_{S_{n-1}}) \\ &= b_1^2 \sigma_{PS_{n-1}}^2 + b_2^2 \sigma_{PaFSn}^2 + 2b_1 b_2 (A_{S_{n-1}}) + 2b_1 b_2 Cov(A_{S_{n-1}}, \bar{D}_{FSn}) + 2b_1 b_2 Cov(A_{S_{n-1}}, D_{S_{n-1}}) \\ &\quad + 2b_1 b_2 Cov(\bar{D}_{FSn}, D_{S_{n-1}}) + V(A_{S_{n-1}}) - 2(b_1 + b_2)V(A_{S_{n-1}}) - 2b_1 Cov(A_{S_{n-1}}, D_{S_{n-1}}) \\ &\quad - 2b_2 Cov(A_{S_{n-1}}, \bar{D}_{FSn}) \end{aligned}$$

Derivando e igualando a zero, resulta que:

$$\begin{aligned} \frac{\partial V(I - A_{S_{n-1}})}{\partial b_1} &= 2 \hat{b}_1 \sigma_{PS_{n-1}}^2 + 2 \hat{b}_2 V(A_{S_{n-1}}) \\ &\quad + 2 \hat{b}_2 Cov(A_{S_{n-1}}, \bar{D}_{FSn}) \\ &\quad + 2 \hat{b}_2 Cov(A_{S_{n-1}}, D_{S_{n-1}}) \\ &\quad + 2 \hat{b}_2 Cov(D_{S_{n-1}}, \bar{D}_{FSn}) - 2V(A_{S_{n-1}}) \\ &\quad - 2Cov(A_{S_{n-1}}, D_{S_{n-1}}) = 0 \end{aligned}$$

$$\begin{aligned} \frac{\partial V(I - A_{S_{n-1}})}{\partial b_2} &= 2 \hat{b}_2 \sigma_{PaFSn}^2 + 2 \hat{b}_1 V(A_{S_{n-1}}) \\ &\quad + 2 \hat{b}_1 Cov(A_{S_{n-1}}, \bar{D}_{FSn}) \\ &\quad + 2 \hat{b}_1 Cov(A_{S_{n-1}}, D_{S_{n-1}}) \\ &\quad + 2 \hat{b}_1 Cov(D_{S_{n-1}}, \bar{D}_{FSn}) \\ &\quad - 2V(A_{S_{n-1}}) - 2Cov(A_{S_{n-1}}, \bar{D}_{FSn}) = 0 \end{aligned}$$

Ou ainda:

$$\begin{aligned} &\begin{bmatrix} \sigma_{PS_{n-1}}^2 & Cov(G_{S_{n-1}}, \bar{G}_{FSn}) \\ Cov(G_{S_{n-1}}, \bar{G}_{FSn}) & \sigma_{PaFSn}^2 \end{bmatrix} \\ &\begin{bmatrix} \hat{b}_1 \\ \hat{b}_2 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} 2F_{S_n} \sigma_A^2 + Cov(A_{S_{n-1}}, D_{S_{n-1}}) \\ 2F_{S_n} \sigma_A^2 + Cov(A_{S_{n-1}}, \bar{D}_{FSn}) \end{bmatrix} \end{aligned}$$

Então:

$$\begin{aligned} \begin{bmatrix} \hat{b}_1 \\ \hat{b}_2 \end{bmatrix} &= \frac{1}{\det} \begin{bmatrix} \sigma_{PaFSn}^2 & -Cov(G_{S_{n-1}}, \bar{G}_{FSn}) \\ -Cov(G_{S_{n-1}}, \bar{G}_{FSn}) & \sigma_{PS_{n-1}}^2 \end{bmatrix} \\ &\begin{bmatrix} 2F_{S_n} \sigma_A^2 + \overbrace{\left((2F_{S_n} - 1) 4 \sum_{i=1}^k p_i q_i (p_i - q_i) \alpha_i d_i \right)}^a \\ 2F_{S_n} \sigma_A^2 + \overbrace{\left(\frac{3F_{S_n} - 1}{2} \right) 4 \sum_{i=1}^k p_i q_i (p_i - q_i) \alpha_i d_i }^b \end{bmatrix} \end{aligned}$$

em que:

$$\det = \sigma_{PS_{n-1}}^2 \sigma_{PaFSn}^2 - [Cov(G_{S_{n-1}}, \bar{G}_{FSn})]^2$$

p_i é a frequência do alelo que aumenta a expressão do caráter no loco i ;

q_i é a frequência do alelo que diminui a expressão do caráter no loco i ;

α_i é o efeito médio da substituição gênica no loco i ;

d_i é o desvio entre o valor genotípico do heterozigoto e a média dos valores genotípicos dos homozigotos (desvio de dominância), em relação ao loco i .

Considerando (a) e (b) desprezíveis, resulta que:

$$\begin{bmatrix} \hat{b}_1 \\ \hat{b}_2 \end{bmatrix} = \frac{1}{\sigma_{PSn-1}^2 \sigma_{PaFSn}^2 - [\text{Cov}(G_{Sn-1}, \bar{G}_{FSn})]^2} \begin{bmatrix} \sigma_{PaFSn}^2 - \text{Cov}(G_{Sn-1}, \bar{G}_{FSn}) \\ \sigma_{PSn-1}^2 - \text{Cov}(G_{Sn-1}, \bar{G}_{FSn}) \end{bmatrix}$$

Assim, esses três métodos tiveram sua eficiência comparada pelas médias de suas descendentes em cada geração seguinte à seleção. Portanto, selecionou-se pelos três métodos em S_1 e comparou-se a média da descendência em S_2 . Realizou-se este procedimento até seleção em S_4 e avaliação em S_5 . As médias das descendentes foram comparadas pelo teste t em nível de 5% de probabilidade.

Resultados e discussão

Em todos os ensaios, verificou-se variabilidade genética em relação à capacidade de expansão. Portanto, foi possível praticar seleção visando ao aumento da frequência de genes favoráveis à melhor qualidade da pipoca.

Com a análise da Tabela 1, pode-se verificar que a seleção combinada e a seleção entre e dentro selecionaram plantas cujas médias das descendentes foram equivalentes em capacidade de expansão na geração S_2 e S_3 . No entanto, a qualidade das famílias obtidas por seleção combinada é superior, relativamente à qualidade das famílias obtidas por seleção entre e dentro nas gerações S_4 e S_5 .

Tabela 1. Médias de famílias S_2 , S_3 , S_4 e S_5 de milho-pipoca, obtidas por seleção em capacidade de expansão, utilizando sistematicamente seleção entre e dentro, seleção massal e seleção combinada.

Método de seleção	Médias em capacidade de expansão (mL g ⁻¹)			
	Famílias S_2	Famílias S_3	Famílias S_4	Famílias S_5
Seleção entre e dentro	27,9 b [*]	28,3 bc	28,6 c	27,4 c
Seleção massal	26,8 c	28,1 c	27,8 d	25,7 d
Seleção combinada	27,9 b	28,8 b	29,3 b	28,4 b
Testemunha IAC 112	32,4 a	33,1 a	33,0 a	32,0 a

*Médias seguidas da mesma letra, na coluna, não diferem pelo teste t em nível de 5% de probabilidade.

Comparando a média das famílias selecionadas por seleção combinada e massal, verifica-se (Tabela 1) que a seleção combinada foi mais eficiente nas quatro gerações avaliadas.

Entre a seleção massal e a seleção entre e dentro, pode-se verificar, em geral, superioridade da seleção entre e dentro (Tabela 1). A exceção ocorre em famílias S_3 , em que a diferença encontrada foi muito pequena e não-significativa.

Em Pires et al. (1996), Costa et al. (2000) e Martins et al. (2005), a seleção combinada também supera os demais métodos utilizados. Porém, não convém fazer maiores comparações, pelas diferenças de espécies e métodos de seleção combinada utilizados. Em milho-pipoca, trabalho semelhante é descrito por Santos et al. (2004), na seleção de famílias S_2 . No trabalho em questão, Santos et al.

(2004) encontraram superioridade da seleção entre e dentro em relação à seleção combinada e massal. No entanto, também não se devem fazer maiores comparações, pela diferença do índice de seleção combinada utilizado por Santos et al. (2004) e o índice proposto neste trabalho.

Adotando a média de famílias S_5 obtidas por seleção entre e dentro como 100%, nota-se superioridade em porcentagem de 3,7% da seleção combinada em relação à seleção entre e dentro, considerando a geração S_5 . Entretanto, Falconer e Mackay (1996) ressaltam que, mesmo em situações mais favoráveis, a expectativa é que a superioridade da seleção combinada não exceda 10% do ganho obtido pela seleção entre e dentro.

Outro fato relevante é a diminuição das médias de famílias, exceto quando utilizada a seleção combinada, de S_4 para S_5 (Tabela 1). Esse fato pode ser explicado pela diferença ambiental, pois de S_4 para S_5 também ocorre diminuição da capacidade de expansão do híbrido IAC 112, que é um genótipo mais estável em comparação com famílias endogâmicas. Portanto, não fosse o ambiente desfavorável, o ganho de S_4 para S_5 seria maior.

Por fim, observa-se (Tabela 1) que o híbrido foi superior à média das famílias em todos os ensaios (Tabela 1). No entanto, deve-se considerar que existem famílias selecionadas com valores de capacidade de expansão superior ao IAC 112 e, portanto, promissoras linhagens de elite para a formação de híbridos de milho-pipoca de elevada qualidade.

Conclusão

A seleção combinada proposta foi superior à seleção massal e, em geral, superior à seleção entre e dentro. A seleção entre e dentro foi, geralmente, superior à seleção massal.

Agradecimentos

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, pelo suporte financeiro.

Referências

CARVALHO, H. W. L.; PACHECO, C. A. A. P.; SANTOS, M. X.; GAMA, E. E. G.; MAGNAVACA, R. Três ciclos de seleção entre e dentro de progênies de meios-irmãos na população de milho BR 5028-São Francisco, no Nordeste brasileiro. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, v. 29, n. 11, p. 1727-1733, 1994.

- CARVALHO, H. W. L.; PACHECO, C. A. A. P.; SANTOS, M. X.; GAMA, E. E. G.; MAGNAVACA, R. Três ciclos de seleção entre e dentro de famílias de meios-irmãos na população de milho BR 5011 no Nordeste brasileiro. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 33, n. 5, p. 713-720, 1998.
- CARVALHO, H. W. L.; LEAL, M. L. S.; GUIMARÃES, P. E. O.; SANTOS, M. X.; CARVALHO, P. C. L. Três ciclos de seleção entre e dentro de progênies de meios-irmãos na população de milho CMS-52. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 35, n. 8, p. 1621-1628, 2000.
- CARVALHO, H. W. L.; SOUZA, E. M.; Ciclos de seleção de progênies de meios-irmãos do milho BR 5011 Sertanejo. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 42, n. 6, p. 803-809, 2007.
- COSTA, R. B.; RESENDE, M. D. V.; ARAÚJO, A. J.; GONÇALVES, P. S.; BORTOLETTO, N. Seleção combinada univariada e multivariada aplicada ao melhoramento genético da seringueira. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 35, v. 2, p. 381-388, 2000.
- CRUZ, C. D.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 2. ed. Viçosa: UFV, 2003. v. 2.
- DAROS, M.; AMARAL JÚNIOR, A. T.; PEREIRA, M. G.; SANTOS, F. S.; GABRIEL, A. P. C.; SCAPIM, C. A.; FREITAS JÚNIOR, S. P. Recurrent selection in inbred popcorn families. **Scientia Agricola**, v. 61, n. 6, p. 609-614, 2004.
- FALCONER, D. S.; MACKAY, T. F. **Introduction to quantitative genetics**. Londres: Longman Group, 1996.
- GRANATE, M. J.; CRUZ, C. D.; PACHECO, C. A. P. Predição de ganhos em famílias de meios-irmãos do milho-pipoca CMS 43. **Ciência e Agrotecnologia**, v. 26, n. 6, p. 1228-1235, 2002.
- HALLAUER, A. R.; MIRANDA FILHO, J. B. **Quantitative genetics in maize breeding**. 2. ed. Ames: Iowa State University Press, 1988.
- LYERLY, P. J. Some genetic and morphological characters affecting the popping expansion of popcorn. **Journal of the American Society of Agronomy**, v. 34, p. 986-999, 1942.
- MATTA, F. P.; VIANA, M. S. Eficiências relativas dos processos de seleção entre e dentro de famílias de meios-irmãos em população de milho-pipoca. **Ciência e Agrotecnologia**, v. 27, p. 548-556, 2003.
- MARTINS, I. S.; CRUZ, C. D.; ROCHA, M. G. B.; REGAZZI, A. J.; PIRES, I. E. Comparação entre os processos de seleção entre e dentro e o de seleção combinada, em progênies de *Eucalyptus grandis*. **Cerne**, v. 11, n. 1, p. 16-24, 2005.
- PACHECO, C. A.; GAMA, E. E. G.; PARENTONI, S. N.; SANTOS, M. X.; GUIMARAES, P. E. O. Avanços no processo seletivo da variedade de milho pipoca BRS ANGELA. **Revista Brasileira de Milho e Sorgo**, v. 4, n. 3, p. 436-444, 2005.
- PATERNIANI, E. Selection among and within half-sib families in a Brazilian population of maize (*Zea mays* L.). **Crop Science**, v. 7, n. 3, p. 212-216, 1967.
- 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.
- PIRES, I. E.; CRUZ, C. D.; BORGES, R. C. G.; REGAZZI, A. J. Índice de seleção combinada aplicado ao melhoramento de *Eucalyptus* spp. **Revista Árvore**, v. 2, n. 2, p. 191-197, 1996.
- SANTOS, F. S.; AMARAL JÚNIOR, A. T.; FREITAS JÚNIOR, S. P.; RANGEL, R. M.; SCAPIM, C. A.; MORA, F. Genetic gain prediction of the third recurrent selection cycle in a popcorn population. **Acta Scientiarum. Agronomy**, v. 30, n. 5, p. 651-655, 2008.
- SANTOS, J. F.; VIANA, J. M. S.; VILARINHO, A. A.; CÂMARA, T. M. M. Efficiency of S_2 progeny selection strategies in popcorn. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 4, n. 2, p. 183-191, 2004.
- 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.
- 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.
- VIANA, J. M. S.; CRUZ, C. D. Combined selection in early generation testing of self-pollinated plants. **Genetics and Molecular Biology**, v. 20, n. 4, p. 673-681, 1997.
- VILARINHO, A. A.; VIANA, J. M. S.; SANTOS, J. F.; CÂMARA, T. M. M. Eficiência da seleção de progênies S_1 e S_2 de milho-pipoca, visando à produção de linhagens. **Bragantia**, v. 62, n. 1, p. 9-17, 2003.

Received on December 13, 2007.

Accepted on January 25, 2008.

License information: This is an open-access article distributed under the terms of the Creative Commons Attribution License, which permits unrestricted use, distribution, and reproduction in any medium, provided the original work is properly cited.