

UTILIZAÇÃO DA ESTATÍSTICA P_i NA PREDIÇÃO DE GANHOS POR SELEÇÃO EM FAMÍLIAS DE MEIOS-IRMÃOS DE MILHO-PIPOCA¹

Maria José Granate²

Cosme Damião Cruz³

Cleso Antônio Patto Pacheco⁴

RESUMO

Neste trabalho utiliza-se da estatística P_i , medida de estabilidade, adaptabilidade e adaptação, como critério alternativo à seleção com base nas médias da análise de variância conjunta. Foram utilizadas as avaliações de 166 famílias de meios-irmãos de milho-pipoca CMS 43, em Sete Lagoas, MG, e Coimbra, MG, no delineamento em blocos casualizados, com duas repetições. Utilizou-se o estimador baseado no diferencial de seleção para estimar os ganhos preditos. Nos dois locais esses ganhos, com base na estatística P_i , foram semelhantes aos ganhos preditos com base nos dados da análise de variância conjunta. Considera-se que a seleção com base na estatística P_i é um novo procedimento válido e de interesse na fase de predição de ganhos de um programa de melhoramento.

Palavras-chaves: *Zea mays*, métodos de melhoramento, diferencial de seleção.

¹ Aceito para publicação em 02.04.2001.

² Empresa de Pesquisa Agropecuária de Minas Gerais, Vila Gianetti, 46, 36571-000 Viçosa, MG. E-mail: epamig@mail.ufv.br

³ Departamento de Biologia Geral, Universidade Federal de Viçosa, 35571-000 Viçosa, MG. E-mail: cdcruz@mail.ufv.br

⁴ Embrapa-Centro Nacional de Pesquisa de Milho e Sorgo Caixa Postal 151, 35701-970 Sete Lagoas, MG. E-mail: ainfo@cnpms.embrapa.br

ABSTRACT

USE OF P_i STATISTICS IN PREDICTING SELECTION GAIN IN HALF-SIB FAMILIES OF POPCORN

The use of the P_i statistics, a measure of stability, adaptability and adaptation, is proposed as an alternative criterion to selection, based on the mean of several locations. The data of 166 half-sib families of popcorn CMS 43, evaluated in two locations (Sete Lagoas-MG and Coimbra-MG), in 1997-1998, were utilized. The experiments were arranged in two randomized blocks, with two replications. The formulae, based on selection differential, was used to estimate the predicted gains. At both places these gains, based on the P_i statistics, were similar to those predicted by using the mean of the two locations. This selection based on the P_i statistics was considered a new, interesting and useful method for the prediction of gains in a breeding program.

Key words: *Zea mays*, breeding methods, selection differential.

INTRODUÇÃO

As primeiras referências ao milho-pipoca datam de 1880, nos EUA. Consumido inicialmente apenas em feiras ou eventos agropecuários, tornou-se rapidamente um alimento popular, tendo passado, nos anos 50, a ser preparado nas casas dos consumidores. Essa modificação aumentou muito o consumo, intensificado recentemente com a era dos alimentos “naturais”, sendo atualmente considerado um alimento saudável, altamente energético e indicado para merendas escolares. A sua utilização, com vários tipos de temperos e molhos, doces e salgados, tende a aumentar, o que justifica a pesquisa e o melhoramento deste tipo especial de milho (13).

A estimação do ganho genético é influenciada pelas interações genótipos x ambientes (5), e em consequência as avaliações dos materiais são dificultadas, bem como a sua recomendação para cada região (6), uma vez que a estrutura genética das populações é mascarada (11), fazendo com que os ganhos preditos para um ambiente não se verifiquem nos outros. Uma das contribuições da Genética Quantitativa para o Melhoramento de Plantas consiste na proposta de metodologias que contornam os efeitos da interação. Quando se avalia um conjunto de famílias em uma série de ambientes e se deseja obter ganhos de maior abrangência, são necessárias estratégias eficazes, pois a interação genótipo x ambiente pode manifestar-se e reduzir os ganhos a serem obtidos. A recomendação tradicional é basear-se na média das famílias em todos os ambientes como critério de seleção. Entretanto, havendo interação, as médias não expressam o comportamento particularizado dos genótipos nos vários ambientes. Para contornar esse problema, propõe-se o uso da estatística P_i como critério de seleção e, conseqüentemente, predição dos ganhos.

A estatística P_i , proposta por Lin e Binns (8), mede o comportamento dos genótipos, levando em consideração o rendimento, adaptabilidade, estabilidade e adaptação, podendo ser utilizada como referencial do comportamento das famílias nos vários ambientes. Foi utilizada para a criação do novo conceito de *performance genotípica*, que reúne o desempenho, o comportamento e as flutuações dos materiais agrônômicos, bem como de uma nova estatística, a Medida de Adaptabilidade e Estabilidade de Comportamento (MAEC), a qual facilita a interpretação dos resultados, discrimina entre os ambientes favoráveis e os desfavoráveis e permite a recomendação para ambientes de alta e baixa tecnologia (2). Considerando as características da estatística P_i e as várias possibilidades da sua utilização, decidiu-se praticar a seleção nos valores do P_i como uma alternativa da utilização das médias da análise de variância conjunta.

Os métodos de predição de ganhos por seleção permitem antever os resultados que serão obtidos com determinado programa de melhoramento e, caso necessário, rever ou corrigir os rumos que se revelem inesperadamente inadequados, antes que se perca mais tempo e trabalho (5). Como as interações diminuem a variância genética, também alteram a predição dos ganhos esperados com a seleção, prejudicando, desse modo, as inferências que se costumam fazer baseadas nessa predição. Uma forma de diminuir a influência da interação na estimação dos ganhos preditos é a predição baseada nas médias obtidas nas análises de variância conjunta. Santos et al. (9) usaram dois locais para avaliar 39 híbridos e 10 testemunhas. Eles estimaram o progresso esperado após a seleção em cada local, sendo a seleção praticada no próprio local, e também os ganhos preditos em cada local, com a seleção praticada na média dos dois locais. Além disso, estimaram o progresso esperado da média de cada local com base na média desses dois locais. Dos ganhos preditos desses três modos os referidos autores concluíram que a seleção deverá ser praticada com base na média dos dois locais. Castoldi (3) utilizou quatro locais para avaliar famílias de meios-irmãos de milho comum.

MATERIAL E MÉTODOS

No ano agrícola de 1997-1998 foram conduzidos ensaios com 166 famílias de meios-irmãos da população de milho-pipoca CMS 43 e 13 testemunhas no Centro Nacional de Pesquisa de Milho e Sorgo, da Embrapa, em Sete Lagoas, MG, e nos campos experimentais da Universidade Federal de Viçosa, em Coimbra, MG. O plantio, os tratos culturais, a adubação e a colheita foram os recomendados para o milho. Entre as testemunhas estavam representadas a variedade Zélia e a população de milho CMS 43 do ciclo anterior. A característica

produtividade foi avaliada em cada parcela, na época da colheita, em cada local, como o peso dos grãos debulhados por unidade de área, expresso em kg/ha.

As análises de variância individuais seguiram o delineamento em blocos ao acaso. Foi adotado o seguinte modelo estatístico para a análise de variância conjunta: $Y_{ijk} = \mu + T_i + B/A_{jk} + A_j + TA_{ij} + \varepsilon_{ijk}$, sendo Y_{ijk} a observação do i -ésimo tratamento, no j -ésimo ambiente e no k -ésimo bloco, μ a média geral, T_i o efeito do i -ésimo tratamento, (se $i = 1, 2, \dots, g$, tem-se o efeito aleatório das famílias e, se $i = g + 1, g + 2, \dots, g + t$, tem-se o efeito fixo das testemunhas); sendo $G = g + t$ o número total de tratamentos, que inclui as g famílias e as t testemunhas, B/A_{jk} o efeito do k -ésimo bloco dentro do j -ésimo ambiente, sendo $k = 1, 2, \dots, r$; A_j o efeito do j -ésimo ambiente, com $j = 1, 2, \dots, a$; TA_{ij} o efeito da interação do i -ésimo tratamento com o j -ésimo ambiente; e ε_{ijk} o efeito do erro experimental. As famílias foram consideradas efeito aleatório e as testemunhas, efeito fixo. Em cada ambiente foram avaliadas todas as famílias e todas as testemunhas. As informações relativas às famílias não incluem as das testemunhas e vice-versa. Os ambientes foram considerados efeitos fixos. O Quadro 1 apresenta o esquema da análise de variância conjunta e do teste F e as esperanças dos quadrados médios. Os estimadores da variância genética entre médias de famílias, $\hat{\sigma}_g^2$, da variância da interação, $\hat{\sigma}_{ga}^2$, e da variância residual, $\hat{\sigma}^2$, foram obtidos a partir das esperanças dos quadrados médios apresentadas no Quadro 1. A variância fenotípica entre médias de famílias foi obtida com o seguinte estimador $\hat{\sigma}_f = \frac{QM3}{ra}$; a variância residual entre médias de famílias com o estimador $\hat{\sigma}_e = \frac{QMR}{ra}$; e o coeficiente de variação genético com o estimador $CV_g = \frac{100\sqrt{\hat{\sigma}_g^2}}{m}$, em que m é a média das famílias.

O ganho por seleção foi estimado a partir do estimador baseado no diferencial de seleção que não exige a distribuição normal dos dados nem que se pratique a seleção truncada (12), e tem a vantagem da praticidade, sendo considerado preferível. Na estimação dos ganhos preditos por seleção, Santos et al. (9) usaram o referido estimador para o ganho estimado em um ambiente j , quando a seleção foi praticada em outro

ambiente j' (5): $GS_{j(j')} = \hat{h}_j^2 DS_{j(j')}$, em que \hat{h}_j^2 é a herdabilidade estimada no ambiente j e $DS_{j(j')}$ o diferencial de seleção no ambiente j para o qual se utilizaram as famílias escolhidas pelo seu melhor desempenho no ambiente j' , sendo, neste caso, as médias no ambiente j' substituídas pela estatística P_i . Para isso, foram calculados os diferenciais de seleção no ambiente j , sendo escolhidas as melhores famílias segundo os valores da estatística P_i .

| QUADRO 1 - Esquema da análise de variância conjunta com as esperanças dos quadrados médios de ensaios com famílias e testemunhas adicionais, em vários ambientes | | | | |
|--|-----------------|------|---|-------------------------|
| FV | GL | QM | E(QM) | F |
| Blocos/ambientes | (r-1)a | QM1 | $\sigma^2 + G\sigma_b^2$ | — |
| Tratamentos | G-1 | QM2 | — | QM2/QMR |
| Famílias | g-1 | QM3 | $\sigma^2 + ar\sigma_g^2$ | QM3/QMR |
| Testemunhas | t-1 | QM4 | $\sigma^2 + ar\phi_{te}$ | QM4/QMR |
| Famílias vs Testemunhas | 1 | QM5 | — | QM5/QMR |
| Ambientes | a-1 | QM6 | $\sigma^2 + rl\sigma_{ia}^2 + G\sigma_b^2 + Gr\phi_a$ | (QM6+QMR)/ (QM1+QM7) |
| Tratamentos x ambientes | (G-1)(a-1) | QM7 | — | QM7/QMR |
| Famílias x ambientes | (g-1)(a-1) | QM8 | $\sigma^2 + rl\sigma_{ga}^2$ | QM8/QMR |
| Testemunhas x ambientes | (t-1)(a-1) | QM9 | $\sigma^2 + rl\phi_{tea}^2$ | QM9/QMR |
| (Famílias vs testemunhas) x ambientes | 1 | QM10 | — | QM10/QMR |
| Resíduo | (r-1)(G-1) a | QMR | σ^2 | |
| Total | aGr-1 | | | |

$$l = \frac{a}{a-1}$$

A estatística P_i é uma medida da distância de determinado indivíduo (ou família) ao indivíduo (ou família) ideal, que produz o máximo em todos os ambientes considerados. Assim, quanto menor o seu valor, mais

próximos estarão os dois, sendo dada por (2) $P_i = \frac{\sum_{j=1}^n (X_{ij} - M_j)^2}{2n}$, sendo

X_{ij} a média do genótipo i no local j ; M_j a maior média no local j ; e n o número de locais.

Para obter o diferencial de seleção no local j por seleção na estatística P_i , $DS_{j(P_i)}$, ordenam-se as médias das famílias em relação a uma dada característica no local j segundo os menores valores dos respectivos P_i dessa característica. Calcula-se, em seguida, a média dessa característica, \bar{X}_s , das s famílias selecionadas, à qual se subtrai a média geral, \bar{X}_o : $DS_{j(P_i)} = \bar{X}_s - \bar{X}_o$.

O aplicativo computacional GENES (4), desenvolvido na Universidade Federal de Viçosa, foi utilizado para efetuar todas as computações.

RESULTADOS E DISCUSSÃO

As análises de variância individuais indicaram a existência de variabilidade genética nos dois locais e que as duas variâncias residuais são homogêneas, pelo que é possível efetuar a análise de variância conjunta, sem necessidade de ajuste dos graus de liberdade. O resumo da análise de variância conjunta é apresentado no Quadro 2. A interação entre famílias e ambientes (locais) foi significativa, porém verifica-se que ainda existe variabilidade genética entre famílias, apesar de a variância genética ser estabelecida pela média das variâncias genéticas nos dois ambientes, subtraída da interação. O efeito de ambientes e da interação famílias x ambientes foi estatisticamente significativo, a 5% e a 1% de probabilidade, respectivamente, pelo teste F. A significância da interação indica que a classificação das famílias quanto à produtividade em cada ambiente poderá não ser a mesma, o que irá refletir nos indivíduos selecionados e nas predições dos ganhos por seleção.

Nos experimentos de milho-pipoca apresentados por Andrade (1) a interação variedades x ambientes só foi estatisticamente significativa para os caracteres capacidade expansão e umidade dos grãos.

O contraste entre a média das famílias e a das testemunhas é estatisticamente significativo ($P < 0,01$), mostrando que tais materiais diferem em relação a esta característica. No Quadro 2 também estão apresentados os coeficientes de variação da análise de variância conjunta, que podem ser considerados médios segundo o critério de Scapim et al. (10), o que indica média precisão dos experimentos. As médias obtidas nas análises individuais e na análise de variância conjunta, no caso das famílias, da testemunha Zélia e da testemunha CMS 43 do ciclo anterior, foram incluídas no mesmo Quadro 2. De modo geral, as médias são superiores em Sete Lagoas e inferiores em Coimbra, mostrando que as condições experimentais do primeiro ambiente são mais favoráveis a esta cultura. No entanto, na avaliação de milho comum, Santos et al. (9)

consideraram Coimbra um ambiente mais favorável que Viçosa, em relação aos caracteres peso de 100 grãos, peso de grãos e índice de espigas (prolificidade). Comparando as médias das famílias com as das duas testemunhas, constata-se que ambas as testemunhas são inferiores, quanto à produtividade, nos dois ambientes considerados. No caso do milho comum, as médias obtidas por Santos et al. (9) foram de 3.883 kg/ha e de 6.050 kg/ha, respectivamente em Viçosa e Coimbra, as quais foram consideradas altas. Em geral, o milho-pipoca tem produtividade inferior à do milho comum (13).

Os parâmetros genéticos e ambientais estimados com os dados da análise de variância conjunta são apresentados também no Quadro 2. A existência de variância genética significativa, apesar de a interação famílias x ambientes também ser significativa, indica que é possível usar a variância genética da análise de variância conjunta para a estimação dos ganhos em cada ambiente. Os ganhos preditos deste modo deverão ser mais aproximados dos ganhos reais, visto que a interação famílias x ambientes provoca diminuição da variância e pode não ser capitalizada em todos os ambientes. O coeficiente de variação genético é inferior ao de variação ambiental, o que não é considerado condição favorável ao melhoramento. A razão CV_g/CV foi menos da metade da unidade, quando seria desejável que lhe fosse superior. Castoldi (3) obteve valores de CV_g/CV entre 0,1 e 0,6 ao avaliar o mesmo caráter. A herdabilidade pode ser considerada baixa, e como é um dos componentes do estimador dos ganhos por seleção, esses ganhos, em consequência, devem ser proporcionalmente reduzidos. Quando Castoldi (3) avaliou famílias de meios-irmãos de milho comum em Sete Lagoas, ele também obteve estimativas da herdabilidade muito baixas; por esse motivo, o autor sugeriu que se passasse a trabalhar com famílias de irmãos completos ou famílias S_1 . Os valores da herdabilidade estimados por Linares (7), em famílias de meios-irmãos de milho-pipoca, foram de 15,72% para a variedade Pirapoca e de 7,49% para o Composto N.

Os ganhos preditos em Sete Lagoas, obtidos com o estimador baseado no diferencial de seleção, em relação ao caráter produtividade, são apresentados no Quadro 3. A seleção foi praticada nas médias da análise de variância conjunta e nos valores da estatística P_i . A seleção praticada nos valores da estatística P_i forneceu resultados semelhantes, porém superiores, aos da seleção praticada nas médias da análise conjunta, o que está conforme o esperado, por ser P_i um parâmetro que enfatiza a estabilidade.

QUADRO 2 - Resumo da análise de variância conjunta, estimativas dos parâmetros genéticos e ambientais desta análise e médias do caráter produtividade, avaliado em famílias de meios-irmãos do milho-pipoca CMS 43

| FV | Produtividade | |
|--|---------------|---------------|
| | GL | QM |
| Blocos/ambientes | 2 | 31513475,15 |
| Tratamentos | (178) | 1052985,05** |
| Famílias | 165 | 974404,94** |
| Testemunhas | 12 | 592659,83ns |
| Fam. vs. test. | 1 | 19542605,71** |
| Ambientes | 1 | 622455321,67* |
| Trat. x amb. | (178) | 1001984,49** |
| Fam. x amb. | 165 | 1053395,84** |
| Test. x amb. | 12 | 359196,28ns |
| (Fam. vs. test.) x amb | 1 | 232569,04ns |
| Resíduo | 356 | 655868,42 |
| CV% | | 20,32 |
| MÉDIAS | | |
| Média das famílias em Sete Lagoas | | 4958,56 |
| Média da testemunha Zélia em Sete Lagoas | | 4166,70 |
| Média da testemunha CMS 43 em Sete Lagoas | | 4583,30 |
| Média das famílias em Coimbra | | 3103,17 |
| Média da testemunha Zélia em Coimbra | | 2213,00 |
| Média da testemunha CMS 43 em Coimbra | | 2555,6 |
| Média das famílias na análise conjunta | | 4030,82 |
| Média da testemunha Zélia na análise conjunta | | 3189,80 |
| Média da testemunha CMS 43 na análise conjunta | | 3569,40 |
| Parâmetros genéticos e ambientais | | |
| $\hat{\sigma}_f^2$ (média) | | 243601,23 |
| $\hat{\sigma}_e^2$ (média) | | 163967,10 |
| $\hat{\sigma}_g^2$ | | 79634,13 |
| $\hat{\sigma}_{ga}^2$ | | 197653,30 |
| h^2 (méd. fam.)% | | 32,6904 |
| CV _g % | | 7,0009 |
| CV _g /CV(méd. fam.) | | 0,3485 |

** - significativo a 1% de probabilidade pelo teste F; * - significativo a 5% de probabilidade pelo teste F; ns - não-significativo pelo teste F ($P > 0,10$); vs.- contraste entre dois tratamentos; produtividade - peso dos grãos debulhados, expresso em kg/ha.

QUADRO 3 - Comparação das estimativas dos ganhos preditos para Sete Lagoas, MG, por seleção praticada na média conjunta e na estatística P_i , com estimador baseado no diferencial de seleção, em relação ao caráter produtividade, avaliado em FMI do milho-pipoca CMS 43

| Seleção praticada em | Produtividade | |
|----------------------|---------------|------|
| | GS | GS% |
| Média conjunta | 446,92 | 9,01 |
| Estatística P_i | 468,24 | 9,44 |

GS - ganho por seleção baseado no diferencial de seleção; GS% - ganho por seleção percentual baseado no diferencial de seleção; produtividade - peso dos grãos debulhados, expresso em kg/ha.

No Quadro 4 são apresentadas as estimativas dos ganhos preditos para Coimbra, MG, em relação ao caráter produtividade, por seleção nas médias da análise de variância conjunta e na estatística P_i , obtidas com o estimador baseado no diferencial de seleção. Os ganhos estimados por seleção na estatística P_i foram inferiores às estimativas dos ganhos baseados nos dados da análise de variância conjunta, o que não ocorreu em Sete Lagoas, MG, mas podem ser considerados aproximados.

QUADRO 4 - Comparação das estimativas dos ganhos preditos para Coimbra, MG, por seleção praticada na média conjunta e na estatística P_i , com estimador baseado no diferencial de seleção, em relação ao caráter produtividade, avaliado em FMI do milho-pipoca CMS 43.

| Seleção praticada em | Produtividade | |
|----------------------|---------------|------|
| | GS | GS% |
| Média conjunta | 76,56 | 2,47 |
| Estatística P_i | 61,73 | 1,99 |

GS - ganho por seleção baseado no diferencial de seleção; GS% - ganho por seleção percentual baseado no diferencial de seleção; produtividade - peso dos grãos debulhados, expresso em kg/ha.

No Quadro 5 apresentam-se as quatro listas das vinte e cinco melhores famílias, ordenadas em relação aos valores das médias do caráter produtividade, estimadas em Sete Lagoas, em Coimbra, na análise de variância conjunta e na estatística P_i . Em relação ao P_i , as melhores famílias são as que apresentam os menores valores. As famílias foram ordenadas em ordem crescente de produtividade. Verifica-se que não há famílias em comum entre Sete Lagoas e Coimbra, em relação à

característica produtividade, o que se atribui à interação famílias x ambientes. Na lista em que figuram as famílias ordenadas segundo as médias da análise de variância conjunta, predominam as famílias também presentes na lista de Sete Lagoas. De modo semelhante, na lista com as melhores famílias segundo a estatística P_i , predominam as melhores famílias de Sete Lagoas. Considera-se por isso que as médias em Sete Lagoas influenciam fortemente a média conjunta. Como consequência, as predições para Coimbra baseadas nos dados da análise de variância conjunta podem ser bastante diferentes da resposta que poderá vir a ser obtida na realidade, o que evidencia a dificuldade que o melhorista terá de enfrentar para conseguir selecionar materiais com ampla adaptabilidade.

QUADRO 5 - Quatro listas das 25 melhores famílias, ordenadas por ordem crescente em relação aos valores das médias do caráter produtividade, estimadas em Sete Lagoas, em Coimbra, na análise de variância conjunta e na estatística P_i .

| Sete Lagoas | Coimbra | Conjunta | P_i |
|-------------|---------|----------|-------|
| 21 | 143 | 120 | 160 |
| 120 | 131 | 106 | 144 |
| 112 | 39 | 50 | 117 |
| 139 | 50 | 141 | 156 |
| 17 | 58 | 158 | 165 |
| 106 | 141 | 112 | 127 |
| 152 | 33 | 17 | 69 |
| 111 | 94 | 139 | 139 |
| 151 | 13 | 132 | 99 |
| 12 | 49 | 13 | 13 |
| 26 | 160 | 151 | 149 |
| 68 | 28 | 68 | 20 |
| 85 | 99 | 152 | 90 |
| 90 | 158 | 99 | 112 |
| 117 | 123 | 12 | 152 |
| 132 | 134 | 21 | 12 |
| 23 | 154 | 90 | 17 |
| 43 | 31 | 20 | 68 |
| 69 | 159 | 149 | 151 |
| 104 | 9 | 160 | 50 |
| 149 | 14 | 69 | 141 |
| 156 | 100 | 127 | 132 |
| 157 | 121 | 94 | 158 |
| 16 | 1 | 100 | 106 |
| 20 | 35 | 131 | 120 |

CONCLUSÕES

1. Em Sete Lagoas, os ganhos preditos com base na estatística P_i são ligeiramente superiores aos ganhos preditos com base nos dados da análise de variância conjunta.

2. Em Coimbra, o progresso esperado quando se utiliza a estatística P_i , embora inferior, pode ser considerado semelhante ao predito quando se usam os dados da análise de variância conjunta.

3. As diferenças entre os dois locais em que se avaliaram as famílias influenciam muito os resultados obtidos, fazendo-se sentir na existência de interações significativas e nos valores das médias obtidas em cada ambiente.

4. A predição de ganhos num ambiente, por seleção utilizando os valores da estatística P_i , é procedimento de interesse e mais um instrumento à disposição do melhorista.

REFERÊNCIAS

1. ANDRADE, R. A. Cruzamentos dialélicos entre seis variedades de milho-pipoca. Viçosa, Universidade Federal de Viçosa, 1996. 79p. (Dissertação de Mestrado).
2. CARNEIRO, P. C. S. Novas metodologias de análise de adaptabilidade e estabilidade de comportamento. Viçosa, Universidade Federal de Viçosa, 1998. 168p. (Tese de Doutorado).
3. CASTOLDI, F. L. Comparação de métodos multivariados aplicados na seleção em milho. Viçosa, Universidade Federal de Viçosa, 1997. 100p. (Tese de Doutorado).
4. CRUZ, C. D. Programa genes, aplicativo computacional em genética e estatística. Viçosa, UFV, 1997. 442 p.
5. CRUZ, C. D. & REGAZZI, A. J. Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético. Viçosa, Imp. Univ., 1994. 390p.
6. FALCONER, D.S. Introdução à genética quantitativa. Viçosa, Imp. Univ., 1987. 279 p.
7. LINARES, E. Seleção recorrente recíproca em famílias de meios-irmãos em milho-pipoca (*Zea mays* L.). Piracicaba, Universidade de São Paulo, 1987. 78p. (Dissertação de Mestrado).
8. LIN, C. S. & BINNS, M. R. A superior measure of cultivar performance for cultivar x location data. Canadian Journal of Plant Science, 68: 193-8, 1988.
9. SANTOS, N. T.; SILVA, J. C.; CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J. & SILVA, C. H. O. Comparação de ganhos genéticos em populações de milho testadas em dois ambientes e avaliação de um programa de seleção recorrente recíproca. Revista Ceres, 41: 543-52, 1993.
10. 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, 30: 683-6, 1995.
11. TORRES, R. A. A. Estudo do controle genético da estabilidade fenotípica de cultivares de milho (*Zea mays* L.). Piracicaba, Universidade de São Paulo, 1988. 133p. (Dissertação de Mestrado).
12. VENCOSKY, R. Herança quantitativa. In: Paterniani, E. & Viégas, G.P. (eds). Melhoramento e produção do milho. Campinas, Fundação Cargill, 1987. p. 413-21.

13. ZIEGLER, K. E. & ASHMAN, B. Popcorn. In: Hallauer, A. R. (ed.). Specialty corns. Ames, CRC Press, 1994. p. 189-223.

1. Um teste laboratorial para avaliar a qualidade de milho para a produção de pipoca, baseado na análise de componentes principais, foi desenvolvido. Este teste foi aplicado a 10 genótipos de milho amarelo, com base nos dados de análise de componentes principais obtidos a partir de 10 características. Os resultados indicam que a análise de componentes principais pode ser utilizada para avaliar a qualidade de milho para a produção de pipoca. A análise de componentes principais também pode ser utilizada para avaliar a qualidade de milho para a produção de pipoca. A análise de componentes principais também pode ser utilizada para avaliar a qualidade de milho para a produção de pipoca.

RESUMO

1. AMARAL, E. A. Características de milho amarelo para a produção de pipoca. In: Livro de Resumos do Congresso Brasileiro de Melhoramento Genético, 1994, Curitiba, Paraná, Brasil, 1994. p. 100-101.

2. CARMELO, F. C. Z. Melhoramento genético de milho amarelo para a produção de pipoca. In: Livro de Resumos do Congresso Brasileiro de Melhoramento Genético, 1994, Curitiba, Paraná, Brasil, 1994. p. 102-103.
3. CASTRO, E. L. A. Comparação de métodos de seleção de milho amarelo para a produção de pipoca. In: Livro de Resumos do Congresso Brasileiro de Melhoramento Genético, 1994, Curitiba, Paraná, Brasil, 1994. p. 104-105.
4. GRIN, E. D. Melhoramento genético de milho amarelo para a produção de pipoca. In: Livro de Resumos do Congresso Brasileiro de Melhoramento Genético, 1994, Curitiba, Paraná, Brasil, 1994. p. 106-107.
5. GRIN, E. D. & RIBEIRO, A. S. Melhoramento genético de milho amarelo para a produção de pipoca. In: Livro de Resumos do Congresso Brasileiro de Melhoramento Genético, 1994, Curitiba, Paraná, Brasil, 1994. p. 108-109.
6. LACERDA, D. S. Melhoramento genético de milho amarelo para a produção de pipoca. In: Livro de Resumos do Congresso Brasileiro de Melhoramento Genético, 1994, Curitiba, Paraná, Brasil, 1994. p. 110-111.
7. LIMA, L. S. Melhoramento genético de milho amarelo para a produção de pipoca. In: Livro de Resumos do Congresso Brasileiro de Melhoramento Genético, 1994, Curitiba, Paraná, Brasil, 1994. p. 112-113.
8. LIMA, L. S. & RIBEIRO, A. S. Melhoramento genético de milho amarelo para a produção de pipoca. In: Livro de Resumos do Congresso Brasileiro de Melhoramento Genético, 1994, Curitiba, Paraná, Brasil, 1994. p. 114-115.
9. LIMA, L. S. & RIBEIRO, A. S. Melhoramento genético de milho amarelo para a produção de pipoca. In: Livro de Resumos do Congresso Brasileiro de Melhoramento Genético, 1994, Curitiba, Paraná, Brasil, 1994. p. 116-117.
10. RIBEIRO, A. S. & LIMA, L. S. Melhoramento genético de milho amarelo para a produção de pipoca. In: Livro de Resumos do Congresso Brasileiro de Melhoramento Genético, 1994, Curitiba, Paraná, Brasil, 1994. p. 118-119.
11. TRINIZ, R. A. S. Melhoramento genético de milho amarelo para a produção de pipoca. In: Livro de Resumos do Congresso Brasileiro de Melhoramento Genético, 1994, Curitiba, Paraná, Brasil, 1994. p. 120-121.
12. TRINIZ, R. A. S. & LIMA, L. S. Melhoramento genético de milho amarelo para a produção de pipoca. In: Livro de Resumos do Congresso Brasileiro de Melhoramento Genético, 1994, Curitiba, Paraná, Brasil, 1994. p. 122-123.