

## Índice não-paramétrico para seleção de genótipos de milho-pipoca

Rodrigo Moreira Ribeiro<sup>1</sup>, Antônio Teixeira do Amaral Júnior<sup>2</sup>, Cássio Vittorazzi<sup>3</sup>,  
Guilherme Ferreira Pena<sup>4</sup>, Thiago Rodrigues da Conceição Silva<sup>5</sup>, Pablo Diego Silva Cabral<sup>6</sup>,  
Roberta Heitor Valim<sup>7</sup> e Juliana Saltires dos Santos<sup>8</sup>

<sup>1,2,3,4,5</sup>Universidade Estadual do Norte Fluminense (UENF), Campos dos Goytacazes-RJ Email:

<sup>1\*</sup>rodrigo.moreira85@yahoo.com.br, <sup>2\*</sup>amaraljr@uenf.br, <sup>3\*</sup>vittorazzicastelo@yahoo.com.br,

<sup>4\*</sup>penabio@yahoo.com.br e <sup>5\*</sup>thiagrosfi@yahoo.com.br, <sup>6\*</sup>pablodscabral@hotmail.com,

<sup>7\*</sup>robertavalim@hotmail.com, <sup>8\*</sup>julianasaltiresdossantos@yahoo.com.br

**RESUMO** - O presente trabalho teve como objetivo selecionar genótipos de milho-pipoca para o registro no MAPA, com base em diferentes caracteres, utilizando o índice de Garcia, tendo priorizado rendimento de grãos e capacidade de expansão. Foram avaliados 16 genótipos de milho-pipoca, sendo oito variedades (BRS Angela, UFVM2-Barão de Viçosa, Viçosa, Beija-Flor, SAM, UNB2U-C3, UNB2U-C4 e UNB2U-C5) e oito híbridos (Zelia, Jade, IAC 112, P<sub>1</sub> x P<sub>3</sub>, P<sub>1</sub> x P<sub>7</sub>, P<sub>2</sub> x P<sub>4</sub>, P<sub>2</sub> x P<sub>9</sub> e P<sub>3</sub> x P<sub>7</sub>), em cinco ambientes. O delineamento experimental adotado foi blocos ao acaso, com três repetições, tendo sido avaliadas as características altura de planta, estande, tombamento, capacidade de expansão e rendimento de grãos. Para as fontes de variação genótipo e ambiente, observaram-se diferenças significativas pelo teste *F* para todas as características, enquanto para interação genótipos x ambientes apenas acamamento e rendimento de grãos foram significativas, evidenciando comportamento diferenciado das cultivares nos ambientes. O índice de Garcia classificou bem os genótipos, indicando os genótipos UNB2U-C5 e P<sub>1</sub> x P<sub>7</sub> como os de melhor desempenho para regiões Norte e Noroeste do Estado do Rio de Janeiro.

**Palavras-chave** - *Zea mays* L., valor de cultivo e uso, características agronômicas, capacidade de expansão.

### Introdução

A limitação de cultivares que reúnam características agronômicas favoráveis e com alto índice de capacidade de expansão é considerado o principal entrave para a expansão do cultivo do milho-pipoca no Brasil (MOTERLE et al., 2012). Portanto, o desenvolvimento de programas de melhoramento que vise disponibilizar variedades e/ou híbridos com elevado potencial agronômico torna-se primordial para o alavancamento da agroeconomia do cultivo do milho-pipoca. Nesse sentido, o programa de melhoramento de milho-pipoca da UENF vem atuando, desde 1998, em duas vertentes: emprego de seleção recorrente na população UNB-2U visando elevar a frequência dos alelos favoráveis (PEREIRA; AMARAL JÚNIOR, 2001) e implementação de dialelos para identificar híbridos superiores e genitores para a formação de compostos (SILVA et al., 2011). Atualmente, o programa encontra-se com genótipos promissores (pré-cultivares) para avaliação de ensaios de valor de cultivo e uso (VCU).

A avaliação do VCU trata-se de uma exigência básica para que uma cultivar obtenha o registro nacional de cultivares no MAPA e, portanto, possa ser comercializada. Nesses ensaios são avaliadas diferentes características agronômicas pré-estabelecidas pelo MAPA, em vários locais e anos, visando determinar o valor intrínseco da cultivar com suas propriedades de uso em atividades agrícolas, industriais, comerciais e/ou de consumo.

Nesse contexto, a utilização de índices não lineares ou não paramétricos que visem combinar informações das diversas características em um único valor torna-se relevante na discriminação de genótipos de interesse ao melhoramento (GARCIA; SOUZA JÚNIOR, 1999). Sendo assim, Garcia (1998) desenvolveu um índice que preconiza a fixação de valores para descarte de genótipos com desempenho abaixo das exigências mínimas para certas características e aplicação de um teste de médias que permita avaliar as diferenças entre os genótipos em bases estatísticas.

Desde modo, o presente trabalho teve como objetivo selecionar genótipos de milho-pipoca para o registro no MAPA com base em diferentes características, utilizando o índice de Garcia (1978) e o de soma de classificação, priorizando rendimento de grãos e capacidade de expansão.

### **Material e Métodos**

Os experimentos foram instalados nos anos agrícolas 2009/2010 (municípios de Campos dos Goytacazes e Cambuci) e 2010/2011 (Campos dos Goytacazes, Cambuci e Itaocara), totalizando cinco ambientes representativos das regiões Norte e Noroeste Fluminense.

Foram avaliados 16 genótipos de milho-pipoca, sendo oito variedades (BRS Angela, UFVM2-Barão de Viçosa, Viçosa, Beija-Flor, SAM, UNB2U-C3, UNB2U-C4 e UNB2U-C5) e oito híbridos (Zelia, Jade, IAC 112, P<sub>1</sub> x P<sub>3</sub>, P<sub>1</sub> x P<sub>7</sub>, P<sub>2</sub> x P<sub>4</sub>, P<sub>2</sub> x P<sub>9</sub> e P<sub>3</sub> x P<sub>7</sub>). O delineamento experimental adotado foi blocos ao acaso, com três repetições. A parcela foi composta por duas linhas de 12 m, espaçadas em 0,9 m entre linhas e 0,2 m entre plantas, totalizando 120 plantas por parcela. Foram utilizadas três sementes por cova, a uma profundidade de 0,05 m, sendo realizado o desbaste aos 21 dias após a emergência. A adubação de cobertura e os demais tratamentos culturais foram realizados conforme o recomendado para a cultura (SAWAZAKI, 2001).

As características agronômicas avaliadas foram: altura de planta (AP), estande final (EST), acamamento (ACA), capacidade de expansão (CE) e rendimento de grãos (RG).

Os dados obtidos foram submetidos a análises de variância por ambiente e posteriormente verificada a homogeneidade das variâncias residuais (QMRs) por meio da relação entre o maior e o menor QMR (GOMES, 1990). O modelo adotado para análise conjunta foi:  $Y_{ijk} = \mu + R/E_{k(j)} + G_i + E_j + GE_{ij} + \xi_{ijk}$ , em que  $Y_{ijk}$  é o valor fenotípico médio da parcela;  $\mu$  é a média;  $R/E_{k(j)}$  é o efeito da  $k^{\text{th}}$  repetição no  $j^{\text{th}}$  ambiente;  $G_i$  é o efeito fixo do  $i^{\text{th}}$  genótipo;  $E_j$  é o efeito do  $j^{\text{th}}$  ambiente;  $GE_{ij}$  é o efeito da interação do  $i^{\text{th}}$  genótipo no  $j^{\text{th}}$  ambiente;  $\xi_{ijk}$  é o erro experimental.

A partição da interação complexa em pares de ambientes foi realizada pelo algoritmo de Cruz e Castoldi (1991), em que a parte complexa foi expressa por  $C = \sqrt{(1-r)^3} \sqrt{Q_1 Q_2}$ , sendo  $Q_1$  e  $Q_2$  os quadrados médios de genótipos nos ambientes 1 e 2, respectivamente, e  $r$  a correlação entre as médias de genótipos nos dois ambientes.

A classificação dos genótipos foi realizada pelo índice de seleção de cultivares (GARCIA, 1998). As etapas para obtenção do índice de seleção de cultivares proposto por Garcia (1998) foram às seguintes: i) agrupamento de médias (Scott e Knott, 1974) e obtenção dos recíprocos  $\left(\frac{1}{y_i}\right)$ , de cada média individual, de modo a tomar os maiores valores como objeto de seleção; ii) definição dos níveis mínimos aceitáveis para cada caráter (AP e TOMB: não possuir valor estatisticamente superior a média do experimento; e EST, CE e RG: no mínimo com valor estatisticamente igual à média do experimento); iii) transformação dos dados, pela expressão:  $P'_m = \frac{P_m - N_m}{S_m}$ , em que  $P'_m$  é a média transformada do caráter  $m$ ;  $P_m$  é a média do caráter  $m$ , após o agrupamento;  $N_m$  é o nível mínimo aceitável; e,  $S_m$  o desvio-padrão do caráter  $m$ ; iv) definição do ideótipo (Fixou-se como ideótipo os menores valores para AP e TOMB e os maiores valores para EST, CE e PG entre os genótipos avaliados); v) cálculo das distâncias euclidianas médias em relação ao ideótipo; e vi) classificação dos genótipos superiores.

## Resultados e Discussão

Uma vez verificada a homogeneidade das variâncias residuais pelo teste de F máximo, entre os cinco ambientes, cujos valores das relações foram 5,25, 5,69, 6,90, 3,92, 1,55 e 4,06 em relação a altura de planta (AP), estande (EST), acamamento (ACA), capacidade de expansão (CE) e rendimento de grãos (RG), respectivamente, realizou-se a análise de variância conjunta dos experimentos. Pelo teste F, foi possível detectar efeito significativo das

fontes de variação genótipo e ambiente para todos os caracteres, o que indica a existência de variabilidade entre os genótipos e entre os ambientes testados. Em relação à interação genótipos x ambientes (GA), apenas ACA e RG foram significativos, evidenciando respostas diferenciadas dos genótipos diante da variação ambiental.

Quanto ao tipo de interação, utilizando o algoritmo de Cruz e Castoldi (1991), percebe-se predomínio da interação complexa, exceto para a característica RG nos ambientes Campos dos Goytacazes (2009/2010) x Campos dos Goytacazes (2010/2011), que proporcionou uma interação complexa de 32,01%. Segundo Robertson (1959), a interação do tipo complexa indica a inconsistência da superioridade de genótipos com variação ambiental, ou seja, haverá genótipos com desempenho superior em um ambiente, mas não em outro, tornando mais difícil a seleção e/ou a recomendação destes. Nesse sentido, para atenuar o efeito da interação, alguns procedimentos, como a identificação de cultivares específica para cada ambiente, a realização de zoneamento ecológico e a identificação de cultivares com maior estabilidade fenotípica podem ser adotadas (RAMALHO et al., 1993).

Para o presente trabalho, cujo objetivo é selecionar genótipos com base em diferentes características, optou-se por classificar os genótipos superiores para cada ambiente e posteriormente identificar os genótipos com as melhores classificações para o conjunto de ambientes. Nesse contexto, como AP, EST e CE não apresentaram interação GA, os genótipos foram classificados como conjunto para todos os ambientes, enquanto TOMB e RG classificados por ambiente por apresentarem interação GA.

Pelo índice de Garcia (1998) verifica-se que alguns genótipos revelaram desempenho acima dos critérios aceitáveis para AP (Beija-Flor, UNB2U-C3, IAC 112, P<sub>2</sub> x P<sub>4</sub> e P<sub>2</sub> x P<sub>9</sub>) e abaixo para CE (Viçosa, Beija-Flor, SAM, UNB2U-C3, P<sub>1</sub> x P<sub>3</sub>, P<sub>2</sub> x P<sub>4</sub>, P<sub>2</sub> x P<sub>9</sub> e P<sub>3</sub> x P<sub>7</sub>) (Tabela 1). A AP assume um importante papel para cultura do milho-pipoca, pois essa cultura apresenta um colmo mais fino quando comparado com o milho comum e, portanto, mais suscetível ao tombamento. Fato esse comprovado pela correlação fenotípica existente entre AP e TOMB ( $r = 0,66$ ). Já CE é considerado a característica mais importante para o consumidor de milho-pipoca, pois quanto maior a CE, melhor é sua textura e maciez (SOYLU; TEKKANAT, 2007). Portanto, as pré-cultivares P<sub>1</sub> x P<sub>3</sub>, P<sub>2</sub> x P<sub>4</sub>, P<sub>2</sub> x P<sub>9</sub> e P<sub>3</sub> x P<sub>7</sub> não são aptas para o registro no MAPA.

A qualidade do colmo, ou seja, o número de plantas quebradas e acamadas (tombamento) é também uma das características mais importantes do milho-pipoca para produção em larga escala, com colheita mecanizada (MIRANDA et al., 2003). Logo, os

genótipos Viçosa, SAM, Zelia, IAC 112, P<sub>2</sub> x P<sub>4</sub> e P<sub>3</sub> x P<sub>7</sub> apresentaram desempenhos acima dos pré-estabelecidos para ambiente Campos dos Goytacazes (2010/2011), enquanto os genótipos BRS Angela, UFVM2 Barão de Viçosa, Beija-Flor, SAM, UNB2U-C3, UNB2U-C4, Jade, IAC 112, P<sub>2</sub> x P<sub>4</sub>, P<sub>2</sub> x P<sub>9</sub> e P<sub>3</sub> x P<sub>7</sub> para ambiente Itaocora (2010/2011) (Tabela 1).

Em relação ao RG os genótipos BRS Angela, UFVM2 Barão de Viçosa e SAM contiveram valores inferiores ao mínimo aceitável para todos os ambientes, exceto para ambiente Cambuci (2009/2010), no qual, esse ambiente não apresentou diferenças significativas entre os genótipos pelo agrupamento Scott-Knott (1974) (Tabela 1). Em contrapartida, os genótipos UNB2U-C4, UNB2U-C5, P<sub>1</sub> x P<sub>3</sub>, P<sub>1</sub> x P<sub>7</sub>, P<sub>2</sub> x P<sub>4</sub> e P<sub>2</sub> x P<sub>9</sub> apresentaram valores dentro do limite pré-estabelecido para o caráter RG para todos os ambientes. Porém, os híbridos P<sub>1</sub> x P<sub>3</sub>, P<sub>2</sub> x P<sub>4</sub> e P<sub>2</sub> x P<sub>9</sub> não obtiveram valores mínimos, pré-estabelecidos no presente trabalho, para CE e, portanto, não sendo indicados para o registro no MAPA. Os genótipos UNB2U-C4, UNB2U-C5 e P<sub>1</sub> x P<sub>7</sub>, além de obterem valores dentro de limite para RG, também apresentaram valores aceitáveis para AP, EST, CE e TOMB.

Pelo somatório das distâncias euclidianas médias em relação ao ideótipo proposto pelo índice de Garcia (1998), verifica-se que a variedade UNB2U-C5 e o híbrido P<sub>1</sub> x P<sub>7</sub> foram alocados entre as três primeiras colocações para todos os ambientes. O genótipo BRS Angela foi o que obteve a melhor colocação entre as variedades comerciais, alocando-se na 3ª colocação para ambiente Cambuci (2009/2010); na 5ª colocação para os ambientes Cambuci (2010/2011) e Campos dos Goytacazes (2009/2010 e 2010/2011); e na 6ª colocação para ambiente Itaocara (2010/2011). Em relação aos híbridos comerciais, os genótipos Zélia e Jade foram que obtiveram as melhores colocações entre os ambientes avaliados (Tabela 1).

### Conclusão

O índice de Garcia (1998) classificou bem os genótipos de milho-pipoca, sendo os genótipos UNB2U-C5 e P<sub>1</sub> x P<sub>7</sub> que obtiveram os melhores desempenhos.

**Tabela 1.** Índice de Garcia aplicado nas características altura de planta (AP), Estande, capacidade de expansão (CE), acamamento (ACA) e rendimento de grãos (RG) para 16 genótipos de milho pipoca em cinco ambientes.

Genótipos <sup>a</sup>	Conjunto			ACA	RG	I <sub>sc</sub>	ACA Amb2	RG	I <sub>sc</sub>
	AP	Estande	CE	Amb1	Amb1	Amb1 <sup>b/</sup>		Amb2	Amb2
1	184,69(a)	112,20(a)	34,52(b)	7,00(a)	2075,67(a)	2,19	16,33(a)	<b>2500,00(b)</b>	2,26
2	192,57(a)	114,07(a)	33,31(b)	7,67(a)	1658,67(a)	2,19	13,67(a)	<b>2770,00(b)</b>	2,26
3	195,93(a)	109,40(a)	<b>24,41(d)</b>	6,00(a)	2878,00(a)	3,25	17,00(a)	<b>2561,67(b)</b>	3,32

4	<b>207,79(b)</b>	105,73(a)	<b>27,47(c)</b>	9,67(a)	2114,00(a)	3,44	13,33(a)	<b>1497,00(c)</b>	3,85
5	<b>212,12(b)</b>	109,07(a)	<b>27,59(c)</b>	6,33(a)	1915,00(a)	3,37	22,67(a)	<b>1743,67(c)</b>	3,79
6	<b>207,28(b)</b>	116,13(a)	<b>29,77(c)</b>	11,00(a)	2515,67(a)	2,46	15,33(a)	<b>1018,67(c)</b>	2,87
7	200,19(a)	117,53(a)	31,38(b)	8,00(a)	3032,33(a)	3,10	21,33(a)	3240,67(a)	2,86
8	197,35(a)	116,33(a)	35,69(a)	5,65(a)	2577,33(a)	1,99	17,00(a)	3163,67(a)	1,75
9	190,88(a)	113,33(a)	33,36(b)	5,00(a)	2523,33(a)	2,19	18,67(a)	<b>2716,00(b)</b>	2,26
10	186,31(a)	116,33(a)	33,53(b)	5,67(a)	2731,33(a)	2,19	18,33(a)	<b>2577,00(b)</b>	2,26
11	<b>224,90(b)</b>	94,47(a)	37,87(a)	10,00(a)	3534,00(a)	2,90	6,33(a)	<b>2135,67(b)</b>	2,97
12	189,23(a)	112,47(a)	<b>29,11(c)</b>	5,67(a)	2646,33(a)	2,46	10,33(a)	3889,00(a)	2,22
13	189,50(a)	118,13(a)	36,82(a)	3,33(a)	2400,00(a)	1,99	20,67(a)	3125,00(a)	1,75
14	<b>211,78(b)</b>	114,60(a)	<b>20,93(d)</b>	5,00(a)	2679,00(a)	3,72	19,33(a)	3533,67(a)	3,48
15	<b>226,53(b)</b>	112,53(a)	<b>29,54(c)</b>	7,33(a)	3858,00(a)	3,37	23,00(a)	3835,00(a)	3,13
16	198,31(a)	113,20(a)	<b>28,20(c)</b>	7,00(a)	3742,33(a)	2,46	20,00(a)	4051,00(a)	2,22

Genótipos <sup>a</sup>	ACA	RG	I <sub>sc</sub>	ACA	RG	I <sub>sc</sub>	ACA	RG	I <sub>sc</sub>
/	Amb3	Amb3	Amb3	Amb4	Amb4	Amb4	Amb5	Amb5	Amb5
1	5,67(a)	<b>2363,27(b)</b>	2,23	6,33(a)	<b>2171,30(b)</b>	2,33	<b>19,33(b)</b>	<b>1850,31(c)</b>	2,29
2	4,33(a)	<b>2494,29(b)</b>	2,23	6,00(a)	<b>2602,47(b)</b>	2,33	<b>17,33(b)</b>	<b>2047,07(c)</b>	2,29
3	9,33(a)	3701,39(a)	2,92	<b>14,33(b)</b>	<b>2656,64(b)</b>	3,64	7,00(a)	2520,06(b)	2,64
4	4,33(a)	3028,94(a)	3,11	9,00(a)	<b>2663,12(b)</b>	3,58	<b>21,33(b)</b>	<b>1757,87(c)</b>	3,54
5	8,33(a)	<b>2200,00(c)</b>	3,41	<b>14,67(b)</b>	<b>1850,31(b)</b>	3,76	<b>30,33(b)</b>	<b>1243,83(d)</b>	3,75
6	2,67(a)	<b>2353,70(b)</b>	2,50	2,00(a)	<b>2641,20(b)</b>	2,60	<b>16,67(b)</b>	2596,45(b)	2,32
7	6,67(a)	3184,03(a)	2,77	6,00(a)	2989,97(a)	2,80	<b>21,00(b)</b>	2487,65(b)	2,96
8	9,33(a)	3530,09(a)	1,66	8,00(a)	3358,80(a)	1,94	14,00(a)	2608,02(b)	1,84
9	3,67(a)	2819,44(a)	1,86	<b>10,67(b)</b>	<b>2362,96(b)</b>	2,58	9,00(a)	<b>2127,31(c)</b>	1,83
10	6,00(a)	<b>2514,81(b)</b>	2,23	7,33(a)	2899,38(a)	1,89	<b>15,67(b)</b>	<b>1395,06(d)</b>	2,57
11	4,67(a)	3274,69(a)	2,57	<b>11,67(b)</b>	<b>2598,15(b)</b>	3,04	<b>16,00(b)</b>	<b>2079,48(c)</b>	2,54
12	10,00(a)	2930,56(a)	2,13	6,67(a)	3188,27(a)	2,16	6,33(a)	2534,72(b)	1,85
13	2,00(a)	3085,65(a)	1,66	7,33(a)	2720,37(a)	2,13	11,00(a)	3046,30(a)	1,12
14	10,00(a)	3446,76(a)	3,39	<b>11,67(b)</b>	3405,86(a)	3,67	<b>15,67(b)</b>	3245,37(a)	3,31
15	6,00(a)	3357,87(a)	3,04	9,33(a)	3322,92(a)	3,07	<b>22,00(b)</b>	3054,78(a)	2,96
16	7,00(a)	<b>1288,43(c)</b>	2,97	<b>12,00(b)</b>	3287,04(a)	2,41	<b>21,33(b)</b>	3355,71(a)	2,05

<sup>a</sup>1: BRS Angela, 2: UFVM2 – Barão de Viçosa, 3: Viçosa, 4: Beija-Flor, 5: SAM, 6: UNB2U-C3, 7: UNB2U-C4, 8: UNB2U-C5, 9: Zelia, 10: Jade, 11: IAC 112, 12: P<sub>1</sub> x P<sub>3</sub>, 13: P<sub>1</sub> x P<sub>7</sub>, 14: P<sub>2</sub> x P<sub>4</sub>, 15: P<sub>2</sub> x P<sub>9</sub>, e 16: P<sub>3</sub> x P<sub>7</sub>. <sup>b</sup>Amb1: Cambuci (2009/2010), Amb2: Campos dos Goytacazes (2009/2010), Amb3: Cambuci (2010/2011), Amb4: Campos dos Goytacazes (2010/2011), e Amb5: Itaocara (2010/2011).

Médias com as mesmas letras não diferem entre si pelo teste de Scott-Knott ao nível de 5% de probabilidade.

Médias em negrito representam as médias transformadas abaixo do nível mínimo aceitável.

### Literatura Citada

GARCIA, A. A. F.; SOUZA JÚNIOR, C. L. Comparação de índices de seleção não paramétricos para a seleção de cultivares. **Bragantia**, v. 58, n. 2, p. 253-267, 1999.

GOMES, F. P. **Curso de estatística experimental**. Piracicaba: USP/ESALQ, 2000. 477p.

MIRANDA, G. V. et al. Potencial de melhoramento e divergência genética de cultivares de milho pipoca. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 38, n. 6, p. 681–688, 2003.

MOTERLE, L. M. et al. Combining ability of popcorn lines for seed quality and agronomic traits. **Euphytica**, v.185, n. 3, p., 2012.

PEREIRA, M. G.; AMARAL JÚNIOR, A. T. Estimation of genetic components in popcorn based on the nested design. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 1, n. 1, p. 3-10, 2001.

RAMALHO, M. A. P. et al. **Genética quantitativa em plantas autógamas: aplicações ao melhoramento do feijoeiro**. Goiânia: UFG, 1993. 271p.

ROBERTSON, A. **Experimental design on the measurement of heritabilities and genetic correlations**. New York: Pergamon Press, 1959. 186p.

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

SCOTT, A. J., KNOTT, M. A cluster analysis method for grouping means in the analysis of variance. **Biometrics**, North Carolina, v.30, n.3, p. 507-12, 1974

SILVA, V. Q. R. et al. Heterotic parameterizations of crosses between tropical and temperate lines of popcorn. **Acta Scientiarum Agronomy**, v. 33, n. 2, p. 243-249, 2011.

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.