USO DE LINHAGENS PARCIALMENTE ENDOGÂMICAS S₃ PARA A PRODUÇÃO DE HÍBRIDOS SIMPLES DE MILHO

ALEXANDER CHÁVEZ CABRERA

Tese apresentada à Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", Universidade de São Paulo, para a obtenção do título de Doutor em Agronomia, Área de Concentração: Genética e Melhoramento de Plantas.

PIRACICABA
Estado de São Paulo - Brasil
Outubro - 2001

USO DE LINHAGENS PARCIALMENTE ENDOGÂMICAS S₃ PARA A PRODUÇÃO DE HÍBRIDOS SIMPLES DE MILHO

ALEXANDER CHÁVEZ CABRERA

Engenheiro Agrônomo

Orientador: Prof. Dr. CLÁUDIO LOPES DE SOUZA JÚNIOR

Tese apresentada à Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", Universidade de São Paulo, para a obtenção do título de Doutor em Agronomia, Área de Concentração: Genética e Melhoramento de Plantas.

PIRACICABA
Estado de São Paulo - Brasil
Outubro - 2001

Dados Internacionais de Catalogação na Publicação (CIP) DIVISÃO DE BIBLIOTECA E DOCUMENTAÇÃO - ESALQ/USP

Chávez Cabrera, Alexander

Uso de linhagens parcialmente endogâmicas S_3 para a produção de híbridos simples de milho / Alexander Chávez Cabrera. - - Piracicaba, 2001. 123 p.

Tese (doutorado) - Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, 2001. Bibliografia.

1. Endogamia 2. DNA vegetal 3. Linhagem vegetal 4. Marcador genético 5. Melhoramento genético 6. Milho 7. Variedade I. Título

CDD 633.15

"Permitida a cópia total ou parcial deste documento, desde que citada a fonte – O autor"

Este trabalho é uma homenagem,

ao amor de Flor de María, minha amada esposa, e de Silvia, minha adorável filha;

> à memória de Segundo Moisés, meu pai, ao carinho de Nieves Amalia, minha mãe, e de Paul, Wilfredo, Norma Inés e Rolando, os meus irmãos;

> > à imensa amizade da família Beckert: Osmar, Evelin, Tiago e Ricardo; e da família Villela: Francisco, Lucia, Arthur e Bethânia;

> > > aos esquecidos camponeses dos Andes do Peru...

AGRADECIMENTOS

O autor deseja agradecer profundamente às pessoas e instituições que fizeram possível a conclusão deste trabalho. Ao Professor Dr. Cláudio Lopes de Souza Jr. pela sua orientação e ajuda durante o curso. Aos Drs. Herberte Pereira da Silva, Antonio A. Franco Garcia e Anete Pereira de Souza, aos Senhores Ariberto Soares de Oliveira e Antônio Juscelino Desiderio, aos colegas Adelmo Resende da Silva, Alessandra Pereira Favero, Andrea Mittelmann, Antônia Marlene Barbosa, Aurelio Mendes Aguiar, Juan Carlos Pérez e Rogério de Melo Costa Pinto, e a todos os professores e funcionários do Departamento de Genética da Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz" da Universidade de São Paulo, que prestaram sua inestimável apoio durante a permanência na Escola e na finalização deste estudo. Do mesmo modo aos Drs. Shivaji Pandey, Carlos De León e Luis Narro, pesquisadores do Centro Internacional de Melhoramento de Milho e Trigo (CIMMYT), pela sua ajuda incondicional. Finalmente, à Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES), no seu Programa de Estudantes de Convênio/Pós-Graduação (PEC/PG), pela concessão da bolsa de estudos e ao CIMMYT pelo auxílio econômico concedido.

SUMÁRIO

	Página
RESUMO	vii
SUMMARY	ix
1 INTRODUÇÃO	1
2 REVISÃO DE LITERATURA	4
2.1 Híbridos de milho	4
2.2 Endogamia em milho	8
2.3 Similaridade genética	16
3 MATERIAL E MÉTODOS	24
3.1 Material genético avaliado em campo	24
3.1.1 Linhagens	24
3.1.2 Cruzamentos	26
3.2 Material genético avaliado em laboratório: extração do DNA	27
3.3 Instalação dos experimentos	28
3.3.1 Experimentos de campo	28
3.3.2 Experimento em laboratório: amplificações AFLP.	30
3.4 Análises Estatísticas	32
3.4.1 Avaliação das performances per se das linhagens	32
3.4.2 Avaliação dos cruzamentos	37
3.4.3 Avaliação e análise de AFLP's	42
4 RESULTADOS E DISCUSSÃO	44
4.1 Resultados gerais	45
4.2 Avaliação das linhagens <i>per se</i>	45
4.3 Avaliação das linhagens em cruzamentos	51

	vi
4.4 Similaridade genética	58
4.5 Consequências do uso de linhagens S ₃ em programas de híbridos	61
4.6 Considerações finais	63
5 CONCLUSÕES	65
ANEXOS	66
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	87
APÊNDICES	94

USO DE LINHAGENS PARCIALMENTE ENDOGÂMICAS S3 PARA A PRO-DUÇÃO DE HÍBRIDOS SIMPLES DE MILHO

Autor: ALEXANDER CHÁVEZ CABRERA

Orientador: Professor Dr. CLÁUDIO LOPES DE SOUZA JÚNIOR

RESUMO

Linhagens endogâmicas (F≅1,0) são usualmente utilizadas para a produção de híbridos de milho. Devido a elevada depressão por endogamia no milho, as linhagens endogâmicas apresentam baixa produtividade, encarecendo o custo das sementes de híbridos simples e tornando-os inacessíveis para grande parte dos agricultores dos países em desenvolvimento. Uma alternativa para contornar o problema seria utilizar linhagens parcialmente endogâmicas (0,0<F<1,0), selecionadas para capacidade de combinação e uniformidade. Relatos de literatura mostram que (a) híbridos simples de linhagens S₃ (F=0,875) devem apresentar performances superiores as de híbridos triplos e duplos de linhagens endogâmicas; (b) a correlação genética entre híbridos simples de linhagens S₃ e de linhagens endogâmicas (F≅1,0) é elevada (r=0,94); e (c) a produtividade de linhagens S₃ é em média 20% superior a de linhagens endogâmicas. Entretanto, a maior dificuldade em se produzir híbridos simples de linhagens parcialmente endogâmicas referese à manutenção destas, por apresentarem variabilidade genética. Devido a isto, o objetivo deste estudo foi avaliar a viabilidade de se produzir e utilizar híbridos simples de linhagens parcialmente endogâmicas S₃. Para isso, oito linhagens S₃ da população BR-105 e dez linhagens da população BR-106, as quais estão alocadas em grupos heteróticos distintos, selecionadas para capacidade de combinação e uniformidade, originais e mantidas por intercruzamentos e seleção moderada por cinco gerações, foram utilizadas. Durante as gerações de manutenção, pelo menos 50 plantas foram usadas. Estas linhagens e cruzamentos destas com dois testadores de grupos heteróticos diferentes, foram avaliados em quatro ambientes no ano agrícola de 1999/2000. Além disso, as linhagens originais e mantidas foram genotipadas utilizando o marcador molecular AFLP para estimar a similaridade genética entre elas. Os resultados obtidos mostraram que, excetuando-se uma linhagem da população BR-105 em que provavelmente ocorreu contaminação, apenas dois caracteres nas linhagens per se e apenas um caráter nos cruzamentos apresentaram alterações positivas e significativas, de treze caracteres avaliados. Entretanto estas alterações são muito pequenas para serem detectadas visualmente. Os resultados das similaridades genéticas entre as linhagens originais e mantidas, mostraram valores elevados, sendo que o limite superior do intervalo de confiança para a maioria das linhagens atingiu o valor 1,0, indicando que a manutenção das linhagens da forma como foi conduzida as suas integridades genéticas foram mantidas. Estes resultados permitiram concluir que seria viável a utilização de linhagens parcialmente endogâmicas S₃ para a produção comercial de híbridos simples de milho.

USE OF PARTLY INBRED S₃ LINES FOR THE PRODUCTION OF MAIZE **SINGLE-CROSSES**

Author: ALEXANDER CHÁVEZ CABRERA

Adviser: Professor Dr. CLÁUDIO LOPES DE SOUZA JÚNIOR

SUMMARY

Inbred lines ($F \cong 1.0$) are usually used for the production of maize single-crosses. Because of the high inbreeding depression in maize, the inbred lines are lower yielding, which causes the seed prices to be costly and then inaccessible for most of the farmers in the developing countries. One way to circumvent the problem would be the use of partly inbred lines (0.0< F<1.0) selected for combining ability and for uniformity within the lines. Reported results have shown that: (a) theoretically, single-crosses from S₃ lines (F=0.875) are expected to have superior performance than that of three-way and doublecrosses; (b) the genetic correlation of single-crosses from S₃ lines and from their inbred lines (F \approx 1.0) counterparts is fairly high (r=0.94); and (c) S₃ lines are on the average 20% higher yielding than highly inbred lines. However, the main difficulty in the production of single-cross from partly inbred lines is the maintenance of their genetic integrity because of the variability within them. Therefore, the objective of this research was to study the feasibility of the development and the production of single-crosses from S₃ lines. The genetic material included eight original S₃ lines from the BR-105 population, and ten original S₃ lines from the BR-106 population, selected for combining ability and for uniformity within them, and their counterparts maintained by sib-mating and mild selection for five generations. During the generations of maintenance at least 50 plants per line were used. The populations BR-105 and BR-106 have been assigned to distinct heterotic groups. The original, the maintained lines and their crosses with testers from different heterotic groups were evaluated in four environments in the growing season of 1999/2000. Also, the S₃ lines were genotyped with the AFLP molecular marker in order to estimate the genetic similarity between the original and their maintained counterparts. The results showed that out of the 13 traits evaluated only two traits in the lines per se, and only one trait in the crosses changed significantly from the original lines to the maintained counterparts. However those changes are too low to be visually detected. The estimates of the genetic similarities between the original and their maintained counterparts S₃ lines were high, and the upper bound of the confidence interval for most of the lines reach the limit value, i.e., 1.0. These results showed that the approach uses for the maintenance of the S₃ lines was effective and thus the genetic integrity of the lines were maintained. The results of this research could allow one to expect that would be feasible the use of partly inbred S₃ lines for the commercial production of maize singlecrosses.

1 INTRODUÇÃO

O milho (*Zea mays* L) é um dos cereais mais cultivados no mundo. Estima-se que sejam semeados aproximadamente 140 milhões de hectares, dos quais 68% estão localizados nos países em desenvolvimento (96 milhões de hectares). Quatro países cultivam 53,6% dessa área: China, com 26 milhões de hectares; Brasil, com 12 milhões de hectares; México, com 7,5 milhões de hectares e Índia com 6 milhões de hectares (CIMMYT, 1999). A produção global em 1999 foi de 600 milhões de toneladas, dos quais somente 46% foram obtidos nos países em desenvolvimento devido à baixa produtividade média atingida. A produtividade média nos países desenvolvidos é de 8,0 t ha⁻¹, enquanto que nos países em desenvolvimento situa-se em torno de 3,0 t ha⁻¹. Esta grande diferença é atribuída às variações climáticas (tropical versus temperado) e às tecnologias empregadas em ambos os grupos de países (Pingali & Pandey, 2001).

A demanda de milho nos países em desenvolvimento sofrerá incremento de 282 milhões em 1995 para 504 milhões de toneladas no ano 2020 (IFPRI, 2000), e esses países ainda não estão preparados para atingir este objetivo. De acordo com Pingali & Pandey (2001), uma das alternativas para responder a esse desafio seria a adoção de tecnologias que aumentem a produtividade, como o uso de sementes de híbridos.

A utilização de híbridos está associada ao tamanho da propriedade, à renda *per capita* do produtor, à infra-estrutura e ao investimento na pesquisa. O uso reduzido de híbridos está associado basicamente ao elevado preço da semente, ao elevado consumo como alimento humano (Heisey et al., 1998; Morris, 2001; Pingali & Pandey, 2001) e em parte à pequena diferença entre o desempenho dos híbridos e das variedades de polinização livre nas difíceis condições dos trópicos (CIMMYT, 1987). Contudo, tem sido

amplamente provado que os híbridos são superiores às variedades de polinização livre sob condições tropicais mais favoráveis (Vasal et al., 1995). Em consequência, existe uma grande necessidade de pesquisa no intuito de desenvolver programas que gerem linhagens e híbridos adaptados às condições tropicais com custo da semente mais baixo.

O sistema de endogamia-hibridação idealizado por Shull em 1910 ainda permanece como o esquema de melhoramento mais importante para a produção comercial de sementes de milho. Na produção de sementes híbridas, são envolvidos dois fenômenos, endogamia e heterose. A conseqüência inevitável da endogamia é o aumento do nível de homozigose que conduz a um efeito depressivo na expressão dos caracteres, conhecido como depressão endogâmica. A heterose refere-se ao aumento na expressão dos caracteres no cruzamento entre linhagens divergentes.

Uma alternativa à elevada depressão endogâmica em milho seria o uso de linhagens parcialmente endogâmicas na produção de híbridos. Linhagens com endogamia parcial e boa capacidade combinatória podem ser identificadas em avaliações precoces nas primeiras gerações de endogamia (Jenkis, 1935), e tem sido demonstrado que linhagens S₃ produzem em média 20% a mais do que linhagens S₆ ou S₇ (Hallauer & Sears, 1973; Good & Hallauer, 1977). Bernardo (1991) demonstrou que a correlação entre testcrosses de linhagens S₃ e testcrosses dessas mesmas linhagens quando atingem a homozigose apresentam valor elevado (r = 0,94), indicando que as linhagens selecionadas precocemente seriam as mesmas selecionadas no final do processo de endogamia. Também foi demonstrado que com linhagens S₃ pode-se selecionar híbridos simples superiores aos híbridos duplos e híbridos triplos de linhagens homozigotas, devido ao fato de os híbridos simples de linhagens S₃ explorarem maiores quantidades de variância genética que os triplos e duplos citados (Souza Jr., 1992). Pequenas diferenças têm sido reportadas na produção de grãos entre híbridos derivados de linhagens com baixo ou elevado nível de endogamia (Stangland & Russell, 1981; Carlone & Russell, 1988; 1989; Borrero et al., 1992).

Embora se espere que linhagens parcialmente endogâmicas sejam mais produtivas, existe variabilidade genética dentro das linhagens, o que pode dificultar a sua manutenção e limitar o uso na produção comercial de híbridos. Uma das maneiras de minimizar este problema é manter as linhagens através de cruzamentos ao acaso dentro da linhagem, empregando um tamanho adequado da amostra. O emprego de amostras de tamanho pequeno pode causar deriva, originando alterações genéticas e dificultando ainda mais essa manutenção (Stangland & Russell, 1981; Carlone & Russell 1988; 1989).

O objetivo deste trabalho foi avaliar a exeqüibilidade de se produzir híbridos de linhagens parcialmente endogâmicas com três gerações de autofecundação. Para isso, foram comparadas linhagens S₃ de duas populações originais e após cinco gerações de manutenção.

2 REVISÃO DE LITERATURA

2.1 Híbridos de milho

Etimologicamente, o termo híbrido refere-se a qualquer planta produzida a partir de parentais geneticamente diferentes. Em milho, este termo indica, geralmente, cruzamento entre linhagens oriundas de populações diferentes, no intuito de se explorar a heterose (performance superior) existente nos cruzamentos das populações. O número e a composição genética dessas linhagens podem diferir consideravelmente, possibilitando assim a obtenção de diversos tipos de híbridos (Hallauer et al., 1988). Segundo Souza Jr. (1992 e 1997), os tipos de híbridos podem ser divididos em duas categorias: híbridos normais e híbridos modificados. Os normais referem-se a híbridos produzidos com linhagens não relacionadas e os modificados a híbridos produzidos com linhagens modificadas, as quais são cruzamentos de linhagens aparentadas.

Na primeira categoria, híbridos normais, basicamente três tipos de híbridos são encontrados comercialmente: híbridos simples, híbridos triplos e híbridos duplos. Os híbridos simples são produzidos pelo cruzamento de duas linhagens, os híbridos triplos são formados pelo cruzamento de um híbrido simples e uma linhagem e os híbridos duplos são formados pelo cruzamento de dois híbridos simples. Têm-se dois tipos de híbridos triplos: no tipo I, o híbrido simples é oriundo da população 1 e a linhagem é oriunda da população 2 e no tipo II, o híbrido simples é oriundo da população 2 e a linhagem da população 1.

Os híbridos modificados podem ser subdivididos em híbridos simples modificados e híbridos triplos modificados. Os híbridos simples modificados podem ser do tipo I,

tipo II e tipo III. No tipo I, as duas linhagens que formam o híbrido simples são modificadas, isto é, são formadas pelo cruzamento de linhagens aparentadas; no tipo II, uma linhagem modificada oriunda da população 1 é cruzada com uma linhagem pura oriunda da população 2, e no tipo III, uma linhagem pura da população 1 é cruzada com uma linhagem modificada da população 2. O coeficiente de endogamia (F_{LM}) das linhagens modificadas, isto é, do cruzamento das linhagens irmãs, é expresso por $F_{LM} = (\frac{1}{2})(1+F_P)$, onde F_P é o coeficiente de endogamia da planta que gera a progênie em que as linhagens irmãs foram isoladas (Souza Jr., 1992 e 2001). Os híbridos triplos modificados podem ser de dois tipos: híbridos triplos modificados tipo I, onde a linhagem modificada oriunda da população 2 é cruzada com o híbridos simples da população 1, e híbridos triplos modificados tipo II, onde uma linhagem modificada oriunda da população 1 é cruzada com um híbrido simples da população 2 (Souza Jr., 1992).

Além dos híbridos normais e dos híbridos modificados, nos quais a situação mais comum é ter-se estes tipos de híbridos produzidos a partir de linhagens completamente homozigotas (F = 1), existem os híbridos de linhagens com endogamia parcial (0< F <1). Estes híbridos visam diminuir os problemas relacionados com a depressão por endogamia, isto é, redução geral do vigor e da produtividade de uma população quando submetida à endogamia que é muito elevada. Linhagens S₁ ou S₂ ainda apresentam muita variabilidade genética dentro, o que poderia dificultar sobremaneira a sua manutenção. Já em linhagens S₃, em que o coeficiente de endogamia é F = 0,875, o que significa que em média 87,50% dos locos estão em homozigose, a variabilidade genética dentro de linhagens é muito baixa, o que pode viabilizar o uso deste tipo de linhagens para produzir híbridos simples (Souza Jr., 1992 e 2001).

O conceito de endogamia-hibridação foi desenvolvido na primeira década do século passado, porém o uso comercial de híbridos de milho ocorreu após 1930. Shull (1910) verificou que, extraindo linhagens mediante autofecundações sucessivas e cruzando estas linhagens endogâmicas, era possível selecionar os melhores genótipos e reproduzi-los indefinidamente. Este conceito foi de muito interesse, porém o procedimento não foi adotado devido à depressão por endogamia ser muito pronunciada no milho.

Os híbridos simples não foram aceitos inicialmente pelos agricultores devido às sementes serem colhidas em linhagens endogâmicas, de produtividade muito baixa e, portanto, de custo elevado. Posteriormente, foram sugeridos os híbridos duplos e triplos no intuito de diminuir esse custo na produção da semente, uma vez que, ao contrário dos híbridos simples, as sementes dos duplos são colhidas em híbridos simples, que são muito mais produtivos que as linhagens. Foram sugeridas também diversas modificações na obtenção de híbridos em função do número de linhagens envolvidas e da relação entre elas (Pandey, 1998; Souza Jr., 1998 e 2001).

Depois que Jones (1918)¹, citado por Hallauer (1990) sugeriu o uso de híbridos duplos, surgiu um grande interesse pelo potencial dos híbridos em milho. Como a semente dos híbridos duplos seria colhida num híbrido simples, o custo da produção da semente foi reduzido e o preço das sementes tornou-se acessível aos agricultores. A partir de 1922, foi iniciada uma intensiva pesquisa para explorar o potencial dos híbridos e incrementar a produtividade do milho, sobretudo nos Estados Unidos. Foram conduzidas pesquisas para determinar a relação dos caracteres entre linhagens e seus híbridos, métodos para avaliar linhagens em cruzamentos, métodos para determinar a geração de endogamia para avaliar linhagens em híbridos, combinações de linhagens para ser usadas em híbridos duplos, importância relativa da capacidade geral de combinação e da capacidade específica de combinação, e métodos para predizer a performance de híbridos de linhagens avaliadas preliminarmente em híbridos simples e testecrosses (Hallauer, 1999).

Os híbridos duplos foram utilizados exclusivamente até a década de 1960. Foram utilizados métodos de predição da performance destes híbridos baseados nos dados de capacidade de combinação, isto é, o grau de complementação entre eles (Jenkins, 1934). Devido ao fato dos métodos de seleção genealógica serem efetivos no desenvolvimento de linhagens endogâmicas melhoradas a partir de cruzamentos de linhagens elites, foi intensificada a produção de híbridos simples a custos aceitáveis. Por outro lado, Cockerham (1961) demonstrou que a eficiência da seleção entre híbridos simples era maior

que entre híbridos triplos e híbridos duplos, particularmente se os efeitos não aditivos forem importantes. Esse autor demonstrou que o progresso esperado para os híbridos simples de linhagens homozigotas é superior a todos os demais tipos, uma vez que os híbridos simples exploram toda a variabilidade genética disponível. Os híbridos triplos, que exploram 3 4 da variância aditiva (σ_A^2) e 1 2 da variância dominante (σ_D^2), superam os híbridos duplos, que só exploram 1 2 da σ_A^2 e 1 4 da σ_D^2 (Cockerham, 1961). As relativas vantagens entre os três tipos de híbridos aumentam em favor dos híbridos simples quando a variância genética devida a efeitos dominantes e epistáticos são importantes (Hallauer 1999). Na atualidade, os híbridos simples de linhagens endogâmicas são o tipo de híbridos mais utilizados pelos produtores, principalmente nas regiões e países desenvolvidos.

Devido ao grande número de linhagens disponíveis em programas avançados de melhoramento, das quais não se tinha informação disponível de sua performance relativa em cruzamentos, foram sugeridos os testes de avaliação precoce (Jenkins & Brunson, 1932; Jenkins,1935; Sprague, 1946). O principal objetivo desses testes é identificar linhagens com capacidade de combinação acima da média. Os proponentes dos testes de avaliação precoce não sugeriram que haveria um ordenamento exato das linhagens em cruzamentos nas gerações precoces ou nas gerações tardias de endogamia. O intuito principal do seu uso foi que os esforços adicionais de melhoramento (geração de endogamia, seleção e avaliação) seriam dedicados somente às linhagens que apresentassem uma capacidade de combinação acima da média. O teste de avaliação precoce também foi um aspecto importante do método da seleção recorrente, sugerido por Jenkins (1940), Hull (1945) e Comstock et al. (1949), para identificar progênies que possuam a melhor performance em intercruzamentos. Além disso, poderia praticar-se uma seleção efetiva para muitas características antes de conduzir experimentos de avaliação de elevado custo.

¹ JONES, D.F. The effects of inbreeding and crossbreeding upon development. Connecticut Agric. Exp. Stn. Bull. v.207, p.5-100. 1918.

Nos últimos 45 anos, uma das mais significativas mudanças no melhoramento de milho têm sido o incremento no uso do teste de avaliação em gerações precoces de endogamia. É comum que os melhoristas avaliem linhagens nas gerações S_1 , S_2 e S_3 as quais são similares às gerações usadas na seleção recorrente. A tendência atual dos melhoristas é continuar com a seleção em gerações avançadas de endogamia para linhagens com capacidade de combinação acima da média, identificadas em gerações precoces de endogamia, isto é, antes de atingir a geração S_6 ou S_7 de endogamia.

2.2 Endogamia em milho

A endogamia refere-se ao sistema de cruzamento entre plantas aparentadas. Em milho, a endogamia produz principalmente uma redução no vigor e produtividade e um retardamento no florescimento. Esses fenômenos são denominados de depressão por endogamia, podendo a produtividade das linhagens endogâmicas ser, em média, 68% menor do que a das linhagens não endogâmicas. A altura de plantas é reduzida em 25% e o número de dias para o florescimento aumenta em 6,8% com endogamia ou homozigose completa (Hallauer, 1990). Os efeitos da endogamia dependem do tipo de população base e dos antecedentes de seleção da população que está sendo melhorada. A depressão por endogamia ocorre devido à expressão dos alelos recessivos deletérios ou letais que compõem a carga genética da população e, também, devido à redução dos locos em heterozigose.

Diversos estudos têm sido feitos no intuito de mensurar a depressão por endogamia no milho. Assim, Hallauer & Sears (1973) avaliaram as mudanças agronômicas associadas à endogamia obtida durante sete gerações sucessivas de autofecundação da variedade sintética Iowa Stiff Stalk Synthetic (BSSS). Mediante análises de regressão, mostraram que, para muitos caracteres avaliados, a relação entre a performance média e os níveis de endogamia da população pode ser descrita mediante um modelo genético baseado nos efeitos cumulativos dos locos com dominância, isto é, a depressão por endogamia resultou de um aumento na freqüência de locos com alelos recessivos deletérios

em homozigose e da redução do número de locos em heterozigose. A partir de linhagens não selecionadas da mesma população BSSS, Good & Hallauer (1977) estimaram as taxas da depressão entre linhagens desenvolvidas mediante três sistemas de endogamia: autofecundação, progênies de irmãos germanos e a combinação de ambos.

Hallauer & Sears (1973) e Good & Hallauer (1977) detectaram taxas similares de depressão por endogamia: -4490 Kg ha⁻¹ e -4610 Kg ha⁻¹, respectivamente, isto é, a produtividade diminui em 4500 Kg ha⁻¹ de S₀ até S₇. Verificaram que todos os caracteres de planta e espiga também diminuíram em forma similar. Esses autores observaram também que, para o caráter florescimento, a homozigosidade acarretou incrementos de 4,6 dias (Hallauer & Sears, 1973) e de 5,2 e 3,0 dias (Good & Hallauer, 1977). De acordo com os resultados obtidos por esses autores, verifica-se que a produção de grãos durante a endogamia têm uma relação linear com o incremento da homozigozidade das linhagens e que linhagens S₂ ou S₃ são usualmente mais produtivas que suas derivadas altamente endogâmicas. A produtividade de linhagens S₃ é da ordem de 19,2% a 20,0% superior a de linhagens S₆.

Entre 1981 e 1989, foram realizados trabalhos com linhagens S_2 oriundas da população sintética BSSS, no intuito de avaliar a variabilidade destas linhagens em comparação a suas correspondentes linhagens S_6 ou S_8 , tanto ao nível *per se* quanto em cruzamentos com testadores altamente endogâmicos não relacionados. Assim, Stangland & Russell (1981) compararam a variabilidade fenotípica de híbridos $S_2 \times S_2$ com a variabilidade de híbridos $S_8 \times S_6$ (as linhagens S_6 e S_8 são as mesmas linhagens S_2 avançadas) e de vários híbridos comerciais como testemunhas. A produtividade média dos híbridos $S_2 \times S_2$ foi similar à dos híbridos $S_8 \times S_6$, embora os híbridos $S_2 \times S_2$ diferiram significativamente dos híbridos $S_8 \times S_6$ na variabilidade para altura de planta, porcentagem de umidade, altura de espiga, número de fileiras por espiga e diâmetro de espiga. Como grupo, os híbridos $S_2 \times S_2$ foram significativamente mais variáveis do que os híbridos $S_8 \times S_6$ para todos os caracteres avaliados, exceto diâmetro de espiga. Comparados com as testemunhas, os híbridos $S_2 \times S_2$ foram similares aos híbridos duplos de cruzamentos simples relacionados. Reportaram que todos os híbridos $S_2 \times S_2$ avaliados tiveram, pelo menos, 3

de seus caracteres mais variáveis do que as testemunhas, que eram híbridos simples de linhagens puras. Contudo, muitos dos híbridos $S_2 \times S_2$, foram mais uniformes do que alguns híbridos testemunhas para altura de planta e de espiga. A heterogeneidade genotípica dentro dos híbridos $S_2 \times S_2$ respondeu por 32% da variabilidade quando comparada com a testemunha, o híbrido simples B73×Mo17. Esses autores sugeriram que a seleção entre híbridos $S_2 \times S_2$ pode ser possível pela variabilidade aceitável e que tais híbridos podem ter vantagens devido ao grande vigor das linhagens S_2 para a produção de sementes.

Apesar de Stangland & Russel (1981) relatarem vantagens sobre maior uniformidade e maior produção dos híbridos $S_2 \times S_2$ em relação a híbridos simples $S_1 \times S_1$, esses autores manifestaram grande preocupação sobre a produção de sementes daquele tipo de híbridos, isto é, se linhagens parcialmente endogâmicas (S₂) poderiam ser mantidas mediante intercruzamentos dentro das linhagens sem ocorrência de mudanças genéticas causadas por deriva genética. Com esse objetivo e empregando as mesmas linhagens S₂, Carlone & Russell (1988) fizeram um estudo para determinar se houve mudanças mensuráveis em um ou mais caracteres depois de várias gerações de manutenção por intercruzamentos e, além disso, obter informações acerca do número de plantas necessárias para a manutenção de linhagens S2, de tal maneira que a integridade genética da linhagem não se altere devido ao tamanho da amostra. Eles compararam a performance per se de 14 linhagens originais e suas progênies reproduzidas durante várias gerações de intercruzamentos. A manutenção das linhagens foi realizada empregando 10 e 20 plantas, durante seis gerações, sendo que em quatro linhagens foi praticada uma seleção moderada durante a manutenção. Comparadas como grupo, as linhagens S2 originais (3,83 t ha 1) produziram mais que as linhagens S₂ mantidas usando 10 plantas (3,66 t ha⁻¹) e 20 plantas $(3,63 \text{ t ha}^{-1})$. Entretanto, as linhagens S_2 mantidas usando seleção moderada apresentaram produtividade semelhante ao grupo original de linhagens S2. Comparações individuais entre cada linhagem S2 original e sua correspondente S2 mantida detectaram mudanças significativas nas linhagens mantidas em ambas as direções, positiva e negativa, para 50% das características. Além disso, quando comparadas as linhagens originais com suas derivadas mantidas, usando 10 plantas, estas foram menos estáveis que suas similares mantidas usando 20 plantas. Os autores concluíram que a integridade genética das linhagens S₂ originais não foi preservada usando tamanho de amostra de 10 ou de 20 plantas para o caráter produção de grãos. Contudo, as mudanças nas performances das linhagens foram pequenas, comparadas com as mudanças que poderiam ocorrer se as linhagens tivessem sofrido mais endogamia através de métodos genealógicos convencionais (Carlone & Russell, 1988).

Visando comparar a performance das linhagens S₂ anteriores com suas derivadas S₈, em cruzamentos, no intuito de detectar mudanças genéticas nas linhagens S₂ depois de varias gerações de intercruzamento ou depois de endogamia adicional (linhagens S₈), Carlone & Russell (1989) avaliaram a performance de 14 linhagens S₂ originais, cada linhagem S₂ mantida utilizando 10 e 20 plantas por geração, 4 linhagens também mantidas utilizando seleção moderada para caracteres agronomicamente desejáveis, e suas derivadas linhagens S₈, em cruzamentos com dois testadores não relacionados. Observaram diferenças significativas entre grupos para 8 das 14 características avaliadas, porém as diferenças de produção de grãos não foram significativas. As comparações individuais entre cada linhagem S2 original e sua correspondente linhagem S2 mantida, mostraram que diferenças significativas ocorreram entre ambas as direções, positiva e negativa, para muitos caracteres, indicando a presença de mudanças genéticas. Os cruzamentos com as linhagens S₂ mantidas com 10 plantas por geração, geralmente tendem a ser menos estáveis do que se elas fossem mantidas utilizando 20 plantas. Para produção de grãos, somente uma linhagem S2 mantida diferenciou-se significativamente de sua correspondente S₂ original, e 3 linhagens S₈ apresentaram uma mudança significativa. Assim, a manutenção de linhagens S2 mediante cruzamentos ao acaso usando 10 ou 20 plantas, ou utilizando seleção moderada, têm pequenos efeitos na capacidade de combinação das linhagens individuais S₂.

No entanto, Stangland & Russell (1981) e Carlone & Russel (1988 e 1989) indicaram a existência de problemas potenciais na utilização de linhagens parcialmente endogâmicas na formação de híbridos. De fato, o vigor das plantas pode tornar mais difícil o "roguing" de plantas atípicas nos campos de produção. A variabilidade genética, dentro das linhagens, poderia trazer problemas para a manutenção destas devido à deriva genética ou mudanças aleatórias das freqüências gênicas. A conversão de linhagens parcialmente endogâmicas para macho esterilidade citoplasmática ou para restauração de pólen também poderia aumentar as dificuldades na manutenção.

Contudo, todas as dificuldades anteriormente descritas poderiam ser minimizadas realizando-se cruzamentos ao acaso dentro das linhagens utilizando-se um grande número de plantas de cada geração ou mediante a preservação de sementes em câmara fria. Carlone & Russell (1989), demonstraram que a manutenção de linhagens S₂ mediante intercruzamentos dentro da linhagem, usando 10 ou 20 plantas, têm pequenos efeitos na capacidade de combinação das linhagens individuais S₂. Esses autores manifestaram que a esse tipo de seleção ajudou a produzir cruzamentos que são parecidos aos híbridos originais de linhagens S₂, de forma mais eficiente que outros procedimentos de manutenção. Isto confirma a hipótese de que a seleção moderada pode ser usada como ferramenta efetiva na manutenção da integridade genética de linhagens S₂.

Até finais da década de 80, a maioria dos trabalhos relacionados com o processo de seleção precoce estiveram restritos a linhagens S_1 e S_2 , baseados em avaliações de linhagens $per\ se$ e de seus cruzamentos com testadores não relacionados. A partir de 1990, foram retomadas essas pesquisas, porém, objetivando o uso de linhagens S_3 ou S_4 . Assim, foi sugerido que pode ser feita uma seleção entre e dentro de progênies S_2 e que a avaliação dos testecrosses poderia iniciar-se na geração S_3 . Por outro lado, é mais fácil avaliar 100 cruzamentos na geração S_3 do que produzir e testar 500 ou 600 cruzamentos de linhagens S_1 .

Borrero et al., (1992) avaliaram a performance de híbridos simples interpopulacionais de linhagens S₁, S₂, S₃ e S₄ derivadas de duas populações tropicais (Poza Rica 8024 e Pichilingue 7928) com as performances do híbrido interpopulacional (HV), das populações *per se* e a de uma cultivar de polinização livre (CPL) local, no intuito de determinar o efeito do nível de endogamia das linhagens, assim como sua estabilidade e uniformidade. Determinaram que as testemunhas CPL foram mais apropriadas para am-

bientes tropicais menos férteis do que os híbridos. Além disso, o HV e as CPLs, isto é, Poza Rica 8024, Pichilingue 7928 e a cultivar local, apresentaram maior variação para número de grãos por fileira do que os híbridos simples, e os híbridos simples de linhagens S₄ apresentaram a variação mais baixa para caracteres de espiga e grão do que os outros híbridos. Ressaltaram que devido ao fato dos híbridos simples de linhagens S₁, S₂, S₃ e S₄ e HV serem similares em produtividade e estabilidade, híbridos superiores não convencionais e híbridos de linhagens parcialmente endogâmicas podem ser desenvolvidos a custos baixos e perfeitamente explorados nos países em desenvolvimento. Todavia, os autores indicam que seus resultados não poderiam generalizar-se devido ao fato de as linhagens serem selecionadas visualmente para produtividade e outros caracteres agronômicos e porque não foi avaliada sua performance *per se* nem sua capacidade de combinação.

Com ajuda de novos conceitos em genética quantitativa, novas pesquisas são realizadas, com o objetivo de solucionar a controvérsia gerada em relação a qual geração de endogamia as linhagens deveriam ser avaliadas para capacidade de combinação. A seleção para capacidade de combinação das linhagens parcialmente endogâmicas S₃ aumentaria essa eficiência, devido a que "o número de linhagens seria reduzido substancialmente antes de atingir a homozigose completa, o que reduziria a quantidade de recursos e esforços envolvidos nas atividades de autofecundação. Além disso, o programa iria se concentrar em um número menor de linhagens e, também, seria ampliado, pois, com a redução precoce do número de linhagens pode-se aumentar o número de populações que serão submetidas à autofecundação" (Souza Jr., 2001).

Nesse contexto, Bernardo (1991) demonstrou que a correlação genética entre testecrosses (cruzamentos de linhagens com um testador comum não relacionado) de linhagens parcialmente endogâmicas (S_n) e testecrosses destas linhagens quando atingirem a homozigose ($S_{n'}$), é uma função dos coeficientes de endogamia (F) das duas gerações de endogamia. Esta correlação é igual a $r_{GnGn'} = [(1+Fn)/(1+Fn')]^{0.5}$, assim, a correlação genética esperada entre testecrosses de linhagens em diferentes gerações de endogamia varia de 0,71 (para linhagens $S_n = S_1$, com F = 0) até 1,00 (para linhagens intei-

ramente homozigotas, $S_{n'}$, com F=1). A correlação genética entre testecrosses nas gerações n e n' $(r_{GnGn'})$ aumenta conforme a diferença entre seus coeficientes de endogamia $(F_{n'}-F_n)$ diminui. Os valores desta correlação genética entre testecrosses de linhagens S_1 e suas descendentes diretas, linhagens homozigotas (S_{∞}) , é $(\frac{1}{2})^{0.5}=0.71$. Como os acréscimos na correlação $r_{GnG\infty}$ aumentam com cada geração adicional de endogamia, verifica-se que a capacidade de combinação das linhagens é determinada em gerações precoces e permanece relativamente estável com o decorrer das gerações de autofecundação. Essa correlação é igual a 0,87 para linhagens S_2 , 0,94 para linhagens S_3 , 0,97 para linhagens S_4 , 0,98 para linhagens S_5 , e 0,99 para linhagens S_6 . A partir da geração S_3 , a correlação com a geração S_{∞} já pode ser considerada muito elevada $(r_{GnG\infty}=0.94)$, e os acréscimos para as gerações sucessivas são muito pequenas.

Na mesma época, Souza Jr. (1992) expandiu os trabalhos de Cockerham (1961), derivando as variâncias genéticas, porém a nível interpopulacional, para permitir comparações de diversos tipos de híbridos. Demonstrou que, para qualquer nível de endogamia das linhagens, as variâncias genéticas dos principais tipos de híbridos são:

$$\begin{split} &\sigma_{HS}^2 = \left(\frac{l+F}{4}\right) \ \sigma_{A_{12}}^2 \ + \left(\frac{l+F}{4}\right) \ \sigma_{A_{21}}^2 \ + \frac{\left(l+F\right)^2}{4} \ \sigma_{D_{(12)}}^2 \\ &\sigma_{HTI}^2 = \left(\frac{l+F}{8}\right) \ \sigma_{A_{12}}^2 \ + \left(\frac{l+F}{4}\right) \ \sigma_{A_{21}}^2 \ + \frac{\left(l+F\right)^2}{8} \ \sigma_{D_{(12)}}^2 \\ &\sigma_{HTII}^2 = \left(\frac{l+F}{4}\right) \ \sigma_{A_{12}}^2 \ + \left(\frac{l+F}{8}\right) \ \sigma_{A_{21}}^2 \ + \frac{\left(l+F\right)^2}{8} \ \sigma_{D_{(12)}}^2 \\ &\sigma_{HD}^2 = \left(\frac{l+F}{8}\right) \ \sigma_{A_{12}}^2 \ + \left(\frac{l+F}{8}\right) \ \sigma_{A_{21}}^2 \ + \frac{\left(l+F\right)^2}{16} \ \sigma_{D_{(12)}}^2 \end{split}$$

em que: σ_{HS}^2 , σ_{HTI}^2 , σ_{HTII}^2 e σ_{HD}^2 referem-se às variâncias genéticas de híbridos simples, híbridos triplos tipo I e tipo II e de híbridos duplos, respectivamente, σ_{A12}^2 é a variância genética aditiva interpopulacional com a população 1 de referência, σ_{A21}^2 é a variância genética aditiva interpopulacional com a população 2 de referência, $\sigma_{D(12)}^2$ é a variância

genética dominante interpopulacional e F é o coeficiente de endogamia da planta que deu origem à linhagem e não ao F da linhagem.

Souza Jr. (1992) indicou que quando não é possível obter linhagens devido à depressão por endogamia ser muito elevada, uma forma de contornar esse problema seria a utilização de linhagens parcialmente endogâmicas S_3 , que possuem variabilidade genética dentro muito baixa, o que facilitaria a sua manutenção, em comparação com linhagens S_1 e S_2 , as quais ainda apresentam muita variabilidade genética dentro. O coeficiente de endogamia das linhagens S_3 é F=0,875, o que poderia viabilizar o uso deste tipo de linhagens para produzir híbridos simples (Souza Jr., 1992 e 2001). Por outro lado, o uso de linhagens S_3 pode evitar a carga genética que apresentam as linhagens S_1 ou S_2 , devido ao fato das linhagens S_3 serem selecionadas durante três gerações de autofecundação (Rezende & Souza Jr., 2000).

Adicionalmente, Souza Jr. (1992) demonstrou que as diferenças entre as variâncias genéticas dos híbridos simples de linhagens S_3 ($F = \frac{3}{4}$, neste caso o F refere-se à planta que deu origem à linhagem endogâmica) e de linhagens S_{∞} (F = 1) são muito pequenas, especialmente as variâncias aditivas, como pode-se verificar nas seguintes expressões:

$$\begin{split} \sigma_{\mathrm{HS}(\mathrm{S}_3)}^2 &= (0.4375)\sigma_{\mathrm{A}_{12}}^2 + (0.4375)\sigma_{\mathrm{A}_{21}}^2 + (0.7656)\sigma_{\mathrm{D}_{(12)}}^2 \\ \\ \sigma_{\mathrm{HS}(\mathrm{S}\infty)}^2 &= (0.5000)\sigma_{\mathrm{A}_{12}}^2 + (0.5000)\sigma_{\mathrm{A}_{21}}^2 + (1.0000)\sigma_{\mathrm{D}_{(12)}}^2 \,, \end{split}$$

mostrando também que é possível selecionar híbridos simples de linhagens S_3 , superiores aos híbridos triplos de linhagens S_∞ , e híbridos triplos de linhagens S_2 ou S_3 superiores aos híbridos duplos de linhagens S_∞ . Comprovou, ainda, que o progresso esperado com a seleção de híbridos simples de linhagens S_3 é muito parecido ao esperado com a seleção de híbridos simples de linhagens S_∞ .

Em consequência, se as linhagens S₃ superam em 20% a produção de grãos das linhagens S₆ (Hallauer & Sears, 1973; Good & Hallauer, 1977); se os resultados obtidos por Bernardo (1991) corroboram a hipótese de "individualidade e estabilidade precoce" das linhagens, apresentada por Jenkins (1935); se algumas linhagens obtidas mediante

seleção precoce por Jenkins (1935), Sprague (1946) e Sprague & Miller (1952) ainda continuam sendo usadas extensivamente como material parental na geração de híbridos, indicando as vantagens e a alta confiabilidade desse tipo de seleção; e se a variância genética dos híbridos simples obtidos a partir de linhagens parcialmente endogâmicas não é muito diferente daquela dos obtidos a partir de linhagens completamente endogâmicas, é superior à variância genética de híbridos triplos e, também, superior à de híbridos duplos (Souza Jr, 2001); então, a geração S₃ "deve ser considerada ideal para se praticar a seleção precoce, isto é, não existem argumentos técnicos para se postergar a avaliação e seleção das linhagens para capacidade de combinação além dessa geração" (Souza Jr., 2001).

Baseado nos trabalhos citados anteriormente, no Brasil, Souza Jr. (1995) estudou a possibilidade de produzir híbridos simples de linhagens S₃. A partir de duas populações divergentes, BR105 e BR106, obteve 400 linhagens S₃ as quais foram avaliadas em cruzamentos, sendo que os testadores foram as populações recíprocas. Foram selecionadas 40 linhagens de cada população com base na capacidade geral de combinação. A seguir, praticou seleção visual para comportamento *per se* das linhagens selecionadas por três gerações, ficando ao final com 8 linhagens da BR105 e com 10 da BR106. Foram produzidos, então, os 80 híbridos simples possíveis, os quais foram avaliados junto com híbridos comerciais. Os resultados mostraram que 27 híbridos S₃×S₃ superaram a média das cinco testemunhas superiores e que seis híbridos S₃×S₃ superaram a testemunha superior, um híbrido simples comercial, bem como que a variabilidade fenotípica tanto dos híbridos simples comerciais quanto a variabilidade dos híbridos S₃×S₃ não diferiu.

2.3 Similaridade genética

Existem poucas pesquisas que empreguem marcadores moleculares relacionadas diretamente com o objetivo do presente trabalho. Numa delas, empregando isoenzimas, Carlone & Russel (1998) compararam linhagens S₂ originais com suas correspondentes

S₂ mantidas para determinar se sua integridade genética foi mantida após seis gerações. As diversidades genéticas das linhagens S₃ das populações BR105 e BR106 utilizadas neste trabalho foram obtidas no intuito de se predizer a performance dos seus híbridos, utilizando o marcador molecular RAPD (Lanza et al., 1997) e RFLP (Benchimol et al., 2000). Os outros trabalhos relatados a seguir referem-se ao uso de AFLP, mas sua relação não é tão direta com esta pesquisa.

A importância da genética molecular na pesquisa do milho aumentou nos últimos 25 anos. São diversas as técnicas de marcadores moleculares empregadas para auxiliar o melhoramento do milho. Os primeiros marcadores moleculares usados nesse sentido foram as isoenzimas, seguidas dos RFLP (polimorfismo no comprimento de fragmentos de restrição), RAPD (polimorfismo de DNA amplificado ao acaso), STS (sítios marcados por sequência), SSR (sequências simples repetidas ou microssatélites) e AFLP (polimorfismo de comprimento de fragmentos amplificados) [Ferreira & Grattapaglia, 1998].

O resultado final dos ensaios com marcadores moleculares é um padrão característico de bandeamento. Esse padrão também é conhecido como fingerprinting de DNA ou impressão digital genética de cada indivíduo. Cada indivíduo possui uma seqüência característica de nucleotídeos que compõem seu DNA. A detecção das diferenças entre estas seqüências, seja através do polimorfismo isoenzimático ou do polimorfismo de fragmentos de DNA, revela uma padrão único, uma impressão digital genética, que pode ser usada na identificação de indivíduos (Ferreira & Grattapaglia, 1998). Se o modo de herança é conhecido e cada banda pode ser atribuída a um alelo de um loco marcador, pode-se calcular estimativas de similaridade genéticas entre duas unidades taxonômicas a partir de diferenças nas freqüências alélicas nos locos marcadores (Melchinger, 1999).

Devido o alto custo das análises com marcadores moleculares, é necessário conhecer a variação associada com as estimativas de similaridade genética para determinar o número mínimo de marcadores requeridos para um dado nível de precisão nas estimativas. Este último depende do número de marcadores analisados, sua cobertura do genoma e o grau de polimorfismo nos materiais pesquisados (Melchinger, 1999). Nesse

sentido, existe a preocupação em conhecer qual dos sistemas de marcadores é mais apropriado para diversas aplicações no melhoramento de plantas.

Antes de discutir os resultados obtidos com marcadores moleculares do tipo isoenzimas e AFLP em milho, é pertinente anotar o que significa o termo similaridade. Um
conceito fundamental na utilização das técnicas de análise de agrupamento é a escolha
de um critério que meça a distância entre dois objetos ou unidades taxonômicas em geral, ou que quantifique o quanto eles são parecidos. Esta medida é chamada de coeficiente de parecença (Bussab et al., 1990) Cabe observar que tecnicamente a medida da parentesco pode-se dividir em duas categorias: medidas de similaridade e medidas de dissimilaridade. Na primeira, quanto maior o valor observado mais parecidos são os objetos. Já para a segunda, quanto maior o valor observado menos parecidos (mais dissimilares) serão os objetos. O coeficiente de correlação é um exemplo de medida de similaridade, enquanto que distância euclideana é um exemplo de dissimilaridade (Bussab et al.,
1990).

Carlone & Russell (1988), compararam linhagens S₂ originais com suas correspondentes S₂ mantidas, para determinar se suas integridades genéticas foram mantidas após seis gerações de intercruzamentos. Além da avaliação em campo, as linhagens S₂ foram avaliadas empregando eletroforese para sete locos enzimáticos. Oito plantas individuais dentro de cada linhagem foram avaliadas para cada loco enzimático para determinar se as linhagens segregavam em algum loco. Se a linhagem original segregava para um loco, sua correspondente mantida foi avaliada para o mesmo loco para determinar se este tornava-se fixo ou permanecia segregando. Determinaram que uma pequena porção das linhagens originais segregaram para algum loco marcador enzimático. Esses resultados eram previsíveis por se tratar de linhagens parcialmente endogâmicas, nas quais muitos dos locos já foram fixados. Aproximadamente 60% das linhagens que segregaram estes 7 locos foram fixadas depois da manutenção utilizando-se 10 plantas, enquanto que 40% foram fixadas depois da manutenção utilizando 20 plantas. Estes dados indicaram que a manutenção das linhagens S₂ mediante o uso de uma amostra de tamanho pequeno causou a fixação dos locos marcadores que estiveram segregando normalmente

dentro das linhagens originais. Os resultados de laboratório corroboraram aqueles obtidos em campo, concluindo que o uso de 20 plantas, ao invés de 10 plantas, durante o processo de intercruzamento, causou menor número de mudanças genéticas.

O desenvolvimento da PCR (reação de polimerase em cadeia) expandiu as metodologias e a eficiência dos sistemas de marcadores de DNA, os quais incluem o método de AFLP desenvolvido por Zabeau & Vos (1993). Este método têm como vantagem, sobre os demais sistemas, a detecção de um grande número de polimorfismos, a partir de uma simples reação de PCR e em curto período de tempo, além do requerimento de pequenas quantidades de DNA (Ajmone-Marsan *et al.*, 1999 e 2000).

O AFLP é uma técnica de DNA fingerprinting baseada na amplificação seletiva de fragmentos de restrição procedentes de uma digestão total de DNA genômico. Segundo Vos et al. (1995) a técnica envolve 3 passos: (i) restrição do DNA e ligação de adaptadores oligonucleotídicos, (ii) amplificação seletiva de séries de fragmentos de restrição, e (iii) análise em gel dos fragmentos amplificados. A amplificação por PCR de fragmentos de restrição é obtida mediante o uso de um adaptador e do seqüenciamento de sítios de restrição como sítios alvo para o anelamento do primer. A amplificação seletiva é conseguida pelo uso de primers que se estendem nos fragmentos de restrição, amplificando somente esses fragmentos, nos quais as extensões do primer unem-se aos nucleotídeos, flanqueando os sítios de restrição.

Usando este método, podem ser visualizadas séries de fragmentos de restrição sem o conhecimento das seqüências nucleotídicas. O método permite a co-amplificação específica de um número elevado de fragmentos de restrição. O número de fragmentos que podem ser analisados simultaneamente, contudo, é dependente da resolução do sistema de detecção. Normalmente 50 a 100 fragmentos de restrição são amplificados e detectados em géis de desnaturação de poliacrilamida. O AFLP é uma nova e poderosa técnica de fingerprinting para DNAs de qualquer origem e complexidade (Vos et al., 1995).

Os AFLPs geralmente mostram um nível de polimorfismo, por loco marcador, mais baixo do que os RFLPs, porém, devido ao grande número de bandas analisadas

simultaneamente por combinação de primer, usualmente têm o maior índice de marcadores entre todos os sistemas de marcadores disponíveis, o que proporciona uma medida global da eficiência do marcador para discriminação entre genótipos. As distâncias genéticas estimadas, baseadas em RFLPs e AFLPs, mostraram altas correlações em estudos com cevada e milho e também boa concordância com dados genealógicos em milho (Melchinger et al., 1998).

Algumas pesquisas que comparam a técnica AFLP com os demais sistemas de marcadores moleculares indicam que o método AFLP é altamente eficiente, pois detecta simultaneamente diversas bandas polimórficas entre linhagens endogâmicas de milho (Smith et al., 1993; Pejic et al., 1998; Ajmone-Marsan et al., 1998; 1999; Wu, 2000); oferece um confiável e efetivo método de avaliar a variabilidade genética; e estuda as relações entre linhagens endogâmicas, proporcionando uma alternativa para predizer a performance de heterose em híbridos de milho (Ajmone-Marsan et al., 1998; Wu, 2000).

Smith et al. (1993) analisaram 48 linhagens endogâmicas usando 370 bandas RFLP e 135 bandas AFLP. As duas metodologias identificaram agrupamentos das linhagens relacionados com sua genealogia, em grupos similares. Os AFLPs ofereceram mais vantagens que os RFLPs na compreensão da diversidade genética relativa à alocação de linhagens endogâmicas dentro de grupos heteróticos, bem como à classificação dentro dos grupos e à correlação desses dados com dados de performance.

Smith et al. (1994) usaram 20 primers AFLP com 347 bandas polimórficas e 40 primers de AP-PCR (arbitrarily primed polymerase chain reaction) com 258 bandas polimórficas, na análise de 37 linhagens endogâmicas com relação a sua genealogia, produtividade da F₁, heterose e dados de RFLP. As correlações entre distâncias genéticas das linhagens para AFLP foram de 0,92 com a produtividade das F₁'s, 0,84 com a heterose, 0,90 com a genealogia, 0,91 e 0,88 com as distâncias genéticas obtidas por RFLP e AP-PCR. As correlações entre distâncias genéticas das linhagens para AP-PCR foram de 0,92 com a produtividade das F₁'s, 0,84 com a heterose, 0,85 com a genealogia e 0,85 com as distâncias genéticas obtidas por RFLP. A partir das correlações, a análise de agrupamento das linhagens usando distâncias de AFLP e AP-PCR, resultaram em associações de linhagens que concordaram estreitamente com

ações de linhagens que concordaram estreitamente com aquelas geradas a partir de R-FLP e dos dados de distância genealógicos (1 – Coeficiente de Similaridade de Malécot).

Pejic et al. (1998) avaliaram 33 linhagens endogâmicas de milho, com 4 marcadores moleculares: RFLPs, RAPDs, SSRs e AFLPs. O número total de bandas polimórficas identificadas oscilou entre 90 (RAPDs) e 253 (RFLPs) e, em média, o número de alelos efetivos por loco foi de 3,2 para RFLPs, 6,8 para SSRs e 1,6 para RAPDs e A-FLPs. O conteúdo de informação, medido pela heterozigosidade e o número médio de alelos, foi mais alto para os SSRs, e mais baixo para os AFLPs. Contudo, os AFLPs foram mais eficientes devido a sua capacidade para revelar múltiplas bandas numa simples amplificação. Esses autores calcularam um índice de eficiência para cada ensaio como a relação entre o número de alelos efetivos identificados por loco e o número das bandas polimórficas detectadas em cada ensaio. Em geral, o marcador mais eficiente foi o de AFLPs (61,9) e o menos eficiente, o de RFLPs (3,2). Os marcadores RAPDs e SSRs (5,8 e 4,2, respectivamente) foram comparáveis a RFLPs. A correlação entre coeficientes de parentesco (f) e dados de similaridade genética obtida nos quatro sistemas foi altamente significativa (P≤0,01), sendo que RAPDs e AFLPs mostraram a menor e a maior correlação (r = 0.40 e r = 0.62), respectivamente. Em geral, os coeficientes de correlação cofenética foram de médios a altos (0,84 para RFLPs, 0,83 para AFLPs, 0,80 para SSRs e 0,72 para RAPDs). Em particular, as similaridades genéticas baseadas em AFLPs mostraram uma correlação elevada com os dados genealógicos e as baseadas em RAPDs mostraram uma correlação mais baixa.

Ajmone-Marsan et al. (1998) analisaram 13 linhagens endogâmicas e a relação entre a distância genética e a performance dos híbridos resultantes dos cruzamentos dialélicos entre elas. Avaliaram o polimorfismo do DNA das linhagens parentais usando 135 RFLPs (2 a 9 bandas por combinação sonda-enzima) e 209 AFLPs (30 a 120 bandas por combinação de primers). As distâncias genéticas estimadas entre as linhagens de BSSS (Iowa Stiff Stalk Syntethic), LSC (Lancaster Surecrop) e grupos heteróticos miscelâneos, calculadas com RFLP e AFLP, tiveram valores médios quase idênticos (0,459).

vs. 0,462). Todavia, as distâncias genéticas de AFLPs tiveram uma amplitude similar (0,195 a 0,639) à amplitude dos RFLPs (0,241 a 0,599). Conforme as expectativas desses autores, as médias das distâncias genéticas foram significativamente maiores para a combinação de linhagens de diferentes origens (0,518 e 0,507, respectivamente) do que para BSSS × BSSS (0,347 e 0,364) e LSC × LSC (0,311 e 0,372, respectivamente). Nos dendrogramas obtidos, ambos marcadores separaram as linhagens dos grupos heteróticos BSSS e LSC e detectaram relação de genealogia entre as linhagens. Os autores sugerem que os AFLPs oferecem um confiável e efetivo meio de estimar diversidades genéticas e de estudar as relações entre linhagens endogâmicas novas e antigas, o que pode proporcionar uma boa alternativa para predizer a performance e a heterose de híbridos de milho. Particularmente, os coeficientes de correlação entre marcadores AFLP e estimadores da capacidade específica de combinação podem ter uma utilidade prática na predição de performance de híbridos.

Wu (2000) empregou AFLPs e RAPDs para estudar a diversidade genética de 17 linhagens endogâmicas, avaliando a relação entre distâncias genéticas e a performance dos 136 híbridos. Usou 90 primers RAPD (453 bandas polimórficas) e 16 combinações de primers AFLP (621 bandas polimórficas), encontrando que os AFLPs foram mais eficientes que os RAPDs. Para todos os híbridos, as distâncias genéticas de Nei baseadas em AFLP variaram de 0,19 a 0,56 e foram diferentes significativamente das baseadas em RAPDs, as quais variaram de 0,09 a 0,67. Análises de agrupamentos baseadas nos dois tipos de marcadores concordaram com a informação genealógica. Wu sugere que ambos marcadores são confiáveis e efetivos para estimar a divergência genética e alocar corretamente linhagens endogâmicas em diferentes grupos heteróticos. Em particular, os A-FLPs possibilitam a predição de combinações de linhagens que originem híbridos simples de alta produtividade.

Por outro lado, pesquisando o mesmo material tropical utilizado neste estudo, Lanza et al. (1997) e Benchimol et al. (2000) avaliaram a diversidade genética de oito linhagens S₃ da população BR-105 e dez da população BR-106. Usando 68 primers de RAPDs, Lanza et al.(1997) detectaram 262 bandas polimórficas e dividiram as 18 linha-

gens em 3 grupos diferentes em discordância com a informação genealógica. Não encontraram correlação entre as distâncias genética e produção de grãos dos híbridos e sua heterose, quando não foi considerada uma divisão dos grupos. Benchimol et al. (2000) usaram 72 sonda de DNA para RFLPs, analisaram um total de 185 combinações de clone-enzima resultando em 973 bandas polimórficas, logrando separar as linhagens em dois grupos diferentes, de acordo com a informação genealógica. As correlações, entre distâncias genéticas das linhagens genitoras com a produção de grãos dos cruzamentos e sua heterose, foram altas para cruzamentos do mesmo grupo heterótico e baixas para os de diferentes grupos. Estes trabalhos concluíram que as distâncias genéticas não predizem a performance dos híbridos de linhagens de diferentes grupos heteróticos.

Em resumo, com exceção de RAPDs, os outros marcadores proporcionam uma informação consistente para a identificação de germoplasma e validação genealógica. Os marcadores SSR e AFLP podem substituir os RFLPs em estimação de similaridade genética e descrição varietal, dado que eles têm exatidão comparável ao agrupamento das linhagens selecionadas mediante processo genealógico. Os marcadores SSR e AFLP são geralmente muito mais simples de aplicar e mais sensíveis que os métodos tradicionais, morfológicos e bioquímicos, ou as técnicas de fingerprinting baseadas em RFLP, visto serem mais eficientes em detectar polimorfismo, não obstante estejam geralmente correlacionados com análise de RFLP. A principal vantagem dos SSRs e AFLPs é que podem ser automatizados e, assim, apresentam elevado potencial no melhoramento de plantas.

3 MATERIAL E MÉTODOS

3.1 Material genético avaliado em campo

3.1.1 Linhagens

Foram utilizadas 18 linhagens elites com três gerações de autofecundação (S₃), desenvolvidas no programa de melhoramento de milho da ESALQ, sendo oito selecionadas da população BR-105 e dez da população BR-106. Ambas as populações apresentam ciclo precoce, porte baixo e foram lançadas pelo Centro Nacional de Pesquisa de Milho e Sorgo da Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária (EMBRAPA).

A população BR-105, originalmente denominada Suwan, foi obtida na Tailândia através de seleção recorrente com progênies S₁ e introduzida no Brasil em 1976. Apresenta baixa depressão por endogamia e possui grãos semi-duros de coloração alaranjada. A população BR-106 originou-se a partir de intercruzamentos de variedades tardias e porte alto do Brasil e a seguir o material resultante foi cruzado com a população BR108 (Tuxpeño 1) de ciclo precoce e porte baixo, seguido de três ciclos seletivos para redução da altura de planta e da espiga; possui grãos dentados de coloração amarela. A população BR-106 apresenta alto nível de variabilidade genética e elevada heterose em cruzamentos com a população BR-105, estando estas populações alocadas em grupos heteróticos distintos (Souza Jr. et al., 1993).

As linhagens S₃ foram desenvolvidas utilizando o método genealógico: 1000 plantas S₀, selecionadas por vigor e tipo de planta, foram autopolinizadas e somente as plantas eretas foram colhidas. Descartaram-se as espigas com poucas sementes e/ou com

presença de doenças. Aproximadamente 400 linhagens S₁ de cada população foram semeadas no ano agrícola seguinte fazendo-se seleção entre e dentro das linhagens, como na geração S_0 . Procedeu-se da mesma forma na geração S_2 para desenvolver 400 linhagens S₃ de cada população. As linhagens S₃ foram cruzadas com a outra população no ano agrícola 1989-90 em campos isolados, utilizando uma proporção de 4 linhas fêmeas (linhagens S₃) para uma linha do macho. Foram produzidas 400 progênies de meios irmãos interpopulacionais (MI) em cada população, que foram avaliadas no ano agrícola seguinte (1990-91) em 3 ambientes. A seleção foi feita com base na produção, altura de planta e de espiga, selecionando-se 40 progênies superiores das populações BR-105 e BR-106 respectivamente. A seguir, foram identificadas as linhagens S₃ que deram origem às progênies selecionadas. Destas, foram selecionadas as que apresentaram maior uniformidade para os caracteres altura de planta, altura de espiga e florescimento masculino e feminino. Da população BR-105 foram selecionadas oito linhagens e da população BR-106 foram selecionadas dez linhagens. As 18 linhagens selecionadas foram guardadas em câmara fria e uma amostra de cada foi utilizada para a manutenção por cinco gerações (Rezende & Souza, 2000).

A manutenção destas linhagens obedeceu ao seguinte procedimento: foram semeadas 75 plantas de cada linhagem S₃, em 3 linhas separadas, constituindo-se cada linha em uma espécie de "repetição" com 25 plantas. Nessas linhas foi realizada uma seleção branda antes da emissão de pólen, eliminando plantas fora de tipo e realizando cruzamentos planta a planta dentro da linha. Em nenhum dos casos o número de plantas selecionadas por linhagem S₃ foi inferior a 50 em todas as gerações. A manutenção realizou-se durante cinco gerações.

Para efeito do experimento, as linhagens S_3 identificadas no ano 1990-91 foram denominadas de "linhagens S_3 originais" e as suas similares, submetidas a cinco gerações de intercruzamento, foram denominadas de "linhagens S_3 mantidas". A origem e a genealogia de cada uma delas estão na Tabela 1.

Tabela 1. Linhagens parcialmente endogâmicas S₃ obtidas a partir das populações de milho BR-105 e BR-106.

População BR-105			População BR-106			
Linhagem	Genealogia	Denominação	Linhagem	Genealogia	Denominação	
1 original	05 - 01 - 04 B S ₃ # 92-93	01-4B (o)	1 original	06 - 03 - 05 B S ₃ # 92-93	03-5B (o)	
2 original	$05 - 05 - 02 \text{ A S}_3 \# 92-93$	05-2A (o)	2 original	$06 - 06 - 03 \text{ A S}_3 \# 92-93$	06-3A (o)	
3 original	$05 - 17 - 01 \text{ A S}_3 \# 92-93$	17-1A (o)	3 original	$06 - 08 - 01 \text{ A S}_3 \# 92-93$	08-1A (o)	
4 original	$05 - 18 - 06 \text{ A S}_3 \# 92-93$	18-6A (o)	4 original	$06 - 08 - 02 \text{ A S}_3 \# 92-93$	08-2A (o)	
5 original	$05 - 19 - 01 \text{ B S}_3 \# 92-93$	19-1B (o)	5 original	06 - 14 - 04 B S ₃ # 92-93	14-4B (o)	
6 original	$05 - 23 - 02 \text{ B S}_3 \# 92\text{-}93$	23-2B (o)	6 original	$06 - 24 - 07 \text{ B S}_3 \# 92\text{-}93$	24-7B (o)	
7 original	$05 - 33 - 05 \text{ B S}_3 \# 92-93$	33-5B (o)	7 original	$06 - 28 - 01 \text{ A S}_3 \# 92-93$	28-1A (o)	
8 original	$05 - 34 - 02 \text{ B S}_3 \# 92-93$	34-2B (o)	8 original	$06 - 29 - 07 \text{ B S}_3 \# 92-93$	29-7B (o)	
1 mantida	05 - 01 - 04 B S ₃ # 97-98	01-4B (m)	9 original	$06 - 37 - 05 \text{ B S}_3 \# 92-93$	37-5B (o)	
2 mantida	$05 - 05 - 02 \text{ A S}_3 \# 97-98$	05-2A (m)	10 original	$06 - 44 - 01 \text{ B S}_3 \# 92\text{-}93$	44-1B (o)	
3 mantida	$05 - 17 - 01 \text{ A S}_3 \# 97-98$	17-1A (m)	1 mantida	$06 - 03 - 05 \text{ B S}_3 \# 97-98$	03-5B (m)	
4 mantida	$05 - 18 - 06 \text{ A S}_3 \# 97-98$	18-6A (m)	2 mantida	$06 - 06 - 03 \text{ A S}_3 \# 97-98$	06-3A (m)	
5 mantida	05 – 19 – 01 B S ₃ # 97-98	19-1B (m)	3 mantida	$06 - 08 - 01 \text{ A S}_3 \# 97-98$	08-1A (m)	
6 mantida	$05 - 23 - 02 \text{ B S}_3 \# 97\text{-}98$	23-2B (m)	4 mantida	$06 - 08 - 02 \text{ A S}_3 \# 97\text{-}98$	08-2A (m)	
7 mantida	$05 - 33 - 05 \text{ B S}_3 \# 97-98$	33-5B (m)	5 mantida	06 – 14 – 04 B S ₃ # 97-98	14-4B (m)	
8 mantida	$05 - 34 - 02 \text{ B S}_3 \# 97-98$	34-2B (m)	6 mantida	$06 - 24 - 07 \text{ B S}_3 \# 97 - 98$	24-7B (m)	
			7 mantida	$06 - 28 - 01 \text{ A S}_3 \# 97-98$	28-1A (m)	
			8 mantida	$06 - 29 - 07 \text{ B S}_3 \# 97 - 98$	29-7B (m)	
			9 mantida	06 - 37 - 05 B S ₃ # 97-98	37-5B (m)	
			10 mantida	$06 - 44 - 01 \text{ B S}_3 \# 97 - 98$	44-1B (m)	

3.1.2 Cruzamentos

Cada linhagem foi cruzadas com um testador heterótico. Os testadores utilizados foram os sintéticos IG-3 e IG-4 e as linhagens elites 05-23-02 B S₃ e 06-14-04 B S₃ (Tabela 1). Para facilidade, as linhagens serão denominadas de 23-2B e 14-4B, respectivamente.

As linhagens testadoras fazem parte das linhagens selecionadas, sendo uma derivada da população BR-105 (23-2B) e a outra derivada da população BR-106 (14-4B), selecionadas por serem superiores *per se* e em cruzamentos. As populações testadoras foram obtidas pelo intercruzamento das linhagens selecionadas da população BR-105 e

da população BR-106, dando origem aos sintéticos IG-3 e IG-4, respectivamente (Rezende & Souza, 2000).

Para a obtenção dos cruzamentos utilizou-se polinizações com uma mistura de pólen de 40 a 50 plantas dos testadores. Em todos os casos a amostra de sementes de cada cruzamento foi constituída por uma mistura das sementes obtidas em 100 espigas polinizadas. As 8 linhagens originais e mantidas derivadas da população BR-105 foram cruzadas com o sintético IG-4 e com a linhagem 14-4B, e as 10 linhagens originais e mantidas derivadas da população BR-106 foram cruzadas com o sintético IG-3 e com a linhagem 23-2B. Estes cruzamentos totalizaram 72 tratamentos.

Na avaliação dos cruzamentos foram incluídas nove cultivares como testemunhas: população BR-105, população BR-106, sintético IG-3, sintético IG-4, híbrido simples Z8392, híbrido simples Z8452, híbrido simples Z8486, híbrido duplo AG3010 e híbrido simples modificado AG9014. Os cinco híbridos comerciais provieram de duas empresas produtoras de sementes no Brasil, Zeneca (Z) e Agroceres (AG).

3.2 Material genético avaliado em laboratório: extração do DNA

Foram semeadas em casa de vegetação 20 sementes de cada uma das linhagens S₃. Entre 6 a 8 semanas após a germinação, foram coletadas amostras de folhas de cada uma das 20 plantas, as quais foram liofilizadas e moídas, mantendo a individualidade de cada linhagem. O DNA total das linhagens S₃ foi extraído individualmente de cada amostra, segundo protocolo proposto por Saghai-Maroof *et al.* (1984), onde 300mg de material foliar liofilizado e moído foi dissolvido com 9ml de CTAB (Tris-NaCl/EDTA/H₂O /BME) a 65°C por 90 minutos. Após resfriamento à temperatura ambiente foram adicionados 4,5 ml de clorofórmio:álcool isoamílico (24:1) e centrifugado por 10 min. a 25000 rpm. O sobrenadante foi retirado e depositado em um tubo Falcon de 15ml, realizando uma nova extração seguindo o mesmo processo.

O sobrenadante foi retirado e colocado em um novo tubo contendo 25 µl de RNAse (10mg/ml), ficando em repouso à temperatura ambiente por 90 min. Após esse

tempo foram adicionados 6 ml de isopropanol (2-propanol), misturando-se até o completo enovelamento do DNA. O DNA foi removido e imerso em uma solução para lavagem (76% etanol 0,2 M NaOAc) por 20 min e em seguida em outra solução (76% etanol 10 mM NH₄OAc). O DNA foi então dissolvido em 1 ml de TE (Tris 10 mM pH 0,8 e ED-TA 0,1 mM).

A quantificação foi feita com a utilização do espectrofotômetro e em gel de agarose 0,8%, por comparação com padrões de pesos específicos conhecidos (DNAλ). A estimativa de concentração foi feita através dos valores obtidos com os dois métodos. Optou-se pelo método de gel de agarose para quantificação do DNA, complementado pelo espectrofotômetro para análise de pureza dos mesmos. As concentrações de DNA variaram de 250 a 1250 ng por 300 mg de folha liofilizada e moída utilizada nas extrações.

3.3 Instalação dos experimentos

3.3.1 Experimentos de campo

As avaliações das linhagens *per se* e dos cruzamentos foram realizadas em experimentos independentes no ano agrícola 1999-2000. As 36 linhagens elites S₃ foram avaliadas em blocos completos casualizados (Experimento1) em 4 ambientes e com 2 repetições por ambiente. Os 72 cruzamentos com as nove testemunhas foram avaliados em látice 9×9 (Experimento 2) em quatro ambientes e com duas repetições por ambiente. Nos dois tipos de experimento, as parcelas foram constituídas de uma única linha de 4m de comprimento, espaçadas de 0,9m. A densidade de semeadura foi de 5 plantas por metro linear, obtendo-se uma população aproximada de 55.555 plantas ha⁻¹.

Os quatro ambientes foram Rio Verde (Goiás) e Castro (Paraná), nas estações experimentais da Empresa Zeneca Sementes Ltda., e Piracicaba na Estação Experimental Caterpillar e na Estação Experimental Areão. As adubações de semeadura e cobertura

e o controle de plantas daninhas foram realizados de acordo com o recomendado para a cultura em cada região.

Os seguintes caracteres foram avaliados:

- florescimento feminino: obtida pelo número de dias transcorridos desde a semeadura até 50% de florescimento feminino (emissão dos estilo-estigmas em 10 plantas dentro de cada parcela);
- altura de plantas e de espigas: em cm, avaliada em 5 plantas competitivas amostradas ao acaso dentro de cada parcela. Em ambos os casos, a medição foi feita a partir da interface entre o solo e o caule da planta, após a ocorrência de 100% de florescimento feminino na parcela. No primeiro caso foi tomada até o nó de inserção do pendão e no segundo caso até o nó de inserção da espiga primária ou principal;
- plantas acamadas e quebradas por parcela (%) imediatamente antes da colheita. Este dado inclui todas as plantas acamadas e as plantas quebradas em qualquer ponto do colmo até a inserção da espiga principal. Para efeitos da análise de variância os dados foram transformados por $\sqrt{Y + \frac{1}{2}}$ (Steel & Torrie, 1960), onde Y é a percentagem de plantas acamadas e quebradas por parcela;
- número total de espigas, principais e secundárias, por parcela na colheita;
- estande final ou número de plantas por parcela na colheita;
- teor de umidade dos grãos após a colheita, tomado em duas subamostras por parcela e empregando um determinador eletrônico Dickey-John;
- peso de espigas despalhadas, em Kg por parcela;
- peso de grãos, em Kg por parcela;
- diâmetro e comprimento da espiga: avaliadas em cm, de cinco espigas por parcela;
- número de fileiras por espiga e número de grãos por fileira, avaliados em cinco espigas por parcela.

Os seguintes caracteres foram estimados:

• produção de grãos: obtido pela correção do peso de grãos para 15% de umidade e ajustado para t ha⁻¹ mediante a seguinte fórmula: $PGC = PG\left[\left(\frac{100-TU}{85}\right)\right]\left(\frac{10}{AEP}\right)$, em que:

PGC é a produção de grãos corrigida para 15% de umidade em t ha⁻¹, PG é o peso de grãos, TU é o teor de umidade, (100-TU) é o coeficiente de percentagem de matéria seca, 85 é o coeficiente para correção de umidade a 15%, $\left(\frac{10}{AEP}\right)$ é o fator de correção para transformar Kg parcela⁻¹ em t ha⁻¹ e AEP é a área efetiva da parcela, igual a 3,6 m²;

- índice de colheita: obtido através da relação entre peso de grãos e peso de espigas despalhadas, expresso em porcentagem;
- posição relativa da espiga na planta: obtida através da relação entre altura de inserção de espiga e altura de planta;
- prolificidade: obtida pela relação entre número total de espigas de cada parcela e o estande final da parcela.

Todas as características descritas foram avaliadas nos quatro ambientes, com exceção das características de espiga (diâmetro de espiga, comprimento de espiga, número de fileiras por espiga e número de grãos por fileira), as quais somente foram avaliadas na E.E. Areão e na E.E. Caterpillar, e do índice de colheita que não foi avaliado em Rio Verde. Para o caráter produção de grãos foi feita correção para o estande ideal de 20 plantas por parcela através de uma análise de covariância (Steel & Torrie, 1960).

3.3.2 Experimento em laboratório: amplificações AFLP

A genotipagem das linhagens foi realizada no laboratório de Biologia Molecular e Centro de Engenharia Genética da Universidade de Campinas (UNICAMP).

Foram efetuados vários testes para otimização do protocolo de Vos et al. (1995), que envolveram: estabelecimento da quantidade de DNA a ser utilizada na reação; comparação entre resultados obtidos após marcação do "primer" para as amplificações com o radioisótopo marcado com γ -³²P e γ -³³P e testes de reprodutibilidade dos resultados.

Foram utilizados 300 ng de DNA genômico na digestão, com 2,5 U de *Eco*RI e de *Mse*I. Após o corte, adaptadores de dupla fita foram ligados nas extremidades do fragmento do DNA com o auxílio da T4 DNA-ligase. Dessa forma a sequência adjacente

ao sítio de restrição e os adaptadores serviram como sítio de ligação do "primer" para a subsequente amplificação dos fragmentos de restrição. Um nucleotídeo seletivo foi usado na reação de pré-amplificação e três nucleotídeos na reação de amplificação seletiva.

As reações de digestão, ligação dos adaptadores, pré-amplificação, marcação do "primer" e amplificação seletiva foram realizadas conforme o protocolo, com pequenas modificações. As reações de pré-amplificação, usadas nas amplificações seletivas, foram diluídas na concentração de 1:25. Todos os adaptadores e "primers" usados foram provenientes da Life Technologies (GIBCO BRL) incluída no "AFLP Analysis System I". Foram utilizadas quatro combinações de "primers" descritas previamente para milho: EAAG/MCTG; EAAG/MCTT; EAAG/MCAT e EAAG/MCAC. As amplificações foram feitas segundo as instruções do fabricante.

Após a reação de PCR, igual volume de formamida (98% de formamida, 10 mM EDTA pH 8,0 e os corantes bromofenol azul e xileno cyanol) foi adicionado em cada reação. As amostras foram denaturadas a 90°C por 3 min. e colocadas no gelo. Um gel denaturante de poliacrilamida 6% com espaçadores de 0,4 mm foi usado para a eletroforese. A matriz foi preparada usando 6% de bisacrilamida, uréia 7 M e TBE 0,5×. Para 100 ml de solução de gel foi adicionado 500 μl de persulfato de amônia e 100 μl de TEMED.

A eletroforese foi conduzida no SequiGen 38 × 50 cm (BioRad Laboratories Inc., Hercules, CA, USA). O tampão de corrida consistiu de TBE 0,5×. A eletroforese foi feita a uma voltagem constante de 75 W por 4 horas e 25 W por 2h30min. Após a eletroforese, o gel foi secado e aderido em papel whatman 3MM a 80°C por 1 hora, ficando após exposto em ambiente por um período de 72 horas. A leitura das bandas foi realizada visualmente com o auxilio de um transluminador. As bandas foram marcadas com zero (0) ou um (1) para ausência e presença, respectivamente.

3.4 Análises Estatísticas

3.4.1 Avaliação das performances per se das linhagens

Inicialmente, foram realizadas análises de variância individuais para cada característica avaliada, em cada um dos ambientes e, na sequência, análises conjuntas envolvendo todos os ambientes. As características avaliadas e submetidas a análises foram: produção de grãos, índice de colheita, prolificidade, florescimento feminino, altura da planta, altura da espiga, posição relativa da espiga, plantas acamadas e quebradas, teor de umidade dos grãos, comprimento de espiga, diâmetro de espiga, número de fileiras por espiga e número de grãos por fileira. O modelo matemático considerado para as análises individuais foi:

$$y_{ij} = m + t_i + b_j + e_{ij}$$

em que:

 y_{ij} : observação relativa à linhagem i no bloco j,

m : média geral fixa,

 t_i : efeito da linhagem i, fixo: (i = 1 a 36),

 b_i : efeito do bloco j, aleatório: (j = 1,2),

 e_{ij} : erro experimental associado à observação y_{ij} , aleatório.

O modelo matemático considerado para cada caráter nos quatro ambientes foi:

$$y_{ijk} = m + t_i + l_k + (tl)_{ik} + b_{j/k} + e_{ijk}$$

em que:

m : média geral fixa,

 t_i : efeito da linhagem i, fixo: (i = 1 a 36),

 l_k : efeito de ambientes k, aleatório: (k = 1 a 4),

 $(tl)_{ik}$: efeito da interação linhagens × ambientes,

 $b_{j/k}$: efeito do bloco j no ambiente k.

: erro experimental associado à observação
$$y_{ijk}$$
, NID $(0,\sigma^2)$, \therefore $E(e_{ijk})=0$ e $E(e_{ijk}^2)=\sigma^2$,

As análises de variâncias conjuntas foram realizadas utilizando as médias e considerando cada experimento como uma repetição, após avaliar a homogeneidade das variâncias dos erros. Para isso foi empregado o Teste de Hartley (H) ou razão entre a maior e menor variância, isto é: $H = max(s_j^2) / min(s_j^2)$ em que s_j^2 é a estimativa de σ_j^2 e corresponde ao quadrado médio do erro (QME) do experimento realizado no ambiente j. Assim para obter o valor de H, toma-se o maior QME obtido e divide-se pelo menor. A distribuição de H é denominada de F máximo. O valor obtido é testado pelo F máximo. Se o valor de H for menor que o tabelado, conclui-se que as variâncias são homogêneas. Saliente-se que esse teste requer que todos os graus de liberdade associados aos erros sejam iguais (Ramalho et al., 2000).

Os esquemas gerais das análises de variância individual e conjunta, com as respectivas esperanças dos quadrados médios para todos os caracteres avaliados, estão apresentados nas Tabelas 2 e 3.

Tabela 2. Esquema da análise de variância individual, na avaliação das linhagens *per se*, segundo o delineamento em blocos completos ao acaso, com as esperanças dos quadrados médios [E(QM)] e teste de F.

Fontes de Variação	G.L.	QM	$E(QM)^{\dagger}$	F
Repetições	(<i>J</i> -1)	Q ₁	-	-
Tratamentos	(<i>I</i> -1)	Q_2	$\sigma^2 + J\Phi_t$	Q_2/Q_3
Erro	(J-1)(I-1)	Q_3	σ^2	

$$\dagger \qquad \Phi_t = \frac{\sum t_i^2}{I - I}$$

Tabela 3. Esquema da análise de variância conjunta, na avaliação das linhagens *per se*, segundo o delineamento em blocos completos ao acaso, com as esperanças dos quadrados médios [E(QM)] e teste de F.

Fontes de Variação	G.L.	QM	E(QM) [†]	F
Repetições/Ambientes	<i>K (J</i> -1)	Q_1	-	-
Ambientes (A)	(<i>K</i> -1)	Q_2	-	-
Tratamentos (T)	(<i>I</i> -1)	Q_3	$\sigma^2 + K\sigma^2_{tl} + JK\Phi_t$	Q_3/Q_5
Interação T \times A	(I-1)(K-1)	Q_4	$\sigma^2 + K \sigma^2_{tl}$	Q_4/Q_5
Erro médio	K(I-1)(J-1)	Q_5	σ^2	

$$\dagger \quad \Phi_t = \frac{\sum_i t_i^2}{I - I}$$

Para comparar a performance *per se* das linhagens S_3 originais e mantidas dentro de cada população, na análise de variância desdobraram-se os graus de liberdade (GL) e a soma de quadrados (SQ) de tratamentos em linhagens BR-105, BR-106 e BR-105 vs. BR-106. A seguir, a fonte linhagens BR-105 também foi desdobrada em linhagens originais (L_o^{05}), linhagens mantidas (L_m^{05}) e seu contraste (L_o^{05} vs. L_m^{05}). Similar desdobramento foi realizado para os GL e a SQ das linhagens BR-106: linhagens originais (L_o^{06}), linhagens mantidas (L_m^{06}) e o contraste (L_o^{06} vs. L_m^{06}). Nas análises de variância conjuntas os GL e as SQ's da interação linhagens × ambientes também foram desdobrados de acordo com o esquema descrito anteriormente. O esquema deste desdobramento é apresentado na Tabela 4.

Tabela 4. Esquema do desdobramento dos graus de liberdade (GL), da soma de quadrados (SQ) de tratamentos e da interação tratamentos × ambientes e respectivos testes de F na avaliação das linhagens *per se*.

Fontes de Variação	GL	SQ	F
Ambientes	3	Q_1	Q_1/Q_4
Linhagens S_3	35	Q_2	Q_2 / Q_4
Linhagens S ₃ de BR-105	15	Q_{21}	Q_{21}/Q_4
Linhagens originais S_3 (L_o^{05})	7	Q_{211}	Q_{211}/Q_4
Linhagens mantidas S_3 (L_m^{05})	7	Q_{212}	Q_{212}/Q_4
L_o^{05} vs. L_m^{05}	1	Q_{213}	Q_{213}/Q_4
Linhagens S ₃ de BR-106	19	Q_{22}	Q_{22}/Q_4
Linhagens originais S_3 (L_o^{06})	9	Q_{221}	Q_{221}/Q_4
Linhagens mantidas S_3 (L_m^{06})	9	Q_{222}	Q_{222}/Q_4
$L_{\rm o}^{06}$ vs. $L_{\rm m}^{06}$	1	Q_{223}	Q_{223}/Q_4
Linhagens S ₃ de BR-105 vs. Linhagens S ₃ de BR-106	1	Q_{23}	Q_{23} / Q_4
Interação Linhagens × Ambientes	105	Q_3	Q_3 / Q_4
Linhagens S_3 de BR-105 × Ambientes	45	Q_{31}	Q_{31} / Q_4
$L_o^{05} \times \text{Ambientes}$	21	Q_{311}	Q_{311}/Q_4
$L_{\rm m}^{05} \times {\rm Ambientes}$	21	Q_{312}	Q_{312}/Q_4
$(L_o^{05} \text{ vs. } L_m^{05}) \times \text{Ambientes}$	3	Q_{313}	Q_{313}/Q_4
Linhagens _{S3} de BR-106 × Ambientes	57	Q_{32}	Q_{32} / Q_4
$L_o^{06} \times \text{Ambientes}$	27	Q_{321}	Q_{321}/Q_4
$L_{\rm m}^{06} \times {\rm Ambientes}$	27	Q_{322}	Q_{322}/Q_4
$(L_o^{06} \text{ vs. } L_m^{06}) \times \text{Ambientes}$	3	Q_{323}	Q_{323}/Q_4
(Linhagens S_3 de BR-105 vs. Linhagens S_3 de BR-106) \times Ambientes	3	Q_{33}	Q_{33} / Q_4
Erro Médio	140	Q_4	Q_4

As médias de cada linhagem S_3 original e da linhagem S_3 mantida correspondente foram comparadas pelo teste t de Student: $t_i = \frac{\bar{y}_{o_i} - \bar{y}_{m_i}}{Sy_i}$, em que \bar{y}_{o_i} e \bar{y}_{m_i} correspondem às médias de um caráter na linhagem i original e m mantida, e Sy_i é o desvio padrão do contraste $\bar{y}_{o_i} - \bar{y}_{m_i}$ (Steel & Torrie, 1960).

Os níveis de significância estabelecidos para cada contraste foram de P≤0,05 e P≤0,01. Nível de significância é definido como a probabilidade de se cometer um erro Tipo I, isto é, rejeitar uma hipótese nula verdadeira (Snedecor & Cochran, 1980; Rawlings, 1988; Province, 2001). No presente caso a hipótese de nulidade testada foi a não existência de diferença entre as médias das versões original e mantida, de cada uma das linhagens S₃. Cometer um erro Tipo I implicaria admitir a existência de uma diferença inexistente. Por se tratar de um procedimento de testes múltiplos, a probabilidade de cometer um erro Tipo I seria ainda maior.

Suponha-se que foram realizados M testes simples (um para cada comparação), adotando-se um nível de significância (α_T) para cada teste. Tem-se que o nível de significância conjunto do teste (α_E), considerando os M testes independentes será α_E = probabilidade de rejeitar pelo menos uma hipótese nula verdadeira, ou seja, α_E = 1 – probabilidade de não rejeitar nenhuma hipótese nula verdadeira, isto é, α_E = 1 – $(1 - \alpha)^M$. Deste modo, verifica-se na equação anterior que o nível de significância aumenta à medida que aumenta o número de testes realizados. Por exemplo, realizando-se 2 testes e adotando-se α = 0,05 em cada um, o nível de significância conjunta será α_E = 0,0975; com 10 testes esse valor será de 0,4012; com 50 testes 0,9231; e a partir deste ponto esse valor tende à unidade (com 100 testes 0,9941).

Uma alternativa para contornar esse problema é utilizar a chamada correção de Bonferroni, que, de acordo com Province (2001), consiste em determinar o valor do nível de significância individual (α_T), que proporcionará o nível de significância conjunto (α_E) desejado, dado por:

$$\alpha_T = -exp\left(\frac{ln(1-\alpha_E)}{M}\right) + 1$$
, isto é:

$$\alpha_T = -e^{\left[\frac{\ln(1-\alpha_E)}{M}\right]} + 1 = -2,718282^{\left[\frac{\ln(1-\alpha_E)}{M}\right]} + 1, \text{ em que } M \text{ \'e o n\'umero de testes}$$
 simples realizados.

Para usar a correção de Bonferroni, no intuito de se obter o nível de significância individual que proporcionou o nível de significância conjunto desejado, assumiu-se que

os M testes foram independentes, sendo o número de testes de 234 (18 linhagens × 13 comparações de médias, para cada um dos 13 caracteres avaliados). Verifica-se pela equação anterior que o nível de significância diminui à medida que aumenta o número de testes realizados. Por exemplo, com 2 testes e com $\alpha_E = 0.05$ em cada um, o nível de significância conjunto desejado será $\alpha_T = 0.02597$; com 10 testes esse valor será 0.005142; com 50 testes 0.00102639; com 100 testes 0.00051306; e com 234 testes 0.00021923. Este último nível foi adotado para discutir os resultados.

3.4.2 Avaliação dos cruzamentos

Foram realizadas análises de variância individuais para cada característica, em cada um dos ambientes e, na seqüência, análises conjuntas envolvendo todos os ambientes. As características submetidas a essas análises foram as mesmas avaliadas nas linhagens *per se*. O modelo matemático, de acordo com o delineamento látice considerado para cada um dos caracteres, em cada ambiente, foi:

$$y_{ijk} = m + t_i + r_j + b_{k/j} + e_{ijk}$$

em que:

 y_{ijk} : observação relativa ao tratamento i, no bloco k, da repetição j;

m : média geral fixa;

 t_i : efeito do tratamento i, fixo: (i = 1 a 81);

 r_j : efeito da repetição j, aleatório: (j = 1, 2);

 $b_{k/j}$: efeito do bloco k, aleatório, na repetição j: (k = 1 a 9);

 e_{ijk} : erro intrabloco aleatório, ou seja, erro experimental associado ao trata-

mento i, dentro do bloco k na repetição j; $E(e_{ijk}) = 0$ e $E(e_{ijk}^2) = \sigma_e^2$.

O modelo matemático misto, considerado nas análises de variância conjuntas para cada um dos caracteres, foi o seguinte:

$$Y_{ijks} = m + t_i + r_{j/s} + b_{k/j/s} + l_s + (tl)_{is} + e_{ijks}$$

em que:

 e_{ijks}

m : média geral fixa;

 t_i : efeito do tratamento i, fixo: (i = 1 a 81);

 $r_{i/s}$: efeito da repetição j, aleatório, no ambiente s;

 $b_{k/j/s}$: efeito do bloco k na repetição j no ambiente s;

 l_s : efeito de ambiente s, aleatório: (s = 1 a 4);

 $(tl)_{is}$: efeito da interação entre o tratamento i e o ambiente s; $E(tl_{is}) = 0$ e

 $E(tl_{is}^2) = \sigma_{tl}^2;$

: erro efetivo médio associado à parcela ijk do ambiente s; \therefore $E(e_{ijks}) = 0$

e $E(e_{ijks}^2) = \sigma_e^2$

.

Os esquemas gerais das análises de variância individuais e conjunta, com as respectivas esperanças matemáticas dos quadrados médios para todos os caracteres avaliados encontram-se nas Tabelas 5 e 6.

Tabela 5. Esquema da análise de variância individual, na avaliação dos cruzamentos, segundo o delineamento látice, com as esperanças dos quadrados médios [E(QM)] e teste de F.

Fontes de Variabilidade	GL	QM	E(QM) †	F
Repetições	(<i>J</i> -1)	Q_1	-	-
Blocos (aj.)	<i>J</i> (<i>K</i> -1)	Q_2	-	-
Tratamentos (aj.)	(I-1)	Q_3	$\sigma_{\rm e}^2 + J\Phi_{\rm t}$	Q_3/Q_4
Erro intrabloco	(JK-K-1)(K-1)	Q_4	$\sigma_{ m e}^2$	-

Tabela 6. Esquema da análise de variância conjunta, na avaliação dos cruzamentos, segundo o delineamento látice, com as esperanças dos quadrados médios [E(QM)] e teste de F.

Fontes de Variabilidade	GL	QM	E(QM)	F
Ambientes (L)	(S-1)	Q_1	-	-
Repetições/A	<i>S(J</i> -1)	Q_2	-	-
Tratamentos (T)	(<i>I</i> -1)	Q_3	$\sigma_e^2 + J\sigma_{tl}^2 + JS\Phi_t$	Q_3/Q_5
Interação T \times L	(I-1)(S-1)	Q_4	$\sigma_{\rm e}^2 + J\sigma_{\rm tl}^2$	Q_4/Q_5
Erro efetivo médio	S(K-1)(JK-K-1)	Q ₅	σ_{e}^{2}	

Para comparar a performance dos cruzamentos efetuou-se o desdobramento dos graus de liberdade (GL) e da soma de quadrados (SQ) de tratamentos ajustados. Os tratamentos foram desdobrados em cruzamentos, testemunhas e o contraste entre eles. Na seqüência, a fonte cruzamentos foi desdobrada em cruzamentos da população BR-105, cruzamentos da população BR-106 e o contraste entre cruzamentos BR-105 e cruzamentos BR-106.

Ambos os grupos de cruzamentos também foram desdobrados de acordo com o tipo de testador usado no cruzamento. Os cruzamentos das linhagens derivadas da população BR-105 foram desdobrados em cruzamentos com o testador IG-4, cruzamentos com o testador 14-4B e o contraste IG-4 vs.14-4B. Os cruzamentos das linhagens derivadas da população BR-106 foram desdobrados em cruzamentos com o testador IG-3, cruzamentos com o testador 23-2B e o contraste IG-3 vs.23-2B.

Similarmente, os subgrupos de cruzamentos, de acordo com cada testador, também foram desdobrados. Os cruzamentos com IG-4 foram desdobrados em cruzamentos com linhagens originais (T_o^{IG4}), cruzamentos com linhagens mantidas (T_m^{IG4}) e o contraste entre eles (T_o^{IG4} vs. T_m^{IG4}). Os cruzamentos com 14-4B foram desdobrados em cruzamentos com linhagens originais (T_o^{14-4B}), cruzamentos com linhagens mantidas

 (T_m^{14-4B}) e seu contraste $(T_o^{14-4B} \, vs. \, T_m^{14-4B})$. Os cruzamentos com IG-3 foram desdobrados em cruzamentos com linhagens originais (T_o^{IG3}) , cruzamentos com linhagens mantidas (T_m^{IG3}) e o contraste $(T_o^{IG3} \, vs. \, T_m^{IG3})$. Os cruzamentos com 23-2B foram desdobrados em cruzamentos com linhagens originais (T_o^{23-2B}) , cruzamentos com linhagens mantidas (T_m^{23-2B}) e o contraste $(T_o^{23-2B} \, vs. \, T_m^{23-2B})$. O esquema deste desdobramento é apresentado em detalhes na Tabela 7.

As análises de variância conjuntas foram realizadas após a avaliação da homogeneidade das variâncias dos erros, segundo o Teste de Hartley ou razão entre a maior e menor variância, descrito no item 3.4.1.

Nas análises de variância conjuntas, para cada característica, os graus de liberdade e a soma de quadrados da interação tratamentos × ambiente foram desdobrados de acordo com o esquema descrito nos parágrafos anteriores. Para realizar as análises conjuntas foram empregadas as médias ajustadas dos quatro ambientes. O quadrado médio do erro (erro médio) foi obtido somando-se as somas de quadrados e os respectivos graus de liberdade dos erros de cada ambiente e, a seguir, dividindo-se o quadrado médio pelo número de repetições e ambientes:

$$QM_{erro\ m\acute{e}dio} = \frac{I}{p} \left(\frac{e_1 + e_2 + e_3 + e_4}{r} \right)$$

onde e_1 , e_2 , e_3 , e e_4 representam os erros intrablocos obtidos nos quatro ambientes; p e r referem-se ao número de ambientes e o número de repetições por ambiente, respectivamente.

As médias dos cruzamentos, envolvendo cada linhagem S₃ originais e a S₃ mantida correspondente, foram comparadas pelo teste t de Student: $t_i = \frac{\bar{y}_{o_i} - \bar{y}_{m_i}}{Sy_i}$ em que \bar{y}_{o_i} e \bar{y}_{m_i} correspondem às médias de um caráter no cruzamento da linhagem i original e m mantida, e Sy_i é o desvio padrão do contraste $\bar{y}_{o_i} - \bar{y}_{m_i}$ (Steel & Torrie, 1960), da mesma forma como realizado com as linhagens $per\ se$.

Tabela 7. Esquema do desdobramento dos graus de liberdade (GL) e da soma de quadrados (SQ) de tratamentos e os testes de F na avaliação dos cruzamentos.

Fontes de Variação		GL	SQ	F
Ambientes		3	Q_1	Q_1/Q_4
Tratamentos		80	Q_2	Q_2 / Q_4
Cruzamentos †		71	Q_{21}	Q_{21}/Q_4
Linhagens S_3 BR-105 × Testadores BR-106		31	Q_{211}	Q_{211}/Q_4
Linhagens S ₃ BR-105 × Sintético IG-4		15	Q_{2111}	Q_{2111}/Q_{4}
Linhagens originais S ₃ BR-105 × Sintético IG-4	$\left(T_{o}^{IG4}\right)$	7	Q_{21111}	Q_{21111}/Q_4
Linhagens mantidas S ₃ BR-105 × Sintético IG-4	$\left(T_{m}^{IG4}\right)$	7	Q_{21112}	Q_{21112}/Q_4
$T_0^{IG4} vs. T_m^{IG4}$	(III)	1	Q ₂₁₁₁₃	Q_{21113}/Q_4
Linhagens S ₃ BR-105 × Linhagem 14-4B		15	Q_{2112}	Q_{2112}/Q_{4}
Linhagens originais S ₃ BR-105 × Linhagem 14-4B	$\left(T_{0}^{14-4B}\right)$	7	Q_{21121}	Q_{21121}/Q_{21121}
Linhagens mantidas S ₃ BR-105 × Linhagem 14-4B	$\begin{pmatrix} T_{o}^{14-4B} \end{pmatrix} \\ \begin{pmatrix} T_{m}^{14-4B} \end{pmatrix}$	7	Q_{21122}	Q_{21122}/Q_{2}
$T_{o}^{14-4B} vs. T_{m}^{14-4B}$	()	1	Q_{21123}	Q_{21123}/Q_{21123}
Linhagens S ₃ × Sintético IG-4 vs. Linhagens S ₃ × Linhagem 14-4B			Q_{2113}	Q_{2113}/Q_{4}
Linhagens S ₃ BR-106 × Testadores BR-105		39	Q_{212}	Q_{212}/Q_4
Linhagens S ₃ BR-106 × Sintético IG-3		19	Q_{2121}	Q_{2121}/Q_{4}
Linhagens originais S ₃ BR-106 × Sintético IG-3	$\left(T_{0}^{IG3}\right)$	9	Q_{21211}	Q_{21211}/Q_{21211}
Linhagens mantidas S ₃ BR-106 × Sintético IG-3	$\begin{pmatrix} T_o^IG3 \end{pmatrix} \\ \begin{pmatrix} T_m^IG3 \end{pmatrix}$	9	Q_{21212}	Q_{21212}/Q_{21212}
T_0^{IG3} vs. T_m^{IG3}	()	1	Q_{21213}	Q_{21213}/Q_{21213}
Linhagens S ₃ BR-106 × Linhagem 23-2B		19	Q_{2122}	Q_{2122}/Q_4
Linhagens originais S ₃ BR-106 × Linhagem 23-2B	$\left(T_{0}^{23-2B}\right)$	9	Q_{21221}	Q_{21221}/Q_{21221}
Linhagens mantidas S ₃ BR-106 × Linhagem 23-2B	$\left(T_{\rm m}^{23-2{\rm B}}\right)$	9	Q_{21222}	Q_{21222}/Q_{21222}
$T_0^{23-2B} vs. T_m^{23-2B}$,	1	Q_{21223}	Q_{21223}/Q_{21223}
Linhagens $S_3 \times Sintético IG-3 \ vs. \ Linhagens S_3 \times Linhagem 23-2B$			Q_{2123}	Q_{2123}/Q_4
Cruzamentos BR-105 vs. Cruzamentos BR-106		1	Q_{213}	Q_{213}/Q_4
Testemunhas			Q_{22}	Q_{22}/Q_4
Cruzamentos vs. Testemunhas			Q_{23}	Q_{23}/Q_4
Interação Tratamentos × Ambientes ‡			Q_3	Q_3/Q_4
Erro Médio		256	Q_4	Q_4

[†] Nos cruzamentos, o símbolo "x" indica cruzamento.

[‡] Os g.l. e a SQ da interação tratamentos × ambientes também foram desdobrados nas mesmas fontes do que a fonte tratamentos

Os princípios considerados na comparação de médias individuais das linhagens *per se* também são validos para as comparações de médias individuais dos cruzamentos. A alternativa para contornar o problema do Erro Tipo I foi utilizar a correção de Bonferroni. Como o número de testes foi 234 (18 cruzamentos \times 13 comparações de médias), o valor de α é de 0,00021923.

3.4.3 Avaliação e análise de AFLP's

A interpretação das autoradiografías de AFLP's foi efetuada utilizando-se um sistema binário, ou seja, presença ou ausência (1 ou 0, respectivamente) de uma mesma banda numa determinada combinação de genótipos. Foram gerados coeficientes de similaridade genética entre pares de linhagens, de acordo com o complemento aritmético do coeficiente de Jaccard. Este coeficiente é calculado de acordo com a expressão $SG_{(ij)} = \frac{N_{ij}}{N_i + N_j + N_{ij}} \text{ (Jaccard, 1908), em que } SG_{(ij)} \text{ é a similaridade genética entre as}$

linhagens i e j; N_{ij} é o número total de bandas comuns às linhagens i e j; N_i é o número de bandas presentes somente na linhagem i; e N_j é o número de bandas presentes somente na linhagem j.

Para se obter os coeficientes de $SG_{(ij)}$ para cada par de linhagens em cada população, utilizou-se o aplicativo NTSYS-PC (Rohlf, 1992). Essas $SG_{(ij)}$'s foram transformadas em medidas de distância genética pela equação $DG_{(ij)} = 1 - SG_{(ij)}$, as quais foram utilizadas para fazer os agrupamentos das linhagens pelo método UPGMA (Unweighted Pair-Group Method with Arithmetical Averages), entre todos os pares de linhagens. Para cada agrupamento ou dendrograma foi calculado o valor de correlação cofenética entre a matriz de distâncias genéticas e a matriz dos valores cofenéticos. A construção dos dendrogramas foi realizada mediante o emprego do programa Statistica (StatSoft, 1999).

Adicionalmente, foi realizado uma análise de reamostragem (bootstrap) para verificar se o número de bandas polimórficas foi suficiente para determinar com precisão as estimativas de distâncias genéticas entre as linhagens. Na análise utilizou-se de um programa no SAS (Victória et al., 2001) com 1000 repetições aleatórias. Este programa

estima as médias, as variâncias e os intervalos de confiança para cada dado de similaridade ou contraste, com $P \le 0.05$.

4 RESULTADOS E DISCUSSÃO

Na produção de híbridos simples de milho o material parental geralmente é constituído por linhagens homozigóticas desenvolvidas através de muitas gerações de autofecundação. Essas linhagens homozigóticas tornam-se menos vigorosas após a autofecundação sucessiva devido ao fenômeno denominado de depressão por endogamia, o que dificulta a produção de sementes. Uma alternativa ao uso de linhagens homozigóticas na produção de híbridos de milho poderia ser o uso de linhagens parcialmente endogâmicas, selecionadas em gerações precoces pela sua capacidade de combinação e mantidas mediante cruzamentos aleatórios dentro da linhagem (intercruzamentos), praticando uma seleção moderada para caracteres de alta herdabilidade.

O objetivo deste estudo foi verificar a viabilidade de se utilizar linhagens S₃ para a produção de híbridos simples em duas populações de milho, para o qual comparou-se a performance, tanto ao nível *per se* quanto ao nível de cruzamentos, e a similaridade genética de linhagens S₃ originais com suas correspondentes linhagens S₃ mantidas, após cinco gerações de intercruzamento. Foram avaliadas 18 linhagens em duas versões, originais e mantidas, ao nível *per se* e ao nível de cruzamentos de ambas as versões com dois testadores heteróticos: um sintético e uma linhagem elite. Ambos experimentos foram avaliados em quatro ambientes com duas repetições por ambiente. Simultaneamente foi analisada a similaridade genética das linhagens mediante marcadores moleculares do tipo AFLP.

4.1 Resultados gerais

Em geral os experimentos foram conduzidos sob boas condições de temperatura e umidade e fertilidade no solo, exceto na E.E. Areão onde foi registrada baixa umidade no solo na época de florescimento. As performances tanto das linhagens quanto dos cruzamentos estiveram dentro dos limites aceitáveis para os respectivos tipos de material. Os coeficientes de variação experimental para produção de grãos variaram entre 18,44% a 28,63% para as linhagens e entre 8,21% e 12,16% para os cruzamentos. As análises de variâncias e médias de ambos os experimentos, para cada ambiente de avaliação são apresentados nas tabelas do Apêndice.

Foram detectadas diferenças altamente significativas entre tratamentos, para as treze características avaliadas em ambos experimentos. De modo geral, não houve diferenças significativas entre linhagens originais e linhagens mantidas, como grupo, nos dois experimentos, para quase todos os caracteres avaliados incluindo produção de grãos. Comparando, individualmente, as versões de cada linhagem, *per se* e em cruzamentos, foram detectadas algumas mudanças significativas nas linhagens *per se* que não necessariamente foram expressas nos seus cruzamentos. Essas mudanças não estiveram relacionadas com produção de grãos e, apesar de serem pequenas, foram favoráveis pois as médias das linhagens mantidas foram incrementadas.

Os marcadores moleculares do tipo "polimorfismo de comprimento de fragmentos amplificados" (AFLP) confirmaram os resultados obtidos nas avaliações de campo, mostrando que não houve divergência genética detectável entre as versões original e mantida de cada linhagem. Em consequência, verificou-se que a capacidade de combinação das linhagens S₃ individuais não foi alterada.

4.2 Avaliação das linhagens per se

O comportamento geral das 36 linhagens S₃, para cada uma das características avaliadas em cada ambiente, mostraram que em Rio Verde, a média da produção de grãos (2,82 t ha⁻¹) foi superior em 57,5% à obtida na E.E. Areão (1,79 t ha⁻¹), em 15,1% à obtida em Castro (2,45 t ha⁻¹) e em 6,4% à obtida na E.E. Caterpillar (2,65 t ha⁻¹). Apesar do índice de colheita na E.E. Areão ter sido elevado (73,91%), a produção de grãos nesse ambiente foi a mais baixa (1,79 t ha⁻¹). Esta última característica esteve relacionada com a baixa prolificidade no experimento (0,83 espigas planta⁻¹). Observou-se que, em média, as alturas de planta e de espigas, nos experimentos de Piracicaba (E.E.'s Areão e Caterpillar), foram 26,5% e 34,1% menores, respectivamente, do que aquelas avaliadas em Castro e em Rio Verde. Neste último ambiente, as plantas foram 35,5% mais precoces em relação às de Castro e 8,47% em relação às de Caterpillar (Tabela 8).

Pelas razões acima expostas, as médias da maioria das características no experimento da E.E. Caterpillar foram ligeiramente superiores às da E.E. Areão, porém, as diferenças não foram significativas. Em geral, os coeficientes de variação experimental para as treze características podem ser considerados dentro dos limites aceitáveis na avaliação de linhagens de milho. Para produção de grãos, os coeficiente de variação variaram de 18,44% em Rio Verde a 28,63% na E.E. Areão.

A característica produção de grãos nos experimentos de Rio Verde e Castro foi avaliada imediatamente após a colheita, isto é, as espigas não passaram por um período de equalização prévia como aconteceu com as de Areão e Caterpillar. Por essa razão as médias do
teor de umidade dos grãos foram muito diferentes (em média, 10,79% em Piracicaba, 16,32%
em Castro e 23,19% em Rio Verde) [Tabela 8]. Os dados de teor de umidade dos grãos de
Castro e Rio Verde não foram incluídos na análise conjunta devido ao fato de seus quadrados
médios residuais diferirem muito dos obtidos nos experimentos de Piracicaba. Não foi avaliado o índice de colheita em Rio Verde e as características de espiga: comprimento de espiga,

diâmetro de espiga, número de fileiras por espiga e número de grãos por fileira em Castro e em Rio Verde.

Nas análises conjuntas de variâncias, foram detectadas diferenças significativas (P≤0,01) para ambientes para todos os caracteres, e com nível de significância menor para número de fileiras por espiga (P≤0,05). Para tratamentos (linhagens) também foram detectadas significâncias (P≤0,01) para todos os caracteres avaliados. Detectaram-se significâncias (P≤0,05 ou P≤0,01) na interação linhagens × ambientes para todos os caracteres, exceto posição relativa da espiga, florescimento feminino, comprimento da espiga, número de grãos por fileira e teor de umidade dos grãos. Para produção de grãos, essa interação com ambientes representou 28,0% da variação total. A significância detectada mostrou que as linhagens apresentaram performances diferenciais nos ambientes em que foram avaliadas. Em razão da interação linhagens × ambientes nos caracteres antes mencionados não apresentarem significância, doravante essas interações não serão mencionadas nessa discussão (Tabelas 9 e 10).

As análises de variância mostraram diferenças significativas entre linhagens das populações BR-105 e BR-106 para todos os caracteres, com exceção do teor de umidade dos grãos para as linhagens da BR-106. Da mesma forma, para linhagens originais e mantidas foram detectadas significâncias para todos os caracteres, com exceção do caráter acamamento e quebramento para linhagens originais da população BR-106 e para o caráter teor de umidade dos grãos para originais ($L_{\rm o}^{05}$) da população BR-105 e para originais ($L_{\rm o}^{06}$) e mantidas ($L_{\rm m}^{06}$) da população BR-106 (Tabelas 9 e 10). Estes resultados mostram que existe variabilidade genética entre linhagens dentro de cada população e que esta variabilidade se manteve após cinco gerações de manutenção das mesmas.

Quanto à interação de linhagens por ambientes, as linhagens originais e mantidas mostraram o mesmo comportamento para a duas populações para produção de grãos, altura de espiga, acamamento e quebramento, índice de colheita e diâmetro de espiga, isto é, apresentaram significâncias, mostrando que tanto as linhagens originais como as mantidas apresentaram

comportamento diferencial nos ambientes em que foram avaliadas o que já era esperado dada as grandes diferenças ambientais dos locais de avaliação (Tabelas 9 e 10).

Para o contraste L_o^{05} vs. L_m^{05} , dos 13 caracteres avaliados, apenas o caráter índice de colheita foi significativo (P≤0,05) para as linhagens oriundas da população BR-105; enquanto que para L_o^{06} vs. L_m^{06} três caracteres, comprimento e diâmetro da espiga e número de fileiras, foram significativos (P≤0,05). Estes resultados mostram que, para a maioria dos caracteres, não foram detectadas alterações entre as linhagens originais e aquelas mantidas por cinco gerações. Entretanto, este é um resultado médio, pois apenas compara as médias das linhagens da versão original com as médias da versão mantida. De qualquer forma, se alterações muito drásticas tivessem ocorrido nas linhagens mantidas, este teste teria acusado significância para a maioria dos caracteres. Além disso, as diferenças entre as médias das versões originais e mantidas para estes caracteres que mostraram significância foram muito pequenas. Assim, para índice de colheita, a diferença entre L_o^{05} (67,0%) e L_m^{05} (69,3%) foi de 2,3%, e as diferenças entre as médias de L_o^{06} e L_m^{06} foram de 0,3 cm, 0,1 cm e 0,3 fileiras para os caracteres comprimento da espiga, diâmetro de espiga e número de fileiras por espiga. Em média, as magnitudes dessas diferenças são muito pequenas para serem consideradas ou detectadas visualmente (Tabelas 9, 10 e 11).

Nas análises de variâncias, a interação do contraste (originais vs. mantidas) \times ambientes foi significativa apenas para os caracteres índice de colheita e diâmetro da espiga para $(L_o^{05} \text{vs.} L_m^{05}) \times \text{ambientes}$, e apenas para florescimento feminino para $(L_o^{06} \text{vs.} L_m^{06}) \times \text{ambientes}$. Esses resultados mostram que, para a maioria dos caracteres, os resultados dos contrastes se mantiveram nos ambientes de avaliação. Este é um fato importante, pois se o resultado fosse diferente a manutenção das linhagens e, consequentemente, o seu uso seria inviabilizado (Tabelas 9 e 10).

As médias de cada linhagem da versão original e mantida foram comparadas e as significâncias de seus contrastes foram avaliadas pelo teste *t*. Os resultados mostraram que, das

linhagens derivadas da população BR-105, apenas a linhagem 23-2B apresentou alterações significativas para 4 dos treze caracteres avaliados. Para aquelas derivadas da população BR-106, apenas a linhagem 37-5B apresentou alterações significativas para 2 dos treze caracteres avaliados. Estas alterações foram positivas, isto é, os valores destes caracteres nas linhagens mantidas são superiores aos das suas versões originais. As alterações na linhagem 23-2B da população BR-105 foram de magnitude elevada, sendo de 130,20% para produção de grãos, 33,80% para o índice de colheita, 11,80% para o teor de umidade dos grãos e de 15,20% para o diâmetro da espiga. Neste caso, há suspeita de ter ocorrido contaminação, por mistura de sementes ou na última geração de manutenção, uma vez que verificou-se a ocorrência de espigas fora do padrão durante a tomada de dados. Ressalta-se, também, que estas diferenças ocorreram nos quatro locais de avaliação. Para a linhagem 37-5B, as alterações foram de 19,30% para o comprimento da espiga e de 27,30% para o número de fileiras por espiga. Como as alterações foram para apenas dois caracteres e de magnitudes moderadas, estas alterações podem ser atribuídas a efeitos da seleção para uniformidade realizada durante o decorrer da manutenção da mesma (Tabelas 11, 12 e 13).

Desconsiderando-se a linhagem 23-2B que, possivelmente, teve problemas com contaminação, de todas as 17 linhagens e de 13 caracteres avaliados, apenas uma linhagem, a 37-5B da população BR-106, apresentou alterações positivas em dois caracteres da espiga e com valores moderados. As linhagens deste estudo foram selecionadas para capacidade de combinação e para uniformidade, conforme descrito no item Material e Métodos. Para a manutenção das mesmas foi aplicada seleção branda para uniformidade, considerando principalmente o aspecto visual das plantas de cada linhagem, a altura da planta e da espiga, florescimento masculino e feminino e cor dos estilo-estigmas na época do florescimento. Após a colheita, foram avaliados os aspectos visuais das espigas, como tipo de grãos e coloração dos grãos.

Os resultados da avaliação das linhagens *per se* indicam que existe a possibilidade de se manter a integridade genética de linhagens S₃ com a metodologia usada neste trabalho, isto é, com um número de plantas ao redor de 75 e seleção branda para uniformidade. Cabe res-

saltar que estas linhagens foram selecionadas inicialmente para uniformidade. O fato de ter ocorrido possível contaminação em uma das linhagens não invalida o resultado, uma vez que isto pode ocorrer também em linhagens completamente endogâmicas.

Carlone e Russell (1988) avaliaram linhagens S₂ originais e mantidas por seis gerações, utilizando 10 e 20 plantas de amostra por linhagem. Em ambas amostras detectaram alterações significativas para produção de grãos, altura de planta e florescimento feminino, sendo que as linhagens S₂ mantidas apresentaram médias superiores ou inferiores para estes caracteres em relação às linhagens originais. Estes resultados mostraram que a integridade genética das linhagens não foi mantida e, provavelmente, isto ocorreu devido aos tamanhos de amostras, 10 e 20 plantas por linhagem, serem muito pequenas, isto é, ao efeito da deriva genética causada pelo tamanho efetivo (Ne) reduzido utilizado para o estudo.

Os resultados obtidos no presente trabalho diferem do reportado por Carlone & Russell (1988) e dois fatores podem ser apontados: linhagens S_3 , cujo coeficiente de endogamia ($F\cong0,875$) é maior que o de linhagens S_2 ($F\cong0,75$) e o tamanho da amostra (75 plantas versus 10 ou 20). A variabilidade genética dentro de linhagens S_2 é muito maior que a de linhagens S_3 , o que dificulta a manutenção da integridade genética das linhagens. A discrepância também poderia dever-se aos diferentes sistemas de seleção das linhagens em ambas pesquisas: as linhagens S_2 foram obtidas através do método de semente única e as linhagens S_3 pelo sistema genealógico. No primeiro caso, a seleção foi feita com base no fenótipo individual das plantas e não na performance das progênies, como no segundo caso.

As alterações significativas nas linhagens S₂ mantidas correram em ambas direções, positiva e negativa, para metade dos caracteres avaliados (com 10 ou 20 plantas) e foram atribuídos a deriva genética causada pelo reduzido tamanho das amostras. Contudo, para alguns caracteres, as alterações não foram bidirecionais mas tenderam a se inclinar em uma direção só, sendo estas atribuídas à endogamia adicional ou à seleção não intencional durante o processo de manutenção das linhagens. Portanto, nenhum procedimento foi completamente efetivo na manutenção da integridade genética das S₂ originais, consequentemente, os tamanhos de amostra (10 e 20 plantas) usados não foram adequados.

4.3 Avaliação das linhagens em cruzamentos

Em média, o experimento conduzido na E.E. Caterpillar (7,68 t ha⁻¹) foi o que apresentou maior produção de grãos: 12,9%, 9,4% e 4,6% a mais do que na E.E. Areão (6,80 t ha⁻¹), em Castro (7,02 t ha⁻¹) e em Rio Verde (7,34 t ha⁻¹), respectivamente. O índice de colheita (81,13%) e a prolificidade (1,04 espigas planta⁻¹) nesse ambiente também foram os mais elevados, porém, sem diferenças significativas em relação à E.E. Areão (80,31%), no primeiro caráter, e a Castro (1,05 espigas planta⁻¹), no segundo caráter. O florescimento feminino médio na E.E. Caterpillar foi igual ao da E.E. Areão (65 dias), porém, em Rio Verde o florescimento ocorreu 4 dias antes e em Castro 30 dias mais tarde. O ambiente com menor altura de planta e altura da espiga foi Areão (208 cm e 114 cm, respectivamente), onde também se observou menor porcentagem de plantas acamadas (1,98%) além de menor teor de umidade dos grãos à colheita (11,8%). As diferenças encontradas entre a E.E. Areão e a E.E. Caterpillar, para as características de espiga, não foram significativas. Todos os coeficientes de variação experimental das características avaliadas estão dentro dos limites aceitáveis na avaliação deste tipo de material. Para produção de grãos esses coeficientes de variação variaram entre 8,21% na E.E. Areão a 12,16% em Castro.

As análises de variância mostraram diferenças altamente significativas para ambientes e tratamentos para todos os caracteres, mas para a interação tratamentos por ambientes foi detectada significância para produção de grãos, altura de planta e espiga, posição relativa da espiga na planta, acamamento e quebramento, comprimento da espiga e teor de umidade dos grãos, ou seja, para sete dos treze caracteres avaliados, indicando que estes caracteres apresentaram comportamento diferencial nos ambientes em que foram avaliados.

Os quadrados médios dos cruzamentos das linhagens da população BR-105 com os testadores, sintético IG-4 (T^{IG4}) e linhagem 14-4B (T^{14-4B}), foram altamente significativos para todos os caracteres, com exceção do teor de umidade dos grãos para T^{14-4B}. Para as linhagens obtidas da população BR-106, os quadrados médios dos cruzamentos com os dois

testadores, sintético IG-3 (T^{IG3}) e linhagem 23-2B (T^{23-2B}), foram todos significativos, indicando a existência de variabilidade entre as linhagens em cruzamento com os testadores. Os desdobramentos mostraram que as linhagens originais e mantidas, oriundas das duas populações, apresentaram comportamentos diferentes quando cruzadas com os dois tipos de testadores. Por exemplo, para as linhagens originais derivadas da população BR-105, os quadrados médios apenas dos caracteres acamamento e quebramento e teor de umidade dos grãos não foram significativos para o cruzamento com o sintético IG-4 ($T_{\rm o}^{\rm IG4}$), enquanto que para o cruzamento com a linhagem 14-4B (T_o^{14-4B}) , os caracteres prolificidade, posição relativa da espiga, índice de colheita, diâmetro da espiga e teor de umidade dos grãos não foram significativos. Padrão semelhante foi detectado para as linhagens mantidas onde no cruzamento com o sintético IG-4 (T_{m}^{IG4}) apenas um caráter não apresentou significância, enquanto para o cruzamento com a linhagem 14-4B (T_m^{14-4B}) , quatro caracteres não foram significativos. Para as linhagens derivadas da população BR-106, as diferenças foram menores. Com o testador sintético IG-3, as linhagens originais (T_o^{IG3}) e mantidas (T_m^{IG3}) não apresentaram significâncias para os caracteres produção de grãos e prolificidade, respectivamente. Já, para o testador linhagem 23-2B, as linhagens originais (T_o^{23-2B}) não apresentaram significâncias para os caracteres produção de grãos, prolificidade, diâmetro da espiga e número de grãos por fileira, e as linhagens mantidas ($T_{\rm m}^{\rm 23-2B}$) não apresentaram significância para prolificidade e acamamentos. to e quebramento (Tabelas 15 e 16).

Como foram utilizados testadores diferentes, sintéticos e linhagens, e de diferentes origens: sintético IG-3 e linhagem 23-2B como testadores das linhagens da população BR-106 e sintético IG-4 e linhagem 14-4B como testadores das linhagens da população BR-105, estes resultados diferentes para cada testador podem ser explicados pelas diferentes constituições genéticas dos mesmos, os quais contribuem com metade dos alelos nos cruzamentos. Dessa forma, pode-se esperar resultados diferentes destes, caso utilizem-se outros testadores.

Para as finalidades do presente trabalho, a fonte de variação mais importante é o contraste linhagens originais versus linhagens mantidas, $T_{\rm o}$ vs. $T_{\rm m}$. Para as linhagens derivadas da população BR-105, apenas um caráter para cada testador apresentou significância, isto é, prolificidade para T_o^{IG4} vs. T_m^{IG4} e número de fileiras espiga $^{\text{-}1}$ para T_o^{14-4B} vs. T_m^{14-4B} . O mesmo aconteceu para as linhagens derivadas da população BR-106, apenas um caráter por testador apresentou significância: altura da planta para $T_{\rm o}^{\rm IG3}$ vs. $T_{\rm m}^{\rm IG3}$ e florescimento feminino para $T_o^{23-2B}\, vs.\, T_m^{23-2B}$. Verifica-se, portanto, que dos treze caracteres avaliados para cada testador, apenas um apresentou significância (Tabelas 15 e 16). Nota-se, que a significância deste contraste dependeu do testador utilizado pois, além de variar entre testadores, estes caracteres não foram significativos para este contraste na avaliação das linhagens per se (Tabelas 9 e 10). Estes resultados mostram que, para a maioria dos caracteres avaliados, especificamente 12 caracteres dos 13 avaliados por testador, não foram detectadas significâncias para este contraste e, portanto, os cruzamentos das linhagens, originais e mantidas, das duas populações com dois testadores por população não apresentaram alterações que poderiam inviabilizar a utilização deste tipo de linhagem para se produzir híbridos daviles estes são resultados médios, pois compara, para cada testador, as médias das linhagens originais com as médias das linhagens mantidas. Apesar disso, se as linhagens tivessem sofrido grandes alterações em suas integridades genéticas, e com o mesmo testador para as duas versões, este contraste apresentaria significância para a grande maioria dos caracteres avaliados. Também, apesar da significância detectada para estes caracteres, nota-se que a diferença média entre eles é muito pequena para serem consideradas. Assim, os valores médios de prolificidade nas linhagens oriundas da população BR-105 cruzadas com o testador IG-4 são de 1,06 e de 1,01 espigas planta $^{-1}$ para as linhagens originais (T_{o}^{IG4}) e mantidas (T_m^{IG4}), respectivamente; para o caráter número de fileiras espiga⁻¹ no testador 14-4B os valores médios são de 11,4 e 11,7 para as linhagens originais (T_o^{14-4B}) e mantidas (T_m^{14-4B}) , respectivamente. Da mesma forma, para as linhagens oriundas da população BR-106, verificase que para o testador IG-3, o caráter altura de planta foi de 237 e 234 cm planta⁻¹ para as linhagens originais (T_o^{IG3}) e mantidas (T_m^{IG3}); e para o testador 23-2B, o caráter florescimento feminino foi de 76,0 e 75,3 dias para as linhagens originais (T_o^{23-2B}) e mantidas (T_m^{23-2B}), respectivamente (Tabelas 17 e 20).

Nas análises de variâncias, a interação do contraste $(T_o vs.T_m) \times$ ambientes não apresentou o mesmo padrão nas duas populações. Para as linhagens derivadas da população BR-105, apenas três caracteres apresentaram significância num testador só, isto é, prolificidade, posição relativa da espiga e florescimento feminino para $(T_o^{IG4} \text{ vs. } T_m^{IG4}) \times$ ambientes. Para as linhagens derivadas da população BR-106, apenas cinco dos treze caracteres avaliados apresentou significância somente em um testador, isto é, produção de grãos, posição relativa da espiga, índice de colheita, florescimento feminino e teor de umidade dos grãos para $(T_o^{23-2B}\, vs. \ T_m^{23-2B}) \times ambientes.$ Verifica-se, portanto, que para as interações $(T_o^{14-4B}\,\text{vs.}\,T_m^{14-4B}\,)\!\times\text{ambientes da população BR-105 e para}\,(T_o^{IG3}\,\text{vs.}\,T_m^{IG3}\,)\times\text{ambientes da}$ população BR-106, não foram detectadas significâncias nos caracteres avaliados (Tabelas 15 e 16). Devido ao fato de todos os caracteres (exceto florescimento feminino) que apresentaram significância na interação do contraste × ambientes nas linhagens per se (Tabelas 9 e 10) não serem os mesmos que apresentaram significância na interação do contraste × ambientes nos cruzamentos, esta interação dependeu principalmente do efeito dos testadores utilizados em cada população. Isto significa que a interação dos contrastes × ambientes seria diferente se outros testadores fossem utilizados.

Da mesma forma como foi feito com a avaliação das linhagens *per se*, as médias das versões originais e mantidas de cada linhagem em cruzamento com os testadores foram comparadas pelo teste *t*. Os resultados mostraram que apenas o caráter índice de colheita no cruzamento das versões original e mantida da linhagem 14-4B com o testador 23-2B apresentou significância, apesar da diferença ser pequena, isto é, 73,3% e 79,5% para as linhagens original e mantida, respectivamente (Tabelas 18 a 22).

Os resultados dos cruzamentos das linhagens originais e mantidas das duas populações com dois tipos de testadores para cada população mostraram que pequenas diferenças ocorreram, mas estas são muito pequenas para serem consideradas, uma vez que visualmente não seriam detectadas. Portanto, pode-se considerar que, em cruzamentos, as integridades genéticas das linhagens originais e mantidas das duas populações foram conservadas.

Carlone & Russell (1989) avaliaram linhagens S₂ originais e mantidas por seis gerações (utilizando 10 e 20 plantas por linhagens) assim como suas respectivas linhagens descendentes S₈, em cruzamentos com dois testadores heteróticos linhagens S₆. Em ambos os tipos de cruzamentos, isto é, S₂×S₆ (para ambos tamanhos de amostras) e S₈×S₆, encontraram diferenças significativas entre grupos para 57% das características avaliadas (as diferenças de produção de grãos não foram significativas). Nas comparações individuais entre cada linhagem S₂ original e mantida por seis gerações, detectaram alterações significativas em ambas direções para a maioria dos caracteres indicando que a integridade genética das linhagens não foi mantida. Para produção de grãos, uma linhagem S₂ mantida foi diferente significativamente de sua original, provavelmente, devido ao efeito da deriva genética causada pelo tamanho efetivo reduzido ou por seleção não intencional durante o processo de manutenção das linhagens. Por outro lado, três linhagens S₈ mostraram alterações significativas.

Os resultados obtidos no presente trabalho diferem dos reportados por Carlone & Russell (1989), provavelmente, devido às diferenças na heterogeneidade entre linhagens S₂ e S₃, e no tamanho das amostras. Espera-se que as linhagens S₃, mais uniformes (87,5% de homozigose), apresentem menos alterações genéticas durante sua manutenção do que linhagens S₂ (75,0% de homozigose). A manutenção das linhagens S₃ utilizando 75 plantas teve efeito nulo sobre a capacidade de combinação das linhagens individuais em comparação com linhagens S₂. Isto é muito importante pois, se são selecionadas Inhagens S₃ com alta capacidade de combinação em gerações precoces, o ideal seria que essa capacidade de combinação não fosse alterada durante a manutenção das linhagens. Por outro lado, as alterações detectadas nas linhagens S₈ por Carlone & Russell (1989) indicam que a capacidade de combinação foi alterada durante o processo de endogamia. Isto reforça ainda mais a idéia de que o processo

de manutenção, mediante o sistema proposto neste trabalho, é melhor que o processo de endogamia adicional na conservação de uma linhagem parcialmente endogâmica.

A expressão das alterações genéticas que ocorreram na manutenção das linhagens S₃, dependeriam da ação gênica envolvida e da precisão dos experimentos com linhagens e cruzamentos. Comparando os resultados da avaliação das linhagens S₃ per se com os resultados obtidos nos cruzamentos (linhagens $S_3 \times$ sintético e linhagens $S_3 \times$ linhagem elite) em ambas as populações, comprova-se que, em nenhum caso, as alterações observadas nas linhagens mantidas S₃ per se, necessariamente foram observadas nos seus cruzamentos (Tabelas 11, 17 e 20), corroborando a baixa correlação entre linhagens per se e testecrosses observada por Smith (1986). Estes resultados são diferentes aos de Carlone & Russell (1988 e 1989) que detectaram um total de 53 de 196 alterações possíveis para linhagens S2 mantidas usando 10 plantas, 38 de 196 alterações possíveis para linhagens S₂ mantidas usando 20 plantas e 11 de 56 alterações possíveis para linhagens S2 mantidas usando seleção moderada, ao passo que somente 16, 8 e 5 alterações correspondentes foram detectadas nos seus cruzamentos, respectivamente. Por tanto, esses autores acharam que alterações ocorridas nas linhagens S_2 per se corresponderam a alterações detectáveis em seus cruzamentos, atribuindo seus resultados à baixa correlação entre características de linhagens e cruzamentos, diferença na precisão entre experimentos de linhagens e de cruzamentos, efeito mascarador dos testadores e/ou erros de amostragem. No presente estudo, o número de mudanças foi de 6 ao nível per se e 1 ao nível de cruzamentos (Tabela 23), porém, excluindo as alterações da linhagem 23-2B e aceitando como de natureza genética as alterações da linhagem 37-5B, o número final de alterações significativas nas 18 linhagens S₃ em estudo para os 13 caracteres avaliados seria 2 ao nível per se e 1 ao nível de cruzamentos.

Os resultados de avaliação das linhagens *per se* e em cruzamentos com dois testadores indicam que existe a possibilidade de se manter a integridade genética de linhagens S₃ utilizando ao redor de 75 plantas no intercruzamento e seleção branda para uniformidade. O uso dessas linhagens S₃ na produção de sementes acarretaria algumas vantagens quando comparado com o uso de linhagens parentais altamente endogâmicas. A principal vantagem seria o

maior vigor das plantas e, consequentemente, a maior produção de sementes nos híbridos simples. Também, linhagens mais vigorosas usadas como macho polinizador produziriam mais pólen durante um período mais longo do que linhagens altamente endogâmicas. O maior vigor das linhagens as tornaria menos sensíveis ao calor e ao estresse por excesso de umidade que eventualmente ocorreriam durante o período de polinização. Adicionalmente, os híbridos simples $S_3 \times S_3$ mostrariam menor interação genótipo \times ambiente do que híbridos simples de linhagens altamente endogâmicas.

As potenciais desvantagens que poderiam ocorrer com o uso de linhagens S2, relatadas por Stangland & Russell (1981) e Carlone & Russell (1988 e 1989) são descartadas com o uso de linhagens S_3 . A manutenção de uma linhagem S_3 proposto neste estudo é bem mais fácil do que a manutenção de uma linhagem S_2 devido às linhagens S_3 não apresentarem alterações causadas por deriva genética. A uniformidade das linhagens S_3 é maior do que a uniformidade das linhagens S_2 , porém menor do que uma linhagem S_{∞} , portanto, sempre existirá uma pequena porção de plantas que ainda segregam, tornando um tanto difícil detectar problemas de contaminação. Como indicado no item anterior, em uma linhagem S3 existe ainda de variabilidade genética das progênies, é. um pouco dentro isto $\sigma_{pd_{s_3}}^2 = (0,13)\sigma_A^2 + (0,06)\sigma_D^2 \quad \text{(em que } \sigma_A^2 \, \text{\'e a variância aditiva e } \sigma_D^2 \, \text{\'e a variância}$ dominante) mas pode-se praticar seleção dentro das progênies se necessário, para se atingir a uniformidade (Souza Jr., 1989).

Decorrente do aumento no número de plantas utilizada no intercruzamento, uma desvantagem adicional seria que o processo de manutenção de uma linhagem S₃, ano após ano, gastaria mais tempo por cada linhagem devido ao grande número de polinizações requeridas do que com procedimentos de autofecundação, contudo, esta desvantagem seria minimizada se o processo de intercruzamento proposto realizasse ao nível comercial em campos isolados, isto é, evitando as polinizações artificiais. Por outro lado, essa desvantagem seria compensada se o problema dos materiais usados como parentais fosse sua alta depressão por endogamia. Apesar das dificuldades apresentadas, os resultados do presente estudo sugerem que a produção

de híbridos simples $S_3 \times S_3$ é possível e que a manutenção das linhagens S_3 pode ser feita sem ocasionar alterações genéticas por deriva genética e porque a capacidade de combinação das linhagens permanece inalterável após um procedimento de manutenção como o proposto.

4.4 Similaridade genética

Os valores das similaridades genéticas entre as linhagens originais e mantidas variaram de 0,84 para a linhagem 01-4B a 0,96 para as linhagens 34-2B e 17-1A nas derivadas da população BR-105. Para aquelas derivadas da população BR-106, a variação foi de 0,86 para a linhagem 37-5B a 0,98 para a linhagem 08-2A. Os intervalos de confiança mostraram que seis das oito linhagens da população BR-105 atingiram o valor máximo 1,0, enquanto que das dez linhagens da população BR-106, seis atingiram o valor máximo 1,0 no limite superior (Tabela 24). Quando o limite superior do intervalo de confiança atinge o valor máximo (1,0) indica que as linhagens originais e mantidas devem ser consideradas geneticamente idênticas.

As similaridades genéticas estimadas originaram às respectivas distâncias genéticas (distância genética = 1 – similaridade genética) as quais foram utilizadas na construção dos diagramas de agrupamento apresentados nas Figuras 1 e 2, para as linhagens das populações BR-105 e BR-106, respectivamente. Os dendrogramas confirmaram simplesmente os resultados de similaridade genética obtidos. Para a população BR-105 verifica-se na Figura 1 que todas as linhagens S3 mantidas após cinco gerações de intercruzamento possuem igual padrão genético ou a mesma impressão digital que suas respectivas linhagens originais. Assim, as Inhagens 23-2B, 33-5B, 17-1A e 34-2B são as que apresentaram menor distância genética entre suas versões original e mantida. Para a população BR-106 verifica-se na Figura 2 que das dez linhagens avaliadas, uma não apresentou suas versões ligadas no mesmo conjunto, isto é, a linhagem 37-5B após cinco gerações de manutenção apresentou diferente padrão genético que sua respectiva linhagem original, devido à baixa similaridade genética (0,86) entre as versões (Tabela 24). Este fato guarda estreita relação com a performance da linhagem 37-5B nas avaliações em campo, pois a nível *per se* foram detectadas alterações significativas na

versão mantida da linhagem em 2 caracteres avaliados (Tabela 12). Nota-se, por outro lado, que na mesma população BR-106, as linhagens que apresentaram menor distância genética foram 08-2A, 08-1A e 24-7B. Os elevados coeficientes de correlação cofenética (r = 0,97 a 0,98 para ambas populações) revela um grande ajuste com as estimativas de distância genética indicando que os marcadores moleculares utilizados foram eficientes em estabelecer essa relação. Segundo Ajmone-Marsan et al., (1998) os AFLPs oferecem um confiável e efetivo meio de estudar as relações entre linhagens endogâmicas novas e antigas de milho.

É interessante ligar os resultados obtidos no campo com os da análise de similaridade por meio de marcadores moleculares. Apesar das linhagens 01-4B e 05-2A oriundas da população BR-105 e 03-5B, 06-3A e 28-1A oriundas da população BR-106, apresentarem baixa similaridade genética entre suas versões original e mantida (0,84 a 0,91), não foram detectadas mudanças significativas na avaliação no campo em nenhuma delas, nem ao nível *per se* nem ao nível de cruzamentos. O grupo de linhagens composto por: 17-1A, 18-6A, 19-1B, 33-5B e 34-2B da população BR-105 e 08-1A, 08-2A, 24-7B, 29-7B e 44-1B da população BR-106, apresentou alta similaridade genética entre suas versões (0,92 a 0,98) e não observaram mudanças significativas no campo, nem ao nível *per se* nem ao nível de cruzamentos (Tabelas 12, 17 e 20).

A linhagem 23-2B apresentou alta similaridade genética (0,96), nenhuma mudança significativa ao nível de cruzamentos, porém, foram detectadas 4 mudanças significativas ao nível per se (Tabela 12). Como discutido no item 4.1, isto corrobora mais uma vez a hipótese de contaminação da versão mantida da linhagem com ocasião do aumento de semente. Análise similar pode ser feita no caso da linhagem 14-4B, a qual apresentou alta similaridade genética (0,92) entre sua versões porém nenhuma mudança significativa entre elas, tanto ao nível per se quanto ao nível de cruzamento com sintético IG-3. Entretanto, ao nível de cruzamento com a linhagem 23-2B foi detectada uma mudança significativa atribuída ao efeito do testador (Tabela 20). Como discutido anteriormente, a linhagem 37-5B é a única que observa uma relação direta entre baixa similaridade genética (0,86) de suas versões, com as alterações significativas observadas no campo ao nível per se (Tabela 12) mas que não foram expressas nos seus cru-

zamentos (Tabelas 17 e 20). Estes resultados indicam, de forma geral, que as análises de similaridade genética corroboraram os resultados obtidos na avaliação no campo.

Carlone & Russell (1988) também submeteram as linhagens S₂ originais e mantidas por seis gerações, com amostras de 10 e 20 plantas por linhagem, a análise com marcadores de tipo isoenzimas. Avaliaram oito plantas de cada linhagem para cada um de sete locos enzimáticos para determinar se as linhagens segregavam em algum loco. Se a linhagem original segregava para um loco, sua correspondente mantida foi avaliada para o mesmo loco para determinar se este tornava-se fixo ou permanecia segregando. Determinaram que uma pequena porção das linhagens originais segregaram para algum loco marcador enzimático. Esses resultados eram previsíveis por se tratar de linhagens parcialmente endogâmicas, nas quais muitos dos locos já foram fixados. Aproximadamente 60% das linhagens que segregaram estes 7 locos foram fixadas depois da manutenção utilizando-se 10 plantas, enquanto que 40% foram fixadas depois da manutenção utilizando 20 plantas.

Os dados obtidos por Carlone & Russell (1988) indicaram que a manutenção das linhagens S_2 mediante o uso de uma amostra de tamanho pequeno causou a fixação dos locos marcadores que estiveram segregando normalmente dentro das linhagens originais. Seus resultados de laboratório corroboraram aqueles obtidos em campo, concluindo que o uso de 20 plantas, ao invés de 10 plantas, durante o processo de intercruzamento, causou menor número de mudanças genéticas. Contudo, detectaram que nos sete locos enzimáticos empregados, uma média de 3 linhagens (21,4%) segregantes fixaram seus caracteres depois do período de manutenção, portanto, essas linhagens sofreram alteração genética devido ao efeito de intercruzamento. No presente estudo, desconsiderando a linhagem 23-2B por problemas de contaminação e considerando a linhagem 37-5B como a única que sofreu alteração genética, por ter apresentado mudanças significativas na avaliação no campo, a porcentagem de mudanças é 5,56%, enquanto que com linhagens S_2 , esta porcentagem é igual a 21,4%.

4.5 Consequências do uso de linhagens S₃ em programas de híbridos

Considerando, que a produção de uma linhagem S_3 supera em, aproximadamente, 20% a produção de uma linhagem S_6 , que o progresso esperado com a seleção de híbridos simples de linhagens S_3 é muito próximo ao esperado com linhagens S_∞ , que as diferenças entre as variâncias genéticas dos híbridos de linhagens S_3 e de linhagens S_∞ são muito pequenas, que a correlação genética entre cruzamentos de linhagens S_3 e cruzamentos de linhagens S_7 , descendentes diretas das linhagens S_3 , é alta, e ainda que a manutenção dessas linhagens torna-se viável ao utilizar o método de intercruzamentos proposto neste trabalho, pode-se selecionar e produzir híbridos simples de linhagens S_3 com alta performance. Salienta-se que, além de alta performance e boas características agronômicas (tais como posição relativamente baixa da espiga, resistência das plantas ao acamamento e quebramento e resistência a pragas e doenças) que permitam uma ótima produção de grãos.

Os híbridos simples de linhagens S_3 são mais baratos e fáceis de se produzir e podem ser mais apropriados quando os recursos dos pesquisadores são limitados e quando se trate de produtores de sementes e agricultores de baixo nível econômico. têm sido sugerido que as linhagens parcialmente endogâmicas, e especialmente as linhagens S_3 , podem ser menos sensíveis a condições ambientais adversas e podem reduzir os riscos na produção de semente quando comparados com linhagens altamente endogâmicas. Além disso, os híbridos simples de linhagens S_3 podem ter uma interação genótipo \times ambientes mais baixa do que seus respectivos híbridos simples de linhagens altamente endogâmicos. Resulta claro, portanto, que um programa de melhoramento de híbridos com este tipo de linhagens é mais barato do que um programa de híbridos com linhagens altamente endogâmicas, pois o tempo e o custo para selecionar e liberar linhagens S_3 ou híbridos de Inhagens S_3 são muito menores. Nas regiões tropicais de baixos recursos onde a uniformidade de um híbridos simples não é tão importante, a melhor alternativa é a produção desse tipo de híbridos que possuam boa performance.

Um aspecto favorável na produção de híbridos simples de linhagens S_3 é a maior facilidade na produção de sementes das linhagens parentais. Basicamente, as operações são as mesmas observadas para a produção de híbridos simples de linhagens homozigotas, mas existem alguns detalhes que devem ser observados e que resultam em vantagens em favor das linhagens S_3 . Assim, levando-se em consideração os fatores descritos anteriormente e os resultados obtidos neste trabalho, pode-se estabelecer uma comparação entre a produção de sementes de ambos tipos de híbridos. Esta análise é apresentada na Tabela 25 e baseia-se no trabalho realizado pela FAO (1982).

Para cada tipo de híbrido simples, o processo refere-se à produção de 1000 toneladas de semente certificada, nas suas diversas etapas, até chegar ao número de plantas e área indispensáveis para semear o material original ou semente básica. Para o híbridos simples de linhagens endogâmicas ($S_{\infty} \times S_{\infty}$), foi considerada uma produtividade de 2,0 t ha⁻¹ de semente e para o híbridos simples de linhagens S_3 20% a mais do que os primeiros, isto é, 2,40 t ha⁻¹. Em ambos os casos, levou-se em consideração a proporção de 2 linhas da fêmea para 1 linha do genitor masculino ou macho polinizador. Ressalta-se que, na atualidade, os sistemas de produção, visando alta qualidade de semente, consideram outros arranjos e proporções de plantio diferentes ao exemplo. O intuito desta análise é comparar de uma forma simples a produção dos dois tipos de híbridos.

Descreve-se em forma regressiva todo o processo, partindo de uma quantidade hipotética de semente até chegar às linhagens parentais. No item 10 (última linha da tabela que corresponderia ao início do processo) verifica-se que, para produzir suficiente semente original, no caso do híbridos simples $S_{\infty} \times S_{\infty}$, são necessários 480 m² da linhagem S_{∞} polinizadora e 960 m² da linhagem S_{∞} fêmea. Essa área abriga 2000 e 4000 plantas, respectivamente. No entanto, é requerida somente 58% dessa área para semear 1137 e 2316 plantas das linhagens macho e fêmea, respectivamente, do híbrido simples de linhagens S_{3} .

Como explicado anteriormente, não foram analisados nem o tempo nem os recursos necessários para chegar aos níveis S_{∞} e S_{3} , consideração adicional a levar em conta e que faz

com que a produção de híbridos simples de linhagens S₃ seja menos dispendiosa. Igualmente, salienta-se que na análise não foram incluídos aspectos como a necessidade de realizar cruzamentos artificiais, o isolamento dos campos onde se produzem as linhagens genitoras e o híbrido *per se*, o vigor das linhagens, que inclui a capacidade de se produzir sementes como genitor feminino ou pólen como genitor masculino, a compatibilidade no ciclo vegetativo dos genitores, o processo de despendoamento das linhas fêmeas antes da emissão de pólen ou uso de macho-esterilidade (esterilidade citoplasmática nas linhas fêmeas o que dispensaria o despendoamento), as atividades de "roguing" ou eliminação de plantas fora de tipo e plantas com sintomas de doença, os cuidados para evitar qualquer tipo de contaminação, e as inspeções durante todo o processo.

4.6 Considerações finais

O uso de híbridos simples de linhagens homozigotas é o objetivo principal de um programa de melhoramento de milho devido ao fato de que o progresso esperado com este tipo de híbridos é superior ao de híbridos triplos e ao de híbridos duplos. O progresso esperado em um híbrido simples é o máximo porque este explora toda a variância genética disponível, já os outros híbridos exploram apenas parte desta. Nas condições tropicais, o uso de híbridos simples de linhagens homozigotas é difícil devido a uma série de problemas relacionados com a produção de sementes, decorrentes da alta depressão por endogamia apresentada por alguns materiais (Borrero et al., 1992). Uma alternativa para contornar o problema seria utilizar linhagens parcialmente endogâmicas, cuja performance seja superior à de linhagens endogâmicas.

Relatos da literatura mostram que (a) a capacidade de combinação das linhagens é determinada em gerações precoces e permanece relativamente estável com o decorrer das gerações de autofecundação; (b) as variâncias genéticas aditiva e dominante e a performance dos híbridos simples de linhagens S₃ se aproximam das correspondentes nos híbridos simples de linhagens homozigotas e devem apresentar performances superiores as de híbridos triplos e

duplos de linhagens homozigotas, minimizando os problemas na produção de semente; (c) a correlação genética entre híbridos simples de linhagens S_3 ($F\cong0,875$) e de linhagens endogâmicas ($F\cong1,0$) é elevada (r=0,94); e (d) a produtividade das linhagens S_3 é em média 20% superior a de linhagens endogâmicas. Por outro lado, a manutenção das linhagens S_3 não constitui problema se é utilizado um sistema de intercruzamentos como o proposto neste trabalho. Portanto, a geração S_3 deve ser "considerada ideal" para praticar uma seleção precoce em qualquer programa de híbridos, não existindo razão alguma para se postergar a avaliação e seleção das linhagens para capacidade de combinação além dessa geração (Souza Jr., 2001).

Os resultados obtidos neste estudo demonstraram que nenhuma das linhagens S_3 mantidas apresentou efeitos acentuados de deriva genética. Isto quer dizer que o sistema de intercruzamentos dentro da linhagem com 75 plantas, usando seleção branda, foi efetivo na manutenção da linhagem. Assim, as integridades genéticas das linhagens S_3 originais foram mantidas após cinco gerações de intercruzamento para essa manutenção.

Estes resultados podem ser facilmente provados e aplicados em outros programas de melhoramento de milho. Assim, por exemplo, em algumas regiões de baixo nível econômico da América Latina existem populações ou raças de milho, que possuem adaptação específica aos ambientes onde evoluíram, elevada carga genética e são muito susceptíveis à depressão por endogamia. Estas são algumas das múltiplas razões pelas quais o mercado de híbridos nessas regiões ainda não foi desenvolvido. Contudo, têm sido detectada alta heterose no cruzamento da maioria das raças o que facilitaria a seleção de potenciais híbridos interpopulacionais. A utilização de linhagens S₃ na obtenção de híbridos simples, como sugerido neste trabalho, poderia ser uma alternativa para programas de melhoramento objetivando desenvolver híbridos com maior rapidez, tornando-se uma solução ao problema de baixa produtividade obtida por produtor nessas regiões.

5 CONCLUSÕES

Os resultados obtidos no presente trabalho permitiram concluir que:

- 1. O comportamento das linhagens S₃, selecionadas das populações BR-105 e BR-106, após cinco gerações de manutenção pelo sistema de intercruzamento e seleção moderada dentro da linha, não foi alterado pois não foram observadas mudanças genéticas na versão mantida dessas linhagens, quando avaliadas *per se* e em cruzamentos com testadores de base genética ampla e estreita.
- 2. Devido ao fato de a integridade genética das linhagens S₃ terem sido mantidas por cinco gerações de multiplicação, é viável a produção de híbridos simples utilizandose este tipo de linhagem.

ANEXOS

Tabela 8. Médias, coeficientes de variação e diferenças mínimas significativas por ambiente, de treze características de 36 linhagens parcialmente endogâmicas (S₃) de milho pertencentes a duas populações, avaliadas em quatro ambientes.

	Produção	Índice de	Prolifici-	Floresci-	Altura	Altura	Posição	Acamamento	Teor de	Comprimento	Diâmetro	N° de	N° de
Ambiente	de grãos	colheita	dade	mento	da planta	da espiga	relativa	+ quebra-	umidade	da espiga	da espiga	fileiras por	grãos por
				feminino			da espiga	mento	dos grãos	†	†	espiga †	fileira †
	t ha ⁻¹	%	espigas pta ⁻¹	dias		cm		%)	CI	n		n°
		-		-	-			-					
AREÃO	1,79	73,91	0,83		133,28	69,29	0,52	5,40	10,55	12,60	3,70	12,57	23,94
CATERPILLAR	2,65	73,05	1,02	70,03	147,89	75,81	0,51	6,84	11,02	13,04	3,80	12,79	25,89
Castro	2,45	58,88	0,91	99,32	192,15	115,42	0,60	1,88	16,32				
RIO VERDE	2,82		0,92	64,10	190,39	105,16	0,55	18,46	23,19				
Média geral	2,43	68,62	0,92	77,82	165,93	91,42	0,55	2,76	10,80 †	12,82	3,75	12,68	24,91
C.V. (%)	15,40	5,07	12,57	1,49	4,25	6,32	4,26	35,66	2,62	4,13	2,98	3,05	6,76
DMS _{α=0.05}	0,12	1,15	0,38	0,38	2,33	1,90	0,24	0,32	0,09	0,18	0,03	0,13	0,56

[†] média de 2 ambientes: Areão e Caterpillar

Tabela 9. Quadrados médios e significâncias obtidas nas análises conjuntas de variância para sete características, de 36 linhagens parcialmente endogâmicas (S₃) de duas populações de milho, avaliadas em quatro ambientes.

Fontes de Variação	G.L	Produção de grãos		cidade †	Altura da plan		Altura da espiga	a	Posição r da espi		Acamamo quebram	
		t ha ⁻¹	- espigas	planta ⁻¹		(cm				%	
Ambientes	3	7,38 **	22,55	**	32122,6	**	17979,42	**	59,49	**	49,62	**
Linhagens	35	2,87 **	7,16	**	1159,13	**	470,62	**	3,05	**	3,64	**
Linhagens BR105	15	2,63 **	4,50	**	785,68	**	274,79	**	3,00	**	4,31	**
Originais	7	3,27 **	4,20	**	747,74	**	297,70	**	4,00	**	5,45	**
Mantidas	7	2,30 **	5,30	**	934,51	**	290,81	**	2,00	*	3,56	**
Originais vs. Mantidas	1	0,41	0,60)	9,46		2,36		0,00		1,58	
Linhagens BR106	19	2,81 **	9,50	**	1404,19	**	588,86	**	3,00	**	2,96	**
Originais	9	3,81 **	11,30	**	1405,91	**	559,00	**	4,00	**	1,20	
Mantidas	9	2,12 **	8,50	**	1557,58	**	682,90	**	4,00	**	5,01	**
Originais vs. Mantidas	1	0,02	1,50)	8,19		11,40		0,00		0,39	
BR105 vs. BR106	1	7,69 **	2,90)	2104,67	**	1161,42	**	3,00	*	6,40	**
LINHAGENS × AMBIENTES	105	0,45 **	2,24	**	91,40	**	58,40	**	0,65		1,96	**
Linhagens BR105 × Ambientes	45	0,38 **	1,30)	105,35	**	65,64	**	1,00		2,02	**
Originais × Ambientes	21	0,30 **	1,70)	95,75	*	60,07	**	1,00		1,96	**
Mantidas × Ambientes	21	0,50 **	1,20)	121,15	**	78,18	**	1,00		2,11	**
(Originais vs. Mantidas) × Ambientes	3	0,08	0,00)	61,92		16,86		1,00		1,81	
Linhagens BR106 × Ambientes	57	0,48 **	3,00)	72,09	*	50,84	*	0,00		1,97	**
Originais × Ambientes	27	0,68 **	4,50	**	91,07	**	54,00	*	0,00		2,12	**
Mantidas × Ambientes	27	0,30 **	1,70)	57,94		47,56	**	0,00		2,00	**
(Originais vs. Mantidas) × Ambientes	3	0,21	1,20)	28,58		51,95		0,00		0,41	
(BR105 vs.BR106) × Ambientes	3	1,14 **	0,50)	249,25	**	93,39	*	60,00	**	0,82	
Erro Médio	140	0,14	1,34	ļ	49,84		33,40		0,55		0,97	
MÉDIA		2,43	0,92	!	165,93		91,42		0,55		2,76	
C.V. (%)		15,40	12,57	,	4,25		6,32		4,26		35,66	

^{*} e ** significativo com $P \le 0.05$ e $P \le 0.01$, respectivamente, pelo teste de F.

[†] e ‡ os quadrados médios foram multiplicados por 10² e 10³, respectivamente.

Tabela 10. Quadrados médios e significâncias obtidas nas análises de variância para seis características de 36 linhagens parcialmente endogâmicas (S_3) de duas populações de milho, avaliadas em três e dois ambientes.

Eentes de Verienão	G.L.	Índice de	e	Floresciment	o G.	.L.	Compris	nen-	Diâmetı	o da	N° de fil	eiras	N° de gi	ãos	Teor de u	ımida-
Fontes de Variação		colheita	†	feminino ‡			to da esp	iga ¶	espig	a ¶	por espi	ga ¶	por filei	ra ¶	de dos gr	rãos ¶
		%		dias				C1	m			1	n°		%	
Ambientes	2	2562,61	**	12802,67 *	*	1	3,56	**	0,16	**	0,84	*	68,25	**	3,42	**
Linhagens	35	156,71	**	28,09 *	*	35	3,64	**	0,18	**	8,90	**	18,94	**	0,24	**
Linhagens BR-105	15	86,51	**	37,40 *	*	15	4,14	**	0,15	**	10,69	**	19,71	**	0,20	**
Originais	7	133,53	**	41,12 *	*	7	4,27	**	0,27	**	11,59	**	23,38	**	0,13	
Mantidas	7	43,53	**	38,78 *	*	7	4,58	**	0,04	**	11,30	**	18,59	**	0,30	**
Originais vs. Mantidas	1	58,26	*	1,69		1	0,24		0,02		0,10		1,90		0,02	
Linhagens BR106	19	219,36	**	21,25 *	*	19	1,93	**	0,18	**	5,82	**	19,29	**	0,11	
Originais	9	274,29	**	20,59 *	*	9	1,58	**	0,23	**	6,61	**	16,97	**	0,14	
Mantidas	9	188,38	**	24,21 *	*	9	2,35	**	0,13	**	5,59	**	23,62	**	0,09	
Originais vs. Mantidas	1	3,82		0,60		1	1,30	*	0,08	*	0,78	*	1,19		0,11	
BR105 vs. BR106	1	19,37		18,33 *	*	1	28,50	**	0,81	**	40,47	**	0,65		3,12	**
LINHAGENS × AMBIENTES	70	38,05	**	1,62		35	0,53		0,03	**	0,27	*	3,36		0,05	
Linhagens BR105 × Ambientes	30	32,09	**	1,89		15	0,63	*	0,06	**	0,41	**	3,79		0,07	
Originais × Ambientes	14	28,78	**	0,94		7	0,79	*	0,02	*	0,59	**	3,32		0,05	
$Mantidas \times Ambientes$	14	29,74	**	2,83 *	*	7	0,48		0,09	**	0,28		4,81		0,09	
(Originais vs. Mantidas) × Ambientes	2	71,76	**	1,93		1	0,50		0,06	*	0,00		0,00		0,07	
Linhagens BR106 × Ambientes	38	37,67	**	1,38		19	0,43		0,02		0,14		3,08		0,04	
Originais × Ambientes	18	44,40	**	1,79		9	0,49		0,01		0,12		3,05		0,05	
Mantidas × Ambientes	18	34,66	**	0,84		9	0,39		0,02		0,17		3,36		0,03	
(Originais vs. Mantidas) × Ambientes	2	4,17		2,50 *		1	0,17		0,02		0,03		9,81		0,04	
(BR105 vs.BR106) × Ambientes	2	134,66	**	2,11 *		1	0,96		0,00		0,71	*	2,34		0,00	
Erro Médio	105	12,11		1,35		70	0,28		0,01		0,15		2,83		0,08	
MÉDIA		8,62		77,82			12,82		3,75		12,68		24,91		10,80	
C.V. (%)		5,07		1,49			4,13		2,98		3,05		6,76		2,62	

^{*} e ** significativo com $P \le 0.05$ e $P \le 0.01$, respectivamente pelo teste de F.

[†] avaliado em Areão, Caterpillar e Castro; ‡ avaliado em Caterpillar, Castro e Rio Verde; ¶ avaliados em Areão e Caterpillar.

Tabela 11. Comparações entre médias das versões original (o) e mantida (m) de 18 linhagens parcialmente endogâmicas para diversos caracteres.

	Produção de	Índice de	Prolificidade	Florescimento	Altura de	Altura de	Posição	Acamamento	Teor de	Comprimento	Diâmetro da	N° fileiras	N° grãos por
Linhagens	grão	colheita		feminino	planta	espiga	relativa da	+ quebra-	umidade dos	da espiga	espiga	por espiga	fileira
		†		†			espiga	mento	grãos ‡	‡	‡	‡	‡
	o m	o m	o m	o m	o m	o m	o m	o m	o m	o m	o m	o m	o m
	t ha ⁻¹	%	espigas pla ⁻¹	n° dias		em			%	cn	n		n°
01-4B	2,94 2,92	68,7 71,2	1,01 0,97	74,2 75,0	171 176	98 95	0,57 0,54	3,63 2,83	10,6 10,6	13,4 13,9	3,9 3,9	13,8 13,5	27,8 29,3
05-2A	4,41 4,40	73,5 73,0	1,12 1,22	71,0 72,3	192 185	108 105	0,56 0,56	1,82 0,00	10,6 10,6	15,6 15,2	3,9 3,8	11,6 11,7	31,8 29,6
17-1A	2,76 2,59	75,1 71,3	0,88 0,94	76,3 77,2	158 159	97 90	0,61 0,57	1,83 2,64	10,6 10,6	12,6 13,4	4,1 4,1	15,3 15,2	23,7 24,7
18-6A	2,88 2,33	69,3 62,4	0,97 0,90	76,0 76,8	163 160	90 92	0,55 0,57	2,10 2,35	10,8 10,2	11,8 11,6	4,5 4,1	17,7 18,1	23,6 21,6
19-1B	2,42 2,48	65,6 71,0	0,92 0,92	79,3 78,5	175 171	101 99	0,57 0,58	4,34 3,67	10,6 10,5	12,0 12,2	3,9 3,9	11,1 11,7	22,4 23,0
23-2B	1,38 3,18 *	54,2 72,5 *	0,79 0,91	83,0 83,5	177 191	91 102	0,51 0,53	3,76 3,38	10,2 11,4 *	15,1 15,4	3,3 3,8 *	11,3 11,6	21,0 26,9
33-5B	1,86 2,04	61,8 67,4	0,84 0,87	80,0 81,5	181 175	95 95	0,53 0,54	4,60 3,60	10,2 10,2	14,7 15,0	3,4 3,7	12,3 11,4	23,5 22,5
34-2B	2,19 2,18	68,2 65,3	0,91 0,85	77,5 75,5	149 144	79 77	0,53 0,53	1,62 2,09	10,8 10,4	12,5 12,2	3,9 3,8	15,5 14,5	24,6 24,6
Médias	2,61 2,77	67,1 69,3	0,93 0,95	77,2 77,5	171 170	95 94	0,55 0,55	2,96 2,57	10,6 10,6	13,5 13,6	3,9 3,9	13,6 13,5	24,8 25,3
03-5B	1,25 1,86	59,0 62,1	0,89 1,06	84,0 81,5	181 186	98 104	0,54 0,55	2,16 1,41	10,9 11,0	12,8 12,2	3,1 3,3	10,4 10,3	21,6 23,1
06-3A	2,27 2,03	70,5 65,3	0,97 0,94	76,5 74,3	159 154	88 81	0,55 0,52	1,40 2,07	10,6 10,9	11,8 10,4	3,5 3,4	11,4 11,3	25,0 23,0
08-1A	1,91 2,46	75,3 75,6	0,81 0,98	80,0 78,8	159 160	89 91	0,55 0,56	2,29 2,46	11,0 11,4	12,4 12,7	3,5 3,5	12,7 12,6	25,9 27,1
08-2A	2,53 2,03	79,8 74,9	0,95 0,83	77,5 78,2	143 146	80 81	0,56 0,55	1,99 2,09	11,2 11,0	12,1 11,7	3,8 3,6	12,9 12,7	24,1 23,5
14-4B	4,63 3,74	79,1 77,3	1,29 1,23	75,7 74,3	179 176	95 97	0,53 0,54	1,92 0,88	10,8 10,8	13,9 13,0	3,5 3,4	8,4 8,8	29,9 28,1
24-7B	2,41 2,51	72,6 73,9	0,88 0,95	78,2 79,0	144 137	80 75	0,56 0,55	2,00 2,67	11,6 11,2	13,4 12,1	3,9 3,8	14,2 13,7	29,1 24,6
28-1A	1,94 2,05	61,2 65,6	0,69 0,73	77,3 77,2	173 179	83 85	0,47 0,48	3,38 3,90	10,8 11,0	12,4 11,0	4,4 4,1	14,2 14,3	23,5 21,8
29-7B	1,05 1,15	50,1 52,7	0,73 0,81	80,8 82,7	197 191	117 114	0,59 0,59	3,15 4,96	10,8 10,9	10,8 11,2	3,7 3,6	11,2 10,9	20,6 19,8
37-5B	2,46 2,79	74,5 75,2	0,96 0,89	75,7 75,3	146 154	79 85	0,54 0,55	1,98 1,70	11,0 11,4	11,9 14,2 *	4,0 3,9	13,4 12,9	24,9 31,7 *
44-1B	1,92 1,44	70,4 65,0	0,80 0,80	77,2 79,5	149 139	82 73	0,55 0,52	2,52 1,90	10,8 10,9	12,9 12,2	3,8 3,6	12,7 11,2	25,6 24,1
Médias	2,24 2,21	69,3 68,8	0,90 0,92	78,3 78,1	163 162	89 89	0,54 0,54	2,28 2,40	11,0 11,1	12,4 12,1	3,7 3,6	12,2 11,9	25,0 24,7

^{*} significativo com $P \le 0.000219\,$ pelo ϖ rreção de Bonferroni \dagger médias provenientes de 3 ambientes.

[‡] médias provenientes de 2 ambientes.

Tabela 12. Valores dos contrastes entre as médias das linhagens originais e mantidas por cinco gerações e suas significâncias, de duas populações para diversos caracteres.

População/	Produção de grãos	Índice de colheita †	Prolifici- dade	Floresci- mento	Altura da planta	Altura da espiga	Posição relativa da	Acamamento + quebra-	Teor de umidade	Compri- mento da.	Diâmetro da espiga	N° de fileiras por	N° de grãos por		ero de anças
Linhagem				feminino†			espiga	mento	dos grãos ‡	espiga ‡	‡	espiga ‡	fileira ‡	signifi	cativas
	t ha-	%	espigas pta-	dias	C	m		(%	CI	n	n	°	(+)	(-)
BR105:															
01-4B	-0,02	2,5	-0,04	0,8	4,6	-2,9	-0,03	-0,79	0,0	0,5	0,0	-0,3	1,5	0	0
05-2A	-0,01	-0,5	0,10	1,3	-7,3	-2,6	0,00	-1,82	0,0	-0,4	-0,1	0,1	-2,2	0	0
17-1A	-0,18	-3,8	0,06	0,9	0,3	-6,7	-0,04	0,81	0,0	0,8	0,0	-0,1	1,0	0	0
18-6A	-0,56	-6,9	-0,07	0,8	-2,7	1,9	0,02	0,25	-0,6	-0,2	-0,4	0,4	-2,0	0	0
19-1B	0,06	5,4	0,00	-0,8	-3,5	-1,9	0,01	-0,67	-0,1	0,2	0,0	0,6	0,6	0	0
23-2B	1,80 *	18,3 *	0,12	0,5	14,0	11,3	0,02	-0,38	1,2 *	0,3	0,5 *	0,3	5,9	4	0
33-5B	0,18	5,6	0,03	1,5	-6,6	-0,9	0,01	-1,00	0,0	0,3	0,3	-0,9	-1,0	0	0
34-2B	-0,01	-2,9	-0,06	-2,0	-5,3	-1,2	0,00	0,47	-0,4	-0,3	-0,1	-1,0	0,0	0	0
S														4	0
BR106:															
03-5B	0,61	3,1	0,17	-2,5	5,1	5,4	0,01	-0,75	0,1	-0,6	0,2	-0,1	1,5	0	0
06-3A	-0,24	-5,2	-0,03	-2,2	-4,7	-7,3	-0,03	0,67	0,3	-1,4	-0,1	-0,1	-2,0	0	0
08-1A	0,55	0,3	0,17	-1,2	0,7	1,4	0,01	0,17	0,4	0,3	0,0	-0,1	1,2	0	0
08-2A	-0,50	-4,9	-0,12	0,7	3,3	0,9	-0,01	0,10	-0,2	-0,4	-0,2	-0,2	-0,6	0	0
14-4B	-0,90	-1,8	-0,06	-1,4	-2,7	2,2	0,01	-1,04	0,0	-0,9	-0,1	0,4	-1,8	0	0
24-7B	0,10	1,3	0,07	0,8	-6,9	-5,2	-0,01	0,66	-0,4	-1,3	-0,1	-0,5	-4,5	0	0
28-1A	0,11	4,4	0,04	-0,1	5,9	2,0	0,01	0,52	0,2	-1,4	-0,3	0,1	-1,7	0	0
29-7B	0,09	2,6	0,08	1,9	-5,7	-3,1	0,00	1,82	0,1	0,4	-0,1	-0,3	-0,8	0	0
37-5B	0,33	0,7	-0,07	-0,4	8,2	5,3	0,01	-0,28	0,4	2,3 *	-0,1	-0,5	6,8 *	2	0
44-1B	-0,48	-5,4	0,00	2,3	-9,7	-9,3	-0,03	-0,61	0,1	-0,7	-0,2	-1,5	-1,5	0	0
S														2	0

^{*} P ≤ 0,000219 pela correção de Bonferroni. † médias provenientes de 3 ambientes.

[‡] médias provenientes de 2 ambientes.

Tabela 13. Porcentagens dos contrastes entre as médias das linhagens originais e mantidas por cinco gerações e suas significâncias, de duas populações para diversos caracteres.

População/ Linhagem	Produção de grão	Índice de colheita †	Prolificade	Floresci- mento feminino†	Altura da planta	Altura da espiga	Posição relativa da espiga	Acamamento + quebra- mento	Teor de umidade dos grãos ‡	Comprimento da.	Diâmetro da espiga ‡	N° de fileiras por	N° de grãos por fileira ‡		lanças ïcativas
												espiga ‡	· ·	(+)	(-)
BR105:							/0							(+)	(-)
01-4B	-0,5	3,6	-4,0	1,1	2,7	-3,0	-5,3	-21,9	0,0	3,7	0,0	-2,2	5,4	0	0
05-2A	-0,2	-0,7	8,9	1,8	-3,8	-2,4	0,0	-100,0	0,0	-2,6	-2.6	0,9	-6,9	0	0
17-1A	-6,4	-5,1	6,8	1,2	0,2	-6,9	-6,6	44,5	0,0	6,3	0,0	-0,7	4,2	0	0
18-6A	-19,2	-10,0	-7,2	1,1	-1,7	2,1	3,6	11,9	-5,6	-1,7	-8,9	2,3	-8,5	0	0
19-1B	2,6	8,2	0,0	-1,0	-2,0	-1,9	1,8	-15,4	-0,9	1,7	0,0	5,4	2,7	0	0
23-2B	130,3 *	33,8 *	15,2	0,6	7,9	12,5	3,9	-10,1	11,8 *	2,0	15,2 *	2,7	28,1	4	0
33-5B	9,7	9,1	3,6	1,9	-3,6	-0,9	1,9	-21,7	0,0	2,0	8,8	-7,3	-4,3	0	0
34-2B	-0,5	-4,3	-6,6	-2,6	-3,6	-1,5	0,0	29,1	-3,7	-2,4	-2,6	-6,5	0,0	0	0
S	•													4	0
BR106:															
03-5B	49,2	5,3	19,1	-3,0	2,8	5,5	1,9	-34,7	0,9	-4,7	6,5	-1,0	6,9	0	0
06-3A	-10,4	-7,4	-3,1	-2,9	-3,0	-8,3	-5,5	48,2	2,8	-11,9	-2,9	-0,9	-8,0	0	0
08-1A	29,0	0,4	21,0	-1,5	0,4	1,6	1,8	7,2	3,6	2,4	0,0	-0,8	4,6	0	0
08-2A	-19,8	-6,1	-12,6	0,9	2,3	1,1	-1,8	4,9	-1,8	-3,3	-5,3	-1,6	-2,5	0	0
14-4B	-19,3	-2,3	-4,7	-1,8	-1,5	2,3	1,9	-54,0	0,0	-6,5	-2,9	4,8	-6,0	0	0
24-7B	4,2	1,8	8,0	1,0	-4,8	-6,5	-1,8	33,2	-3,4	-9,7	-2,6	-3,5	-15,5	0	0
28-1A	5,4	7,2	5,8	-0,1	3,4	2,4	2,1	15,2	1,8	-11,3	-6,8	0,7	-7,2	0	0
29-7B	8,7	5,2	11,0	2,4	-2,9	-2,6	0,0	57,7	0,9	3,7	-2,7	-2,7	-3,9	0	0
37-5B	13,5	0,9	-7,3	-0,5	5,6	6,7	1,9	-14,2	3,6	19,3 *	-2,5	-3,7	27,3 *	2	0
44-1B	-24,9	-7,7	0,0	3,0	-6,5	-11,3	-5,5	-24,4	0,9	-5,4	-5,3	-11,8	-5,9	0	0
S	:													2	0

^{*} P ≤ 0,000219 pela correção de Bonferroni.
† médias provenientes de 3 ambientes.
‡ médias provenientes de 2 ambientes.

Tabela 14. Médias, coeficientes de variação e diferenças mínimas significativas por ambiente, de treze características avaliadas em 81 cultivares de milho (72 cruzamentos e 9 testemunhas), avaliadas em quatro ambientes.

	Produção	Índice	Prolifici	Floresci-	Altura	Altura da	Posição	Acamamen-	Teor de	Comprime	Diâmetro	N° de fileiras	N° de
Ambiente	de grãos	de colheita	dade	mento	da planta	espiga	relativa	to + que-	umidade	nto	da espiga	por	grãos por
				feminino			da espiga	bramento	dos grãos	da espiga		espiga	fileira
	t ha ⁻¹	%	espigas pta ⁻¹	dias	cm	cm		%	%	cm	cm	n°	n°
AreÃo	6,80	80,31	0,99	64,98	208,56	114,02	0,55	1,98	11,80	16,41	4,61	12,52	37,16
CATERPILLAR	7,68	81,13	1,04	65,33	214,08	122,70	0,59	2,02	12,88	16,02	4,40	13,27	36,19
CASTRO	7,02	71,24	1,05	94,98	268,83	167,98	0,62	3,71	21,26				
RIO VERDE	7,34		0,99	60,94	246,20	139,04	0,56	4,44	18,19				
Média geral	7,21	77,57	1,02	73,75 †	234,42	135,94	0,58	3,04	12,34 ‡	16,21	4,51	12,89	36,67
C.V. (%)	7,24	2,45	6,76	0,84	2,36	3,26	2.87	33,39	3,62	3,38	3,51	3,71	4,11
DMS $_{\alpha=0.05}$	0,23	3,39	0,02	0,14	2,01	1,77	0,01	0,44	0,10	0,12	0,03	0,011	0,33

[†] média de 3 ambientes: Caterpillar, Castro e Rio Verde.

[‡] médias de 2 ambientes: Areão e Caterpillar

Tabela 15. Quadrados médios e significâncias obtidas nas análises conjuntas de variância de seis características de 81 cultivares de milho (72 cruzamentos e 9 testemunhas), avaliadas em 4 ambientes.

	GL	Produçã	io	Prolifi	ci-	Altura d	a	Altura o	la	Posiçã	io	Acamam	ento
Fontes de Variação		de grão	S	dade	†	planta		espiga		relativa	da	+ quebrai	men-
										espiga	‡	to	
		t ha ⁻¹		espigas pl	anta-		C1	m				% -	
Ambientes (A)	3	11,86	**	9,00	**	64932,67	**	45671,45	**	93,60	**	123,80	**
TRATAMENTOS	80	1,36	**	1,30	**	440,81	**	235,51	**	1,30	**	3,15	**
Cruzamentos	71	0,69	**	1,20	**	364,48	**	160,81	**	1,00	**	2,98	**
Linhagens BR-105	31	0,64	**	1,10	**	312,14	**	134,29	**	0,70	**	1,75	**
Testador IG-4	15	0,72	**	1,10	**	271,82	**	94,12	**	0,70	**	1,77	*
Originais	7	0,71	*	1,20	*	225,54	**	56,43	**	0,80	**	1,41	
Mantidas	7	0,82	**	0,50		356,91	**	138,58	**	0,70	*	2,35	*
Originais vs. Mantidas	1	0,09		4,50	**	0,19		46,74		0,40		0,19	
Testador 14-4B	15	0,53	*	0,80	*	363,78	**	178,38	**	0,60	**	1,82	*
Originais	7	0,76	*	0,70		387,91	**	190,97	**	0,50		2,42	*
Mantidas	7	0,27		1,10	*	389,16	**	190,78	**	0,80	**	1,22	
Originais vs. Mantidas	1	0,80		0,10		52,23		3,52		0,10		1,79	
IG-4 vs. 14-4B	1	1,11	*	5,40	**	142,27	*	75,47	*	0,00		0,52	
Linhagens BR-106	39	0,74	**	0,80	**	344,36	**	185,83	**	1,00	**	3,18	**
Testador IG-3	19	0,63	**	0,90	**	336,45	**	202,42	**	1,20	**	2,86	**
Originais	9	0,49		1,40	**	334,48	**	199,67	**	0,80	**	2,54	**
Mantidas	9	0,82	**	0,60		357,89	**	225,08	**	1,60	**	3,41	**
Originais vs. Mantidas	1	0,09		0,00		161,27	*	23,27		0,20		0,76	
Testador 23-2B	19	0,79	**	0,80	*	288,80	**	174,36	**	0,80	**	1,55	*
Originais	9	0,29		0,80		248,22	**	167,71	**	0,60	**	2,55	**
Mantidas	9	1,29	**	0,80		361,09	**	200,05	**	1,10	**	0,74	
Originais vs. Mantidas	1	0,80		0,70		3,38		2,99		0,00		0,01	
IG-3 vs. 23-2B	1	1,80	*	0,60		1550,30	**	88,48	*	2,80	**	40,20	**
BR-105 vs. BR-106	1	0,19		18,50	**	2771,55	**	7,07		14,20	**	32,78	**
Testemunhas	8	6,57	**	0,90	*	278,66	**	256,13	**	2,30	**	4,11	**
Cruzamentos vs. Testemunhas	1	7,25	**	6,70	**	7157,94	**	5373,96	**	8,30	**	7,73	**
T RATAMENTOS \times Ambientes	240	0,54	**	0,50		41,97	**	32,86	**	0,40	**	1,98	**
Cruzamentos × Ambientes	213	0,54	**	0,50		40,47	**	32,12	**	0,30		2,10	**
Linhagens BR-105 × Ambientes	93	0,38	*	0,60		48,26	**	37,07	**	0,30		1,38	**
Testador IG-4 × Ambientes	45	0,29		0,60		52,70	**	41,94	**	0,40		1,27	
Originais (O) × Ambientes	21	0,33		0,60		76,22	**	30,17	*	0,30		1,59	*
Mantidas (M)× Ambientes	21	0,26		0,50		32,86		53,34	**	0,40		1,02	
(O vs. M) × Ambientes	3	0,26		1,30	*	27,01		44,48		1,10	**	0,75	
Testador 14-4B × Ambientes	45	0,42	*	0,60		43,03	*	33,44	**	0,20		1,41	*
Originais (O) × Ambientes	21	0,48	*	0,60		33,17		37,83	**	0,30		1,34	
Mantidas (M)× Ambientes	21	0,41		0,60		54,83	**	30,91	*	0,20		1,57	*
(O vs. M) × Ambientes	3	0,05		0,60		29,49		20,37		0,00		0,89	
(IG-4 vs.14-4B) × Ambientes	3	1,25	**	0,20		60,11		18,48		0,30		2,58	*
Linhagens BR-106 × Ambientes	117	0,60	**	0,50		34,22		26,78	**	0,30		2,33	**
Testador IG-3 × Ambientes	57	0,47	*	0,30		32,66		25,87		0,30		1,44	**
Originais (O) × Ambientes	27	0,58	**	0,40		31,18			*	0,30		1,48	*
Mantidas (M) × Ambientes	27	0,37		0,20		33,75		26,27		0,30		1,36	
(O vs. M) × Ambientes	3	0,34		0,30		36,23		4,63		0,30		1,77	
Testador 23-2B × Ambientes	57	0,74	**	0,50		31,46		27,19	*	0,30		2,12	**
Originais (O) × Ambientes	27	0,66	**	0,50		32,82		26,38		0,20		2,42	*
Mantidas (M) × Ambientes	27	0,80	**	0,60		27,56		28,07	*	0,30		1,94	*
(O vs. M) × Ambientes	3	0,98	*	0,00		54,31		26,52		1,20	**	0,99	
(IG-3 vs.23-2B) × Ambientes	3	0,35		4,30	**	116,26	**	36,20		0,60		23,29	**
(BR-105 vs. BR-106) × Ambi-	3	3,07	**	0,00		42,88		87,29	**	0,30		15,32	**
Testemunhas × Ambientes	24	0,42		0,50		53,67	**	40,54	**	0,60		0,80	
(Cruzamentos vs. Testemunhas) ×	3	1,60	**	0,50		54,39		23,97		5,90	**	2,92	*
ERRO MÉDIO	256	0,27		0,30		30,53		19,62		0,28		1,03	
M ÉDIA		7,21		1,02		234,42		135,94		0,58		3,04	
CV (%)		7,21		6,76		2,36		3,26		2,87		33,39	

^{*} e ** significativo com $P \le 0.05$ e $P \le 0.01$, respectivamente, pelo teste de F

[†] e †. os quadrados médios foram multiplicados por 10^2 e 10^3 , respectivamente

Tabela 16. Quadrados médios e significâncias obtidas nas análises conjuntas de variância de sete características de 81 cultivares de milho (72 cruzamentos e 9 testemunhas), avaliadas em vários ambientes.

	GL	Índice	de	Florescir	nen-	GL	Com	pri-	Diâm	etro	N° o	le	N°	de	Teor	de
Fontes de Variação	†	Colhei	ta	to femin	nino	‡	men	ito	da esp	oiga	fileiı	as	grão	os	umid	lade
							da est	piga			por es	piga	por fil	eira	dos g	rãos
		% -		dias					cm				n°		%	
Ambientes (A)	2	2445,23	**	27760,4	**	1	6,14		1,74	**	23,13	**	38,53	**	47,00	
TRATAMENTOS	80	15,57	**	8,87	**	80	1,31	**	0,08	**	2,69	**	7,21	**	0,58	**
Cruzamentos	71	15,63	**	8,91	**	71	1,26	**	0,08	**	2,36	**	7,19	**	0,58	**
Linhagens BR-105	31	8,40	**	6,21	**	31	0,83	**	0,08	**	2,74	**	7,53	**	0,54	**
Testador IG-4	15	9,47	**	4,64	**	15	0,97	**	0,07	**	1,19	**	7,38	**	0,39	*
Originais	7	12,12	**	5,29	**	7	1,17	**	0,06	**	1,09	**	6,37	**	0,25	
Mantidas	7	7,81	*	4,65	**	7	0,89	**	0,09	**	1,46	**	9,16	**	0,51	*
Originais vs. Mantidas	1	2,59		0,07		1	0,17		0,00		0,00		1,99		0,43	
Testador 14-4B	15	6,87	*	4,30	**	15	0,67	**	0,04	*	1,11	**	4,48	*	0,25	
Originais	7	6,63		4,10	**	7	1,22	**	0,02		0,66	**	7,17	**	0,09	
Mantidas	7	7,73	*	5,08	**	7	0,20		0,05	*	1,57	**	2,43		0,45	*
Originais vs. Mantidas	1	2,45		0,23		1	0,08		0,06		1,05	*	0,02		0,00	
IG-4 vs. 14-4B	1	15,21	*	58,50	**	1	1,06		0,80	**		**	55,60	**	7,12	**
Linhagens BR-106	39	16,73	**	7,15	**	39	1,37	**	0,07	**	1,77	**	6,40	**	0,57	**
Testador IG-3	19	8,89	**	2,48	**	19	1,50	**	0,08	**	1,45	**	5,89	**	0,60	**
Originais	9	9,70	**	2,95	**	9	2,49	**	0,07	**	1,21	**	7,35	**	0,57	**
Mantidas	9	8,93	**	2,27	**	9	0,63	*	0,10	**	1,84	**	4,85	*	0,66	**
Originais vs. Mantidas	1	1,24		0,15		1	0,31		0,02		0,00		2,07		0,28	
Testador 23-2B	19	16,10	**	6,21	**	19	1,27	**	0,05	**	1,33	**	5,10	**	0,56	**
Originais	9	15,83	**	6,32	**	9	0,90	**	0,04		1,57	**	2,99		0,46	*
Mantidas	9	17,66	**	6,12	**	9	1,77	**	0,07	**	1,21	**	7,76	**	0,71	**
Originais vs. Mantidas	1	4,36		5,88	**	1	0,01		0,00		0,26		0,20		0,02	
IG-3 vs. 23-2B	1	177,76	**	113,89	**	1	0,91		0,00		16,08	**	40,85	**	0,24	
BR105 vs. BR106	1	197,16	**	161,15	**	1	10,60	**	0,71	**	13,49	**	27,42	**	2,55	**
Testemunhas	8	14,74	**	4,13	**	8	1,69	**	0,10	**	2,90	**	8,10	**	0,62	**
Cruzamentos vs. Testemunhas	1	18,06	*	43,69	**	1	1,94	**	0,02		24,31	**	1,46		0,16	
T RATAMENTOS × AMBIENTES	160	4,42		0,41		80	0,43	*	0,02		0,22		3,06		0,28	*
Cruzamentos × Ambientes	142	4,30		0,38		71	0,45	*	0,02		0,23		3,10		0,26	
Linhagens BR-105 × Ambientes	62	3,45		0,32		31	0,41		0,02		0,23		2,87		0,30	
Testador IG-4 × Ambientes	30	3,46		0,47		15	0,36		0,03		0,18		2,50		0,50	**
Originais (O) × Ambientes	14	5,05		0,48		7	0,48		0,04		0,18		2,21		0,64	**
Mantidas (M)× Ambientes	14	2,34		0,27		7	0,29		0,03		0,20		3,08		0,36	
(O vs. M) × Ambientes	2	0,14		1,80	**	1	0,00		0,02		0,00		0,35		0,50	
Testador 14-4B × Ambientes	30	3,30		0,18		15	0,48		0,01		0,29		3,37		0,11	
Originais (O) × Ambientes	14	4,33		0,20		7	0,53		0,01		0,46		4,22		0,13	
Mantidas (M)× Ambientes	14	2,66		0,18		7	0,44		0,01		0,11		2,75		0,11	
(O vs. M) × Ambientes	2	0,47		0,04		1	0,37		0,04		0,29		1,83		0,00	
(IG-4 vs.14-4B) × Ambientes	2	5,61		0,17		1	11,81	**	0,01		0,23		1,04		0,15	
Linhagens BR-106 × Ambientes	78	5,03		0,43		39	0,47	*	0,02		0,22		3,10		0,24	
Testador IG-3 × Ambientes	38	1,52		0,30		19	0,27		0,02		0,23		3,62		0,17	
Originais (O) × Ambientes	18	1,21		0,27		9	0,21		0,03		0,21		4,02		0,16	
Mantidas (M) × Ambientes	18	1,74		0,36		9	0,37		0,02		0,27		3,42		0,19	
(O vs. M) × Ambientes	2	2,33		0,03		1	0,00		0,02		0,00		1,80		0,08	
Testador 23-2B × Ambientes	38	8,72		0,57		19	0,69	**	0,02		0,22		2,73		0,20	
Originais (O) × Ambientes	18	10,97	**	0,38		9	0,85	**	0,01		0,33		3,23		0,18	
Mantidas (M) × Ambientes	18	5,28		0,20		9	0,52		0,03		0,08		2,48		0,15	
(O vs. M) × Ambientes	2	19,52	**	5,61	**	1	0,76		0,00		0,42		0,48		0,83	*
(IG-3 vs.23-2B) × Ambientes	2	1,42		0,24		1	0,19		0,02		0,20		0,19		2,33	
(BR105 vs. BR106) × Ambien-	2	2,52		0,29		1	0,60		0,00		0,20		10,33	*	0,00	
Testemunhas × Ambientes	16	5,83		0,72	*	8	0,20		0,01		0,22		1,52		0,29	
(Cruzamentos vs. Testemunhas) ×	2	1,51		0,06		1	1,38	*	0,02		0,00		12,11	*	1,62	**
Erro Médio	192	3,60		0,38		128	0,30		0,02		0,23		2,27		0,20	
MÉDIA		77,57		73,75			16,21		4,51		12,89		36,67		12,34	
CV (%)		2,45		0,84			3,38		3,51		3,71		4,11		3,62	

^{*} e ** significativo com $P \le 0.05$ e $P \le 0.01$, respectivamente, pelo teste de F

[†] e ‡ são os graus de liberdade de 3 e 2 ambientes, respectivamente.

Tabela 17. Comparações de médias entre as versões original (*o*) e mantida (*m*) de 18 linhagens parcialmente endogâmicas S₃ cruzadas com um sintético heterótico e as médias das testemunhas.

Cultivares	Produção de grãos	Índice de colheita †	Prolifici- dade	Florescimto. feminino †	Altura da planta	Altura da espiga	Posição relativa da espiga	Acamamento + quebra- mento	umidade dos grãos ‡	‡	da espiga ‡	N° fileiras espiga ⁻¹ ‡	N° grãos fileira ⁻¹ ‡
	o m	o m	o m	o m	o m	o m	o m	o m	o m	o m	o m	o m	o m
01 (D. 10.1	t ha ⁻¹	%	espigas pla ⁻¹	n° dias		m	0.50.0.50	9		cm			n°
$01-4B \times IG-4$	6,67 6,83	77,5 78,7	1,07 1,01	73,5 73,0	232 233	136 136	0,58 0,58	1,47 1,74	12,1 12,3	15,9 16,3	4,2 4,2	12,9 13,1	37,3 38,9
$05-2A \times IG-4$	7,61 7,54	80,0 78,9	1,16 1,02	72,2 72,4	237 232	140 138	0,59 0,59	1,52 1,09	12,5 11,7	16,7 16,3	4,4 4,3	12,6 12,0	38,6 39,4
$17-1A \times IG-4$	7,42 6,56	78,7 78,5	1,07 1,01	73,1 73,2	221 220	134 133	0,61 0,60	1,68 1,66	12,3 13,0	15,4 14,7	4,4 4,4	13,8 14,2	36,0 33,5
$18-6A \times IG-4$	7,92 7,78	79,9 81,1	1,02 1,05	72,8 73,2	233 229	138 139	0,59 0,60	1,19 1,43	12,9 12,4	15,6 15,5	4,6 4,8	14,6 14,7	36,0 36,5
$19-1B \times IG-4$	6,94 7,14	74,2 76,8	1,10 1,01	75,6 75,6	241 239	143 146	0,59 0,60	1,74 1,79	12,9 13,3	16,5 15,9	4,7 4,7	12,6 13,0	37,1 34,3
$23-2B \times IG-4$	7,39 7,61	75,9 75,9	1,04 0,98	75,3 75,4	241 244	135 139	0,56 0,56	1,65 1,51	13,1 12,2	16,2 16,1	4,5 4,5	13,1 12,8	37,2 36,5
$33-5B \times IG-4$	7,66 7,76	77,9 79,3	0,99 1,02	74,9 74,2	240 248	140 149	0,58 0,60	1,62 1,45	12,4 12,2	17,5 16,9	4,6 4,6	12,9 13,1	41,2 38,6
$34-2B \times IG-4$	7,76 7,55	79,1 77,6	1,00 0,94	72,6 72,5	225 225	131 131	0,58 0,58	1,25 1,09	12,9 12,2	15,3 16,3	4,8 4,7	13,9 13,5	35,8 37,5
Médias	7,42 7,35	77,9 78,4	1,06 1,01	73,8 73,7	234 234	137 139	0,59 0,59	1,52 1,47	12,6 12,4	16,1 16,0	4,5 4,5	13,3 13,3	37,4 36,9
$03-5B \times IG-3$	7,97 7,85	76,5 77,7	1,13 1,02	75,0 74,5	253 249	149 145	0,59 0,58	1,34 1,14	12,4 12,1	17,0 16,8	4,5 4,3	12,9 12,6	38,3 37,5
$06-3A \times IG-3$	6,74 6,97	75,2 75,1	0,98 1,03	73,7 73,0	232 233	136 129	0,59 0,55	0,93 1,05	12,4 12,6	15,3 15,3	4,4 4,5	12,9 13,6	35,1 34,7
08-1A×IG-3	7,23 7,11	78,2 79,1	0,95 1,03	75,2 74,4	239 239	142 147	0,59 0,61	1,64 1,32	12,7 12,4	17,7 16,9	4,5 4,5	13,4 13,9	39,4 38,6
$08-2A \times IG-3$	7,31 7,68	80,3 80,3	1,00 0,99	73,9 73,8	239 235	139 142	0,57 0,60	1,76 1,86	12,9 12,1	16,3 17,1	4,5 4,7	14,0 14,4	35,4 38,5
14-4B ×IG-3	7,54 7,54	80,0 77,5	1,03 1,05	72,1 72,0	234 231	133 136	0,57 0,58	1,41 1,53	12,2 12,7	15,7 16,5	4,3 4,4	12,2 12,0	35,1 36,0
24-7B×IG-3	7,46 7,02	79,0 78,3	1,02 0,95	73,2 74,0	225 218	130 127	0,57 0,58	1,90 1,92	13,7 12,6	16,1 16,6	4,4 4,4	14,4 14,1	37,5 38,4
28-1A×IG-3	7,63 8,14	76,3 77,6	0,94 0,98	73,7 73,5	239 240	131 132	0,54 0,55	1,53 1,18	13,1 13,7	14,2 15,8	4,9 5,0	14,8 14,9	32,6 35,3
29-7B×IG-3	7,03 6,86	76,1 74,6	0,98 1,01	74,7 74,9	250 246	148 143	0,59 0,58	1,59 1,79	12,2 12,3	16,2 16,5	4,8 4,5	13,3 12,5	35,3 34,5
37-5B×IG-3	7,10 7,69	79,4 77,8	1,07 1,06	73,3 72,8	226 226	131 129	0,58 0,57	1,81 1,54	12,0 12,1	16,3 17,0	4,4 4,8	13,4 14,0	36,2 35,9
44-1B×IG-3	7,11 6,94	78,7 78,9	0,95 0,96	72,7 73,5	234 227	134 132	0,57 0,58	1,64 1,52	12,2 11,5	18,0 16,4	4,7 4,6	13,4 12,9	36,7 36,6
Médias	7,31 7,38	78,0 77,7	1,01 1,01	73,8 73,6	237 234	137 136	0,58 0,58	1,56 1,49	12,6 12,4	16,3 16,5	4,5 4,6	13,5 13,5	36,2 36,6
Pop, BR105	5,50	77,0	1,00	73,8	228	133	0,58	1,53	12,0	16,0	4,3	14,4	36,8
Pop, BR106	6,44	76,7	1,02	73,5	230	135	0,59	1,98	13,2	16,3	4,7	13,8	39,4
Sintético IG3	5,90	76,3	1,01	72,3	227	126	0,56	1,41	12,3	16,1	4,5	14,5	35,2
Sintético IG4	5,00	76,1	0,92	73,7	219	122	0,55	1,83	11,7	14,9	4,2	12,1	35,2
HS-Z8392	8,01	82,4	1,01	70,7	214	111	0,52	1,46	12,3	15,7	4,7	15,3	35,7
HS-Z8452	8,37	80,3	1,01	73,5	217	126	0,58	0,98	12,7	17,6	4,4	13,0	38,6
HS-Z8486	8,58	80,2	0,99	71,8	232	130	0,56	0,93	13,2	15,7	4,6	14,2	37,1
HD-AG3010	6,40	79,0	0,95	71,2	214	114	0,54	1,19	11,8	16,3	4,5	12,8	37,0
HSM-AG9014	6,88	77,1	0,89	72,5	209	122	0,59	1,38	12,7	14,4	4,9	15,8	32,6

[†] e ‡ são médias provenientes de 3 e 2 ambientes, respectivamente. HS = Híbrido Simples; HD = Híbrido Duplo; HSM = Híbrido Simples Modificado.

Tabela 18. Valores dos contrastes entre as médias dos cruzamentos das linhagens, originais e mantidas por cinco gerações, com um sintético heterótico e suas significâncias, de duas populações para diversos caracteres.

População/ Testcrosses	Produção de grãos	Índice de colheita †	Prolifici- dade	Florescim. feminino †	Altura da planta	Altura da espiga	Posição relativa da espiga	Acamament o + quebram.	Teor de umidade dos grãos‡	Comprimento da. espiga ‡	Diâmetro da espiga ‡	N° fileiras espiga ⁻¹ ‡	N° grãos fileira ⁻¹ ‡	sign	lanças nifica- vas
	t ha ⁻¹	%	espigas pta ⁻¹	dias	CI	n		9	6		cm	n	°	(+)	(-)
BR105:															
$01\text{-}4B \times IG\text{-}4$	0,16 ns	1,2 ns	-0,06 ns	0,7 ns	0,9 ns	0,4 ns	0,00 ns	0,26 ns	-0,2 ns	0,4 ns	0,0 ns	0,3 ns	1,5 ns	0	0
$05-2A \times IG-4$	-0,07 ns	-1,1 ns	-0,14 ns	0,4 ns	-5,0 ns	-1,4 ns	0,01 ns	-0,43 ns	0,8 ns	-0,4 ns	-0,2 ns	-0,6 ns	0,8 ns	0	0
$17-1A \times IG-4$	-0,86 ns	-0,2 ns	-0,06 ns	0,2 ns	-1,5 ns	-1,0 ns	-0,01 ns	-0,02 ns	-0,7 ns	-0,8 ns	0,0 ns	0,4 ns	-2,5 ns	0	0
$18-6A \times IG-4$	-0,13 ns	1,3 ns	0,03 ns	0,7 ns	-3,5 ns	0,4 ns	0,01 ns	0,24 ns	0,5 ns	-0,1 ns	0,2 ns	0,1 ns	0,5 ns	0	0
$19-1B \times IG-4$	0,20 ns	2,5 ns	-0,09 ns	-0,2 ns	-2,0 ns	2,7 ns	0,01 ns	0,05 ns	-0,4 ns	-0,6 ns	0,0 ns	0,4 ns	-2,8 ns	0	0
$23-2B \times IG-4$	0,22 ns	0,1 ns	-0,06 ns	0,3 ns	3,1 ns	3,5 ns	0,01 ns	-0,14 ns	0,9 ns	0,0 ns	0,0 ns	-0,3 ns	-0,7 ns	0	0
$33-5B \times IG-4$	0,10 ns	1,4 ns	0,03 ns	-1,2 ns	7,3 ns	9,2 ns	0,02 ns	-0,17 ns	0,3 ns	-0,6 ns	0,0 ns	0,2 ns	-2,6 ns	0	0
$34-2B \times IG-4$	-0,21 ns	-1,5 ns	-0,06 ns	-0,7 ns	-0,2 ns	-0,1 ns	0,00 ns	-0,16 ns	0,8 ns	1,0 ns	-0,1 ns	-0,4 ns	1,6 ns	0	0
	S													0	0
BR106:															
$03-5B \times IG-3$	-0,12 ns	1,2 ns	-0,11 ns	0,5 ns	-4,4 ns	-4,5 ns	-0,01 ns	-0,20 ns	0,3 ns	-0,3 ns	-0,2 ns	-0,3 ns	-0,8 ns	0	0
$06-3A \times IG-3$	0,23 ns	-0,2 ns	0,05 ns	-0,6 ns	0,9 ns	-6,9 ns	-0,04 ns	0,12 ns	-0,1 ns	0,0 ns	0,2 ns	0,7 ns	-0,4 ns	0	0
$08-1A \times IG-3$	-0,12 ns	0,9 ns	0,08 ns	-1,1 ns	-0,1 ns	5,3 ns	0,03 ns	-0,32 ns	0,3 ns	-0,8 ns	-0,1 ns	0,5 ns	-0,8 ns	0	0
$08-2A \times IG-3$	0,37 ns	0,0 ns	-0,01 ns	-0,1 ns	-4,3 ns	2,9 ns	0,02 ns	0,10 ns	0,8 ns	0,7 ns	0,3 ns	0,4 ns	3,2 ns	0	0
$14-4B \times IG-3$	0,00 ns	-2,5 ns	0,02 ns	0,4 ns	-3,0 ns	2,2 ns	0,02 ns	0,13 ns	-0,6 ns	0,8 ns	0,1 ns	-0,2 ns	0,9 ns	0	0
$24-7B \times IG-3$	-0,45 ns	-0,7 ns	-0,07 ns	0,3 ns	-7,7 ns	-2,8 ns	0,01 ns	0,02 ns	1,1 ns	0,5 ns	0,0 ns	-0,3 ns	0,8 ns	0	0
$28-1A \times IG-3$	0,51 ns	1,3 ns	0,04 ns	0,0 ns	1,3 ns	1,0 ns	0,01 ns	-0,35 ns	-0,6 ns	1,5 ns	0,1 ns	0,1 ns	2,7 ns	0	0
29-7B×IG-3	-0,17 ns	-1,5 ns	0,03 ns	0,9 ns	-4,5 ns	-4,3 ns	-0,01 ns	0,21 ns	-0,1 ns	0,3 ns	-0,3 ns	-0,8 ns	-0,8 ns	0	0
$37-5B \times IG-3$	0,59 ns	-1,6 ns	-0,01 ns	-0,4 ns	0,5 ns	-1,8 ns	-0,01 ns	-0,27 ns	-0,1 ns	0,7 ns	0,5 ns	0,6 ns	-0,3 ns	0	0
44-1B×IG-3	-0,17 ns	0,2 ns	0,01 ns	2,0 ns	-7,2 ns	-1,9 ns	0,01 ns	-0,12 ns	0,7 ns	-1,6 ns	-0,1 ns	-0,5 ns	-0,1 ns	0	0
	S													0	0

ns é não significativo com $P \le 0,000219$ pela correção de Bonferroni. † e ‡ médias provenientes de 3 e 2 ambientes, respectivamente.

Tabela 19. Porcentagens dos contrastes entre as médias dos cruzamentos das linhagens, originais e mantidas por cinco gerações, com um sintético heterótico e suas significâncias, de duas populações para diversos caracteres.

População/ Testcrosses	Produção de grãos	Índice de colheita †	Prolifici- dade	Florescim. feminino †	Altura da planta	Altura da espiga	Posição relativa da espiga	Acamament o + quebram.	Teor de umidade dos grão s‡	Comprimento da espiga ‡	Diâmetro da espiga ‡	N° fileiras espiga ⁻¹ ‡	N° grãos fileira ⁻¹ ‡	Mudanç signific tivas	ca-
BR105:							%							Σ %	%
01-4B×IG-4	2,4 ns	1,6 ns	-5,6 ns	1,0 ns	0,4 ns	0,3 ns	0,2 ns	17,9 ns	2,1 ns	2,3 ns	0,1 ns	2,1 ns	4,1 ns	0 0,0	,00
$05-2A \times IG-4$	-0,9 ns	-1,4 ns	-12,1 ns	0,5 ns	-2,1 ns	-1,0 ns	1,0 ns	-28,3 ns	-6,5 ns	-2,4 ns	-4,1 ns	-4,4 ns	2,2 ns		,00
$0.5-2A \times 1G-4$ $17-1A \times 1G-4$	-0,9 ns	-0,3 ns	-5,6 ns	0,3 ns	-2,1 ns	-0,7 ns	-1,5 ns	-1,1 ns	5,9 ns	-4,9 ns	1,0 ns	3,1 ns	-7,0 ns		,00
$17-1A \times 1G-4$ $18-6A \times 1G-4$		1.6 ns			-0,7 ns			20,3 ns				0,7 ns	1,5 ns		,00
19-1B × IG-4	-1,7 ns 2,9 ns	3,4 ns	2,9 ns -8,2 ns	1,1 ns -0,2 ns	-0,8 ns	0,3 ns 1,9 ns	1,5 ns 2,2 ns	20,3 ns	-3,9 ns 3,0 ns	-0,6 ns -3,7 ns	4,6 ns 0,1 ns	2,8 ns	-7,5 ns		,00
23-2B × IG-4		0,1 ns			1,3 ns		1,0 ns								,00
33-5B × IG-4	1,3 ns	1,8 ns	3,0 ns	-1,7 ns	3,0 ns	6,6 ns	3,1 ns	-10,3 ns	-2,1 ns	-3,6 ns	-0,7 ns	1,5 ns	-6,2 ns		,00
$34-2B \times IG-4$	-2,7 ns	-1,9 ns	-6,0 ns	-1,0 ns	-0,1 ns	-0,1 ns	-0,7 ns	-13,0 ns	-5,8 ns	6,7 ns	-2,1 ns	-2,7 ns	4,5 ns		,00
	S													0 0,0	,00
BR106:															
$03-5B \times IG-3$	-1,5 ns	1,6 ns	-9,7 ns	0,7 ns	-1,7 ns	-3,0 ns	-1,5 ns	-15,2 ns	-2,4 ns	-1,7 ns	-5,2 ns	-2,0 ns	-2,0 ns		,00
$06-3A \times IG-3$	3,3 ns	-0,2 ns	5,1 ns	-0,9 ns	0,4 ns	-5,1 ns	-6,1 ns	12,7 ns	0,9 ns	0,0 ns	3,5 ns	5,5 ns	-1,1 ns	0 0,0	,00
$08-1A \times IG-3$	-1,7 ns	1,2 ns	8,4 ns	-1,5 ns	-0,1 ns	3,7 ns	4,8 ns	-19,4 ns	-2,2 ns	-4,5 ns	-1,4 ns	3,5 ns	-2,0 ns	0 0,0	,00
$08-2A \times IG-3$	5,1 ns	0,0 ns	-1,0 ns	-0,1 ns	-1,8 ns	2,1 ns	4,3 ns	5,5 ns	-6,4 ns	4,5 ns	5,8 ns	2,8 ns	9,0 ns	0 0,0	,00
$14-4B \times IG-3$	0,0 ns	-3,1 ns	1,9 ns	0,6 ns	-1,3 ns	1,7 ns	2,7 ns	8,9 ns	4,7 ns	4,9 ns	2,1 ns	-1,6 ns	2,7 ns	0 0,0	,00
$24-7B \times IG-3$	-6,0 ns	-0,8 ns	-6,9 ns	0,4 ns	-3,4 ns	-2,1 ns	1,2 ns	1,0 ns	-8,2 ns	3,0 ns	0,6 ns	-2,4 ns	2,3 ns	0 0,0	,00
$28-1A \times IG-3$	6,7 ns	1,7 ns	4,3 ns	0,0 ns	0,6 ns	0,8 ns	1,1 ns	-22,9 ns	5,0 ns	10,8 ns	2,6 ns	0,9 ns	8,2 ns	0 0,0	,00
29-7B×IG-3	-2,5 ns	-2,0 ns	3,1 ns	1,2 ns	-1,8 ns	-2,9 ns	-0,9 ns	13,0 ns	0,8 ns	1,9 ns	-5,9 ns	-5,9 ns	-2,1 ns	0 0,0	,00
37-5B ×IG-3	8,3 ns	-2,0 ns	-0,9 ns	-0,5 ns	0,2 ns	-1,3 ns	-0,9 ns	-14,8 ns	1,0 ns	4,1 ns	10,3 ns	4,4 ns	-0,8 ns	0 0,0	,00
44-1B×IG-3	-2,4 ns	0,2 ns	1,1 ns	2,8 ns	-3,1 ns	-1,4 ns	1,7 ns	-7,3 ns	-5,6 ns	-9,1 ns	-1,5 ns	-3,9 ns	-0,2 ns	0 0,0	,00
	\boldsymbol{S}													0 0,0	,00

ns é não significativo com $P \le 0,000219$ pela correção de Bonferroni. \dagger e \ddagger médias provenientes de 3 e 2 ambientes, respectivamente.

Tabela 20. Comparações de médias entre as versões original (o) e mantida (m) de 18 linhagens parcialmente endogâmicas S₃ cruzadas com uma linhagem elite heterótica e as médias das nove testemunhas.

Cruzamentos	Produção de grãos	Índice de colheita †	Prolifici- dade	Florescimento feminino	Altura da planta	Altura da espiga	Posição relativa da espiga	Acamamento + quebramento	Teor de umidade dos grãos ‡	Comprimento da espiga ‡	Diâmetro da espiga ‡	N° fileiras espiga ⁻¹ ‡	N° grãos fileira ⁻¹ ‡
	o m	o m	o m	o m	o m	o m	o m	o m	o m	o m	o m	o m	o m
	t ha ⁻¹	%	espigas pla ⁻¹	n° dias	c	m		%	ó	cm			n°
$01\text{-}4B \times 14\text{-}4B$	6,50 7,04	78,8 81,3	1,03 1,08	72,5 72,0	231 234	136 136	0,59 0,58	1,38 1,33	11,7 11,9	15,8 15,6	4,1 4,2	11,2 11,7	36,7 36,0
$05\text{-}2A \times 14\text{-}4B$	6,73 6,90	79,4 78,0	1,09 1,19	70,9 70,8	229 234	137 142	0,60 0,60	1,44 1,27	11,8 11,6	16,1 15,5	4,2 4,1	11,3 11,1	36,9 36,8
$17-1A \times 14-4B$	7,32 7,32	80,3 79,1	1,10 1,08	71,3 71,1	220 222	130 133	0,59 0,60	1,09 1,61	12,1 11,9	15,0 15,8	4,3 4,5	11,8 12,8	31,9 34,4
$18\text{-}6A \times 14\text{-}4B$	6,90 7,63	80,2 79,0	1,12 1,09	72,0 71,5	221 219	131 128	0,59 0,58	0,95 1,45	11,8 12,2	14,6 15,6	4,2 4,6	12,2 13,3	32,9 33,7
$19\text{-}1B\times14\text{-}4B$	7,70 7,38	77,3 76,6	1,11 1,07	72,8 73,3	237 234	145 142	0,61 0,60	1,33 1,43	11,9 12,7	16,3 16,0	4,4 4,3	10,7 11,3	35,3 34,5
$23\text{-}2B\times14\text{-}4B$	6,69 7,14	76,8 76,6	1,00 1,05	73,6 74,4	244 244	143 140	0,58 0,57	1,67 1,83	11,8 11,3	16,2 16,0	4,3 4,3	10,8 10,7	35,7 35,5
$33-5B \times 14-4B$	7,40 7,51	79,3 79,3	1,06 1,02	73,8 72,7	242 246	142 146	0,59 0,59	1,82 1,62	12,2 11,6	17,0 16,4	4,2 4,4	10,9 11,0	37,1 35,0
$34-2B \times 14-4B$	7,45 7,55	81,1 79,9	1,03 1,02	70,8 70,8	221 224	125 127	0,57 0,56	1,38 1,56	11,5 11,5	15,2 16,1	4,4 4,5	11,9 11,8	35,5 36,6
Médias	7,09 7,31	79,2 78,7	1,07 1,08	72,2 72,1	231 232	136 137	0,59 0,59	1,38 1,51	11,9 11,8	15,8 15,9	4,3 4,4	11,4 11,7	35,3 35,3
$03-5B \times 23-2B$	7,18 7,29	75,0 75,5	1,08 1,11	77,4 77,3	255 256	146 147	0,57 0,57	1,81 1,98	12,1 12,9	16,9 17,4	4,4 4,5	11,6 12,2	38,6 39,6
06-3A×23-2B	7,22 7,46	73,7 75,3	0,95 0,98	75,4 73,9	234 241	131 132	0,55 0,54	1,32 1,61	12,2 12,4	15,7 16,5	4,4 4,3	12,5 12,2	37,4 38,9
08-1A×23-2B	7,10 6,88	73,9 76,5	0,96 0,98	78,0 77,2	246 243	144 142	0,58 0,58	2,03 1,81	12,4 12,8	17,1 17,9	4,5 4,4	12,7 12,9	39,5 39,7
08-2A ×23-2B	7,16 7,44	78,4 77,6	0,96 1,02	76,0 77,2	241 240	137 144	0,56 0,60	2,05 1,86	12,4 13,2	17,1 17,5	4,6 4,5	13,1 12,6	38,9 39,2
14-4B×23-2B	7,10 7,44	73,3 79,5 *		74,2 73,7	244 250	138 145	0,57 0,57	1,82 1,72	11,8 11,8	16,7 16,2	4,4 4,5	10,8 11,5	37,0 36,6
24-7B×23-2B	6,69 6,35	78,3 73,1 78,3 73,1	0,92 1,00			133 124	, ,		12,3 12,5			13,8 13,5	37,6 38,5
28-1A×23-2B	7,02 7,39			76,0 75,5	233 219		0,57 0,56	2,04 1,99		16,1 15,9	4,7 4,6		
29-7B×23-2B		74,7 74,7	0,99 0,98	74,8 75,3	236 243	129 133	0,54 0,54	2,03 1,88	13,7 13,1	15,4 14,9	4,8 5,1	13,6 14,2	35,4 33,4
$37-5B \times 23-2B$	6,42 6,33	71,1 70,8	1,00 0,99	78,2 76,8	254 246	148 142	0,58 0,58	1,80 1,89	12,6 11,7	16,9 16,0	4,7 4,6	12,1 12,3	38,5 36,7
$44-1B \times 23-2B$	7,17 7,26	76,8 76,6	0,98 0,97	74,4 73,3	237 239	136 136	0,57 0,57	1,62 1,87	12,3 11,8	16,7 16,4	4,6 4,6	12,6 13,0	36,5 37,1
	7,16 7,92	76,0 76,9	0,98 0,98	75,3 75,4	241 241	138 140	0,57 0,58	1,80 1,74	12,4 11,6	16,9 17,3	4,6 4,7	12,2 12,3	38,0 39,1
Médias	7,03 7,23	75,1 75,2	0,99 1,01	76,0 75,3	242 242	138 139	0,57 0,57	1,80 1,80	12,4 12,4	16,6 16,6	4,6 4,6	12,5 12,7	37,7 37,9
Pop, BR105	5,50	77,0	1,00	73,8	228	133	0,58	1,53	12,0	16,0	4,3	14,4	36,8
Pop, BR106	6,44 5,00	76,7	1,02	73,5	230	135	0,59	1,98	13,2	16,3	4,7	13,8	39,4
Sintético IG3	5,90	76,3	1,01	72,3	227	126	0,56	1,41	12,3	16,1	4,5	14,5	35,2
Sintético IG4	5,00	76,1	0,92	73,7	219	122	0,55	1,83	11,7	14,9	4,2	12,1	35,2
HS-Z8392	8,01	82,4	1,01	70,7	214	111	0,52	1,46	12,3	15,7	4,7	15,3	35,7
HS-Z8452	8,37	80,3	1,01	73,5	217	126	0,58	0,98	12,7	17,6	4,4	13,0	38,6
HS-Z8486	8,58	80,2	0,99	71,8	232	130	0,56	0,93	13,2	15,7	4,6	14,2	37,1
HD-AG3010	6,40	79,0	0,95	71,2	214	114	0,54	1,19	11,8	16,3	4,5	12,8	37,0
HSM-AG9014	6,88	77,1	0,89	72,5	209	122	0,59	1,38	12,7	14,4	4,9	15,8	32,6

^{*} Significativo com P ≤ 0,000219 pela correção de Bonferroni.
† e ‡ são médias provenientes de 3 e 2 ambientes respectivamente. HS = Híbrido Simples; HD = Híbrido Duplo; HSM = Híbrido Simples Modificado

Tabela 21. Valores dos contrastes entre as médias dos cruzamentos das linhagens, originais e mantidas por cinco gerações, com uma linhagem elite heterótica e suas significâncias de duas populações para diversos caracteres.

População/ Cruzamentos	Produção de grãos	Índice de colheita †	Prolifici- dade	Florescim. feminino	Altura da planta	Altura da espiga	Posição relativa da espiga	Acamament o + quebra- m.	Teor de umidade dos grãos‡	Compri- mento da espiga ‡	Diâmetro da espiga ‡	N° fileiras espiga ⁻¹ ‡	N° grãos fileira -1 ‡	sign	lanças nifica- vas
	t ha ⁻¹	%	espigas pta ⁻¹	dias	cr	n	10	%	<u> </u>		m	n		(+)	(-)
BR105:															
$01-4B \times 14-4B$	0,54	2,4	0,05	-1,1	3,4	-0,9	-0,01	-0,05	-0,2	-0,2	0,1	0,5	-0,8	0	0
$05\text{-}2A \times 14\text{-}4B$	0,17	-1,4	0,10	0,0	5,2	4,0	0,00	-0,17	0,2	-0,6	-0,1	-0,2	-0,1	0	0
$17-1A \times 14-4B$	0,00	-1,2	-0,02	0,6	2,5	2,8	0,00	0,51	0,2	0,8	0,1	0,9	2,5	0	0
$18-6A \times 14-4B$	0,73	-1,3	-0,03	-0,1	-1,2	-2,9	-0,01	0,50	-0,4	0,9	0,4	1,1	0,8	0	0
$19-1B \times 14-4B$	-0,32	-0,8	-0,04	0,1	-2,5	-2,9	-0,01	0,10	-0,8	-0,3	-0,1	0,7	-0,8	0	0
$23-2B \times 14-4B$	0,45	-0,2	0,05	1,5	-0,2	-2,8	-0,01	0,15	0,6	-0,2	-0,1	0,0	-0,2	0	0
$33-5B \times 14-4B$	0,11	0,0	-0,04	-0,1	4,2	4,6	0,01	-0,19	0,6	-0,6	0,2	0,1	-2,1	0	0
$34-2B \times 14-4B$	0,11	-1,2	-0,01	1,7	3,0	1,8	0,00	0,18	0,1	0,9	0,2	-0,2	1,1	0	0
S	3													0	0
BR106:															
$03-5B \times 23-2B$	0,11	0,4	0,03	0,6	1,1	0,7	0,00	0,17	-0,8	0,4	0,1	0,6	1,0	0	0
$06-3A \times 23-2B$	0,25	1,6	0,03	-1,6	6,5	1,2	-0,01	0,29	-0,1	0,8	-0,1	-0,3	1,5	0	0
$08-1A \times 23-2B$	-0,22	2,6	0,02	-1,1	-3,9	-2,2	0,00	-0,21	-0,4	0,8	-0,1	0,2	0,2	0	0
$08-2A \times 23-2B$	0,28	-0,8	0,06	-1,6	-1,1	6,9	0,03	-0,19	-0,8	0,3	-0,1	-0,5	0,3	0	0
$14-4B \times 23-2B$	0,79	6,3 *	0,01	-0,2	5,8	6,1	0,01	-0,10	0,0	-0,6	0,1	0,6	-0,4	1	0
24-7B×23-2B	-0,34	-5,1	0,08	-0,6	-13,3	-8,8	-0,01	-0,05	-0,1	-0,1	-0,1	-0,3	0,9	0	0
$28-1A \times 23-2B$	0,37	0,0	-0,01	0,4	7,2	4,1	0,00	-0,16	0,6	-0,5	0,3	0,7	-2,0	0	0
29-7B×23-2B	-0,08	-0,3	-0,01	-1,3	-8,4	-6,1	-0,01	0,09	0,9	-0,9	-0,1	0,2	-1,8	0	0
37-5B×23-2B	0,09	-0,2	-0,01	-1,6	2,2	-0,2	-0,01	0,25	0,4	-0,3	0,0	0,4	0,6	0	0
44-1B×23-2B	0,76	0,9	0,00	0,0	-0,1	2,1	0,01	-0,06	0,7	0,3	0,1	0,1	1,2	0	0
S	3													1	0

^{*} Sgnificativo com P ≤ 0,000219 pela correção de Bonferroni † e ‡ médias provenientes de 3 e 2 ambientes, respectivamente

Tabela 22. Porcentagens dos contrastes entre as médias dos cruzamentos das linhagens, originais e mantidas por cinco gerações, com uma linhagem elite heterótica e suas significâncias, de duas populações para diversos caracteres.

Populações/ Cruzamentos	Produção de grãos	Índice de colheita †	Prolifici- dade	Floresci- mento feminino	Altura da planta	Altura da espiga	Posição relativa da espiga	Acamament o + quebra- m.	Teor de umidade dos grãos‡	Comprimento da espiga ‡	Diâmetro da espiga ‡	N° fileiras por esp iga ‡	N° grãos por fileira ‡	sign	lanças nifica- vas
							%							Σ	%
BR105:															
$01\text{-}4B \times 14\text{-}4B$	8,3	3,1	4,9	-1,6	1,5	-0,6	-1,5	-3,5	1,7	-1,4	1,9	4,2	-2,1	0	0,00
$05\text{-}2A \times 14\text{-}4B$	2,5	-1,8	9,2	0,0	2,3	2,9	0,7	-11,7	-1,5	-3,7	-1,4	-1,4	-0,3	0	0,00
$17-1A\times14-4B$	0,0	-1,5	-1,8	0,9	1,1	2,2	0,7	47,0	-1,7	5,2	3,1	7,8	7,8	0	0,00
$18\text{-}6A \times 14\text{-}4B$	10,6	-1,6	-2,7	-0,2	-0,5	-2,2	-1,3	52,0	3,6	6,5	8,9	9,1	2,5	0	0,00
$19-1B \times 14-4B$	-4,2	-1,0	-3,6	0,1	-1,1	-2,0	-1,0	7,4	7,1	-1,7	-2,5	6,2	-2,3	0	0,00
$23-2B \times 14-4B$	6,7	-0,2	5,0	2,1	-0,1	-2,0	-2,5	9,2	-4,7	-1,2	-1,3	-0,2	-0,7	0	0,00
$33-5B \times 14-4B$	1,5	0,0	-3,8	-0,1	1,7	3,2	0,9	-10,7	-5,0	-3,4	4,8	0,9	-5,8	0	0,00
$34-2B \times 14-4B$	1,5	-1,5	-1,0	2,4	1,4	1,5	-0,7	13,2	-0,7	6,1	3,5	-1,5	3,2	0	0,00
	S													0	0,00
BR106:															
$03-5B \times 23-2B$	1,5	0,5	2,8	0,8	0,4	0,5	-0,2	9,5	6,2	2,5	2,4	4,9	2,7	0	0,00
$06-3A \times 23-2B$	3,4	2,2	3,2	-2,1	2,8	0,9	-2,2	22,3	1,1	5,1	-2,3	-2,7	3,9	0	0,00
$08-1A \times 23-2B$	-3,1	3,5	2,1	-1,5	-1,6	-1,5	-0,2	-10,6	3,5	4,6	-2,3	1,5	0,5	0	0,00
$08-2A \times 23-2B$	3,9	-1,0	6,3	-2,1	-0,4	5,0	5,8	-9,1	6,3	1,7	-2,5	-3,8	0,8	0	0,00
$14-4B \times 23-2B$	10,9	8,5 *	1,0	-0,3	2,4	4,4	1,7	-5,7	-0,1	-3,5	3,2	5,8	-1,1	1	1,16
$24-7B \times 23-2B$	-5,1	-6,6	8,7	-0,8	-5,7	-6,6	-1,0	-2,3	0,9	-0,9	-1,7	-2,4	2,4	0	0,00
$28-1A \times 23-2B$	5,3	0,0	-1,0	0,5	3,0	3,2	-0,2	-7,7	-4,3	-3,1	6,0	4,9	-5,7	0	0,00
29-7B×23-2B	-1,3	-0,4	-1,0	-1,7	-3,3	-4,1	-1,0	5,0	-7,4	-5,3	-1,3	2,0	-4,7	0	0,00
$37-5B \times 23-2B$	1,3	-0,2	-1,0	-2,3	0,9	-0,2	-1,2	15,5	-3,6	-1,9	0,2	3,2	1,5	0	0,00
$44-1B \times 23-2B$	10,6	1,2	0,0	-0,1	0,0	1,5	0,9	-3,4	-5,9	2,1	2,3	0,8	3,1	0	0,00
	S													0	0,12

^{*} Significativo com $P \le 0,000219$ pela correção de Bonferroni. † e ‡ médias provenientes de 3 e 2 ambientes, respectivamente.

Tabela 23. Número de mudanças significativas detectadas em treze caracteres avaliados em campo nas 18 linhagens S_3 *per se* e seus cruzamentos. As sinais (+) e (-) indicam incremento e diminuição, respectivamente.

				Linhage	ens B	R-105					Linhage	ens B	R-106	,	
	_	per	se	×I	G-4	×14	-4B		pe	r se	×I	G-3	×23	5-2B	
	_	+	-	+	-	+	-	à	+	-	+	-	+	-	à
Produção de grãoss		1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Índice de colheita †		1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	1	0	1
Prolificidade		0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Florescimento feminino		0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Altura da planta		0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Altura da espiga		0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Posição relativa da espiga		0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Acamamento + quebramento		0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Teor de umidade dos grãos		1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Comprimento da espiga		0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1
Diâmetro da espiga		1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
N° de fileiras espiga⁻¹		0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
N° de grãos fileira⁻¹		0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1
Σ	Ξ	4	0	0	0	0	0	4	2	0	0	0	1	0	3
Tota	ıl	4	ļ	(0	(0			2	()		1	

Tabela 24. Similaridade genéticas obtidas com marcadores moleculares do tipo AFLP e intervalos de confiança ($P \le 0.95$) entre as linhagens S_3 originais e suas respectivas versões após cinco gerações de manutenção.

Domulo a a d	A	nálise de Similario	dade
População/ Linhagem	Similaridade		e Confiança
	Genética	Limite Inferior	Limite Superior
BR-105:			
01-4B	0,8387	0,7384	0,9365
05-2A	0,8529	0,7629	0,9429
17-1A	0,9600	0,9038	1,0000
18-6A	0,9464	0,8776	1,0000
19-1B	0,9231	0,8431	1,0000
23-2B	0,9592	0,8942	1,0000
33-5B	0,9583	0,8864	1,0000
34-2B	0,9600	0,8966	1,0000
BR-106:			
03-5B	0,9000	0,8192	0,9816
06-3A	0,9057	0,8218	0,9826
08-1A	0,9623	0,9091	1,0000
08-2A	0,9808	0,9434	1,0000
14-4B	0,9216	0,8431	1,0000
24-7B	0,9630	0,9091	1,0000
28-1A	0,8679	0,7685	0,9608
29-7B	0,9400	0,8647	1,0000
37-5B	0,8615	0,7730	0,9441
44-1B	0,9298	0,8536	1,0000

Tabela 25. Área necessária e requerimento de sementes nos diferentes estádios de um programa de produção de sementes certificadas de híbridos simples de milho.

		Tipo de Híb	ridos Simples
		De linhagens endogâmicas	De linhagens parcialmente endogâmicas
1	Exemplo	$S_{\infty} \times S_{\infty}$	$S_3 \times S_3$
2	Material original	Duas linhagens S_{∞} , exemplo A e B	Duas linhagens S ₃ , exemple A e B
3	Quantidade de Semente Certificada	1000 TM	1000 TM
4	Produção de Semente Original	2,00 t ha ⁻¹	2,40 t ha ⁻¹
5	Área necessária para uma proporção 2:1	Total 500 ha de sementes de A, e 250 ha do macho polinizador B	Total 417 ha de sementes de A, e 208 ha do macho polinizador B
6	Semente necessária para o item 5 (a uma taxa $\beta = 20 \text{ kg ha}^{-1}$)	A = 10,0 t B = 5,0 t	A = 8,34 t B = 4,16 t
7	Área necessária para produção de semente no item 6 (com produtividade χ)	$(\chi = 1.0 \text{ t ha}^{-1})$ A = 10.0 ha B = 5.0 ha	$(\chi = 1.2 \text{ t ha}^{-1})$ A = 6.95 ha B = 3.47 ha
8	Semente necessária no item 7 (a uma taxa $\delta = 20 \text{ kg ha}^{-1}$)	A = 200,0 kg B = 100,0 kg	A = 139.0 kg B = 69.4 kg
9	N° de plantas necessárias para produzir semente na coluna 8 (com produtividade λ)	$(\lambda = 50 \text{ g planta}^{-1})$ A = 4000 B = 2000	$(\lambda = 60 \text{ g planta}^{-1})$ A = 2316 B = 1137
10	Área necessária para plantio no item 9, considerando 0,24 m² planta ⁻¹	$A = 960 \text{ m}^2$ $B = 480 \text{ m}^2$	$A = 556 \text{ m}^2$ $B = 278 \text{ m}^2$

Nos itens 4, 7 e 9 foi considerada uma produção adicional de 20% para as linhagens S_3 (Hallauer & Sears, 1973; Good & Hallauer, 1977).

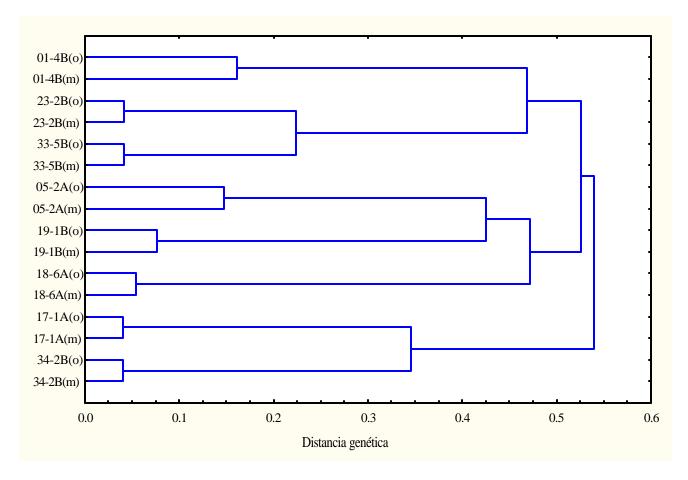


Figura 1. Associação entre oito linhagens originais S_3 (o) de milho e suas correspondentes linhagens mantidas S_3 (m), revelada pela análise UPGMA dos coeficientes de distância genética de Jaccard (1 – coeficiente de similaridade) e obtidos a partir de 109 bandas polimórficas geradas por AFLP. As linhagens pertencem à população BR105.

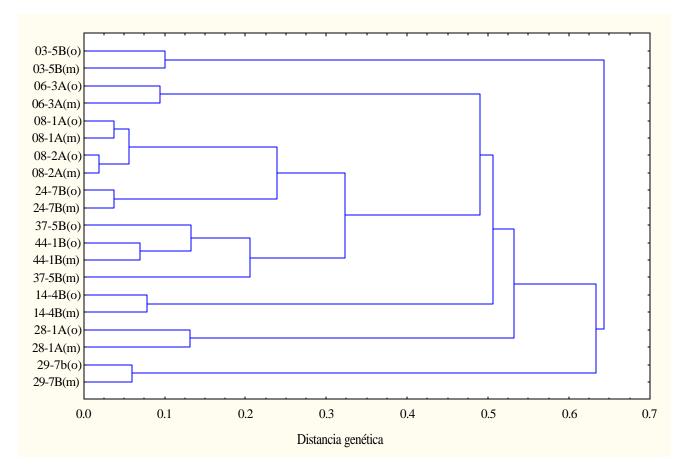


Figura 2. Associação entre dez linhagens originais S_3 (o) de milho e suas correspondentes linhagens mantidas S_3 (m), revelada pela análise UPGMA dos coeficientes de distancia genética de Jaccard (1 – coeficiente de similaridade) e obtidos a partir de 109 bandas polimórficas geradas por AFLP. As linhagens pertencem à população BR106.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- AJMONE-MARSAN, P.; CASTIGLIONI, P.; FUSARI, F. *et al.* Genetic diversity and its relationship to hybrid performance in maize as revealed by RFLP and AFLP markers. **Theoretical and Applied Genetics**, v.96, n.2, p.219-227, 1998.
- AJMONE-MARSAN, P.; CASTIGLIONI, P.; FERRARINI, M. *et al.* Polymorphism, distribution, and segregation of *Eco*RI and *Pst*I based AFLP markers in a molecular linkage map in maize. **Maize Genetics Cooperation Newsletter,** v.73, p.13, 1999.
- AJMONE-MARSAN, P.; REDAELLI, R.; WIJK, R. van *et al.* Identification of QTLs for grain yield and grain-related traits of maize using and AFLP map, different testers, and cofactor analysis. **Maize Genetics Cooperation Newsletter,** v.74, p.4-5, 2000.
- BENCHIMOL, L.L.; SOUZA JÚNIOR, C.L.; GARCIA, A.A.F.; et al. Genetic diversity in tropical maize inbred lines: heterotic group assignment and hybrid performance determined by RFLP markers. **Plant Breeding**, v.119, n.6, p.491-496, 2000.
- BERNARDO, R. Correlation between testcross performance of lines at early and late selfing generations. **Theoretical and Applied Genetics**, v.82, n.1, p.17-21, 1991.
- BORRERO, J.C.; PANDEY, S.; CEBALLOS, H. Performance and stability of tropical maize hybrids developed from lines with different levels of inbreeding. **Maydica**, v.37, n.3, p.251-258, 1992.
- BUSSAB, W.A.; MIAZAKI, E.S.; ANDRADE, D.F. Introdução à análise de agrupamentos. In: SIMPÓSIO NACIONAL DE PROBABILIDADE E ESTATÍSTICA, 9., São Paulo, 1990. **Resumos.** São Paulo: Associação Brasileira de Estatística, 1990. p.1-104.

- CARLONE JR. M.R.; RUSSELL, W.A. Evaluation of S₂ maize lines reproduced for several generations be random mating within lines. I. Comparisons between the original and maintained S₂ lines. **Crop Science**, v.28, n.6, p.916-920, Nov. 1988.
- CARLONE JR. M.R;.RUSSELL, W.A. Evaluation of S₂ maize lines reproduced for several generations be random mating withing lines. II. Comparisons for testcross performance of original and advanced S₂ and S₈ lines. **Crop Science**, v.29, n. 4, p.899-904, July 1989.
- CENTRO INTERNACIONAL DE MELHORAMENTO DE MILHO E TRIGO. CIM-MYT World Maize Facts and Trends: the economics of commercial maize seed production in developing countries. Mexico: CIMMYT, 1987.
- CENTRO INTERNACIONAL DE MELHORAMENTO DE MILHO E TRIGO. CIM-MYT World Maize Facts and Trends 1997/98. Maize production in droughtstressed environments: technical options and research resource allocation. Mexico: CIMMYT, 1999. 68p.
- COCKERHAM, C.C. Implications of genetics variances in a hybrid breeding program. **Crop Science,** v.1, n.1, p.47-52, 1961.
- COMSTOCK, R.E.; ROBINSON, H.F.; HARVEY, P.H. A breeding procedure designed to make maximum use of both general and specific combining ability. **Agronomy Journal**, v.41, p.360-367, 1949.
- FAO. **Technical guideline for maize seed technology**. Rome, 1982. 161p.
- FERREIRA, M.E.; GRATTAPAGLIA, D. Introducción al uso de marcadores moleculares en el análisis genético. 1.ed. Brasilia: EMBRAPA, CENARGEN, 1998. 221p.
- GOOD R.L.; HALLAUER, A.R. Inbreeding depression in maize by selfing and full-sibbing. **Crop Science**, v.17, n.6, p.935-940, 1977.
- HALLAUER, A.R. Method used in developing maize inbreds. **Maydica**, v.35, n.1, p.1-16, 1990.

- HALLAUER, A.R. Heterosis: what have we learned, what have we done and where are we headed? In: COORS, J.G.; PANDEY, S. (Eds.). **Genetic and exploitation of heterosis in crops.** Madison: ASA/CSSA/SSSA, 1999. Cap.45, p.483-492.
- HALLAUER, A.R.; RUSSELL, W.A.; LAMKEY, K.R. Corn breeding. In: SPRAGUE, G.F.; DUDLEY, J.W. (Eds.) **Corn and corn improvement.** 3.ed. Madison: ASA/CSSA/SSSA, 1988. Cap.8, p.463-564.
- HALLAUER, A.R.; SEARS, J.H. Changes in quantitative traits associated with inbreeding in a synthetic variety of maize. **Crop Science**, v.13, n.3, p.327-330, 1973.
- HEISEY, P.W.; MORRIS, M.L.; BYERLEE, D.; LÓPEZ-PEREIRA, M.A. Economics of hybrid maize adoption. *In:* MORRIS M.L (Ed.) **Maize seed industries in developing countries**.. Mexico: CIMMYT/Lynne Rienner Publishers, 1998. p.143-158.
- HULL, H.F. Recurrent selection and specific combining ability in maize. **Journal of the American Society of Agronomy,** v.37, n.2, p.134-145, 1945.
- INTERNATIONAL FOOD POLICY RESEARCH INSTITUTE. **2020 Projections**. Washington: IFPRI, 2000.
- JACCARD, P. Nouvelles recherches sur la distribuition florale. **Bulletan de la Societe Vaudoise des Sciences Naturelles,** v.44, p.223-270, 1908.
- JENKINS, M.T. Methods of estimating the performance of double-crosses in corn. **Journal of the American Society of Agronomy,** v.26, n.3, p.199-204, 1934.
- JENKINS, M.T. The effect of inbreeding and of selection within inbred lines of maize upon the hybrids made after successive generations of selfing. **Iowa State College Journal of Science**, v.9, p.429-450, 1935.
- JENKINS, M.T. The segregation of genes affecting yield of grain in maize. **Journal of the American Society of Agronomy**, v.32, n.1, p.55-63, 1940.
- JENKINS, M.T.; BRUNSON, A.M. Methods of testing inbred lines of maize in cross-bred combinations. **Journal of the American Society of Agronomy,** v.24, n.7, p.523-530, 1932.

- LANZA, L.L.B.; SOUZA JÚNIOR, C.L.; OTTOBONI, L.M.M.; *et al.* Genetic distance of inbred lines and prediction of maize single-cross performance using RAPD markers. **Theoretical and Applied Genetics**, v.94, n.8, p.1023-1030, 1997.
- MELCHINGER, A.E. Genetic diversity and heterosis. In: COORS, J.G.; PANDEY, S. (eds.). Genetic and exploitation of heterosis in crops. Madison: ASA/CSSA/SSSA, 1999. Cap.10, p.99-118.
- MELCHINGER, A.E.; GUMBER, R.K.; LEIPERT, R.B.; *et al.* Prediction of testcross means and variances among F₃ progenies of F₁ crosses from testcross means and genetic distances of their parents in maize. **Theoretical and Applied Genetics**, v.96, n.3-4, p.503-512, 1998.
- MORRIS, M.L. Assessing the benefits of international maize breeding research: an overview of the global maize impacts study. (Ed.). **CIMMY 1999-2000 World Maize Facts and Trends. Meeting world maize needs:** technological opportunities and priorities for the public sector. Mexico: CIMMYT, 2001. p.25-34.
- PANDEY, S. Varietal development: conventional plant breeding. In: MORRIS, M.L. (Ed.) **Maize seed industries in developing countries**. Boulder: Lynne Rienner; Mexico: CIMMYT, 1998. p.57-76.
- PEJIC, I.; AJMONE-MARSAN, P.; MORGANTE, M.; *et al.* Comparative analysis of genetic similarity among maize inbred lines detected by RFLPs, RAPDs, SSRs, and AFLPs. **Theoretical and Applied Genetics**, v.97, n.8, p.1248-1255, 1998.
- PINGALI, P.L.; PANDEY, S. Meeting World Maize Needs: Technological Opportunities and Priorities for the Public Sector. In: PINGALI, P.L. (Ed.). CIMMY 1999-2000 World Maize Facts and Trends. Meeting World Maize Needs: technological opportunities and priorities for the public sector. Mexico:CIMMYT, 2001. p.1-9.
- PROVINCE, M.A. Sequential methods of analysis for genome scans. **Advances in Genetics**, v.42, p.499-514, 2001.
- RAMALHO, M.A.P.; FERREIRA, D.F.; OLIVEIRA, A.C. de. Experimentação em genética e melhoramento de plantas. Lavras: UFLA, 2000. 326p.

- RAWLINGS, J.O. **Applied regression analysis:** a research tool. Belmont-California: Wadsworth, 1988. 553p.
- REZENDE, G.S.P.; SOUZA JÚNIOR, C.L. A reciprocal recurrent selection procedure outlined to integrate hybrid program in maize. **Journal of Genetics and Breeding,** v.54, n.1, p.57-66, 2000.
- ROHLF, F.J. **NTSYS-pc numerical taxonomy and multivariate analysis system:** version 1.70. New York: Exeter Publication, 1992. 470p.
- SAGHAI-MAROOF, M.A.; SOLIMAN, K.M.; JERGENSEN,R.A.; ALLARD, R.W. Ribosomal DNA spacer-length polymorphisms in barley: Mendelian inheritance, chromosomal location, and population dynamics. **Proceedings of the National Academy of Sciences of the USA,** v.83, p.1757-1761, 1984.
- SHULL, G.H. Hibridization methods in corn breeding. **American Breeders' Magazine**, v.1, n.2, p.98-107, 1910.
- SMITH, O.S. Covariance between line per se and testcross performance. **Crop Science**, v.26,n.3, p.540-543. 1986.
- SMITH, J.S.C.; ZABEAU, M.; WRIGHT, S. Association among inbred lines as revealed by RFLPs and by a thermocycling amplification methodology, Amplified Fragment Length Polymorphisms (AFLPSs). **Maize Genetics Cooperation Newsletter**, v.67, p.62-63, 1993.
- SMITH, S.; LUK, S.; SOBRAL, B. *et al.* Associations among inbred lines of maize using RFLP and DNA amplification technologies (AFLP and AP-PCR), and correlations with pedigree, F₁ yield and heterosis. **Maize Genetics Cooperation Newsletter,** v.68, p.45, 1994.
- SNEDECOR, G.W.; COCHRAN, W.G. **Statistical methods**. 7.ed. Ames: Iowa State University Press, 1980. 507p.
- SOUZA JÚNIOR, C.L. Componentes da variância genética e suas implicações no melhoramento vegetal. Piracicaba: FEALQ, 1989. 134p.
- SOUZA JÚNIOR, C.L. Interpopulation genetic variances and hybrid breeding programs. **Brazilian Journal of Genetics**, v.15, n.3, p.643-656, 1992.

- SOUZA JÚNIOR, C.L. Avaliação de híbridos de linhagens S₃ de milho. In: CON-GRESSO NACIONAL DE MILHO E SORGO, 20., Goiânia, 1994. **Centro-Oeste: cinturão de milho e sorgo no Brasil**; resumos. Goiânia: ABMS / EMGOPA /EMBRAPA, CNPMS/ UFG/EMATER-GO, 1995. p.95.
- SOUZA JÚNIOR, C.L. Seleção recorrente e desenvolvimento de híbridos. In: REUNION LATINOAMERICANA, 4.; REUNION DE LA ZONA ANDINA DE INVESTIGADORES EN MAIZ, 17., Cartagena de Indias, 1997. **Memorias**. Cali: Corpoica-CIMMYT, 1998. p.37-58.
- SOUZA JÚNIOR, C.L. Melhoramento de espécies alógamas. In: NASS, L.L. *et al.* (Eds.) **Recursos genéticos e melhoramento-plantas.** Rondonópolis: Fundação MT, 2001. p.159-200.
- SOUZA JÚNIOR, C.L.; SANTOS, M.X.; MAGNAVACA, R.; GAMA, E.E.G. Estimativas de parámetros genéticos na interpopulação de milho BR-105 × BR-106 e suas implicações no melhoramento. **Pesquisa Agropecuaria Brasileira,** v.28, n.4, p.473-479, 1993.
- SPRAGUE, G.F. Early testing of inbred lines of corn. **Journal of the American Society of Agronomy,** v.38, n.2, p.108-117, 1946.
- SPRAGUE, G.F.; MILLER, P.A. The influence of visual selection during inbreeding on combining ability in corn. **Agronomy Journal**, v.44, n.5, p.258-262, 1952.
- STANGLAND, G.R;. RUSSELL W.A. Variability within single crosses of S₂ and S₈ inbred lines of maize. **Maydica**, v.26, n.4, p.227-238, Apr.1981.
- STATSOFT. **Statistica for Windows Inc.** Computer program manual. Tulsa: StatSoft, 1999. http://www.statsoft.com.
- STEEL R.G.D., TORRIE, J.H. **Principles and procedures of statistics**. 2 ed. New York: McGraw-Hill, 1960. p.481.
- VASAL S.K.; DHILLON, B.S.; SRINIVASAN, G.; *et al.* Effect of S₃ recurrent selection in four tropical maize populations on their selfed and randomly mated generations. **Crop Science**, v.35, n.3, p.697-702, 1995.

- VICTÓRIA, D.C.; GARCIA, A.A.F.; SOUZA JR., C.L.; SOUZA, A.P. Desenvolvimento de um programa SAS para cálculo de coeficiente de similaridade de dados de marcadores moleculares utilizando bootstrap. (compact disc) In: CONGRESSO NACIONAL DE GENÉTICA, 47., Águas de Lindóia, 2001. **Proceedings.** Águas de Lindóia: SBG, 2001.
- VOS, P.; HOGERS, R.; BLEEKER, M.; *et al.* AFLP: A new technique for DNA finger-printing. **Nucleic Acids Research**, v.23, n.21, p.4407-4414, 1995.
- WU, M. Genetic diversity and its relationship to hybrid performance and heterosis in maize as revealed by AFLPs and RAPDs. **Maize Genetics Cooperation Newsletter**, v.74, p.62-63, 2000.
- ZABEAU, M.; VOS, P. Selective restriction fragment amplification: a general method for DNA fingerprinting. **European Patent Application.** 1993. N° 0534858 A1. Set. 24 1991.



Tabela 1-A. Quadrados médios e significâncias obtidas nas análises de variância para doze caracteres de 36 linhagens parcialmente endogâmicas (S₃) de duas populações de milho avaliadas em Piracicaba (Areão), São Paulo.

Fontes	G.L	Produção	Índice	Prolificidade	Altura	Altura	Posição	Acamamento	Teor de	Comprimento	Diâmetro	N° de fileiras	N° de grãos
de Variação		de grão	de colheita	†	da planta	da espiga	relativa	+	umidade dos	da espiga	da espiga	por	por
							da espiga ‡	quebramento	grãos			espiga	fileira
		t ha ⁻¹	%	espiga planta-1	ст	n		9	6	cm		n	o
REPETIÇÕES	1	0,60	72,40 *	3,12	2369,01 **	715,68 **	0,00	9,72 *	0,50	1,05	0,03	0,50	12,84
LINHAGENS	35	1,33 **	100,31 **	5,55 *	500,50 **	203,07 **	2,60 *	2,62	0,33	4,72 **	0,19 **	8,26 **	21,40 **
Linhagens BR105	15	1,24 **	74,48 **	4,20	397,72 **	159,95 **	2,00 **	2,29	0,26	4,92 **	0,14 **	9,84 **	22,96 **
Originais (L ₁)	7	0,84 *	104,48 **	6,10	146,06 **	36,20 *	2,00 **	2,80	0,24	4,34 **	0,21 **	12,17 **	23,21 **
Mantidas (L2)	7	1,79 **	54,78 **	3,00	687,92 **	298,29 **	2,00 **	1,62	0,29	6,19 **	0,09 **	8,88 **	25,68 **
L_1 vs. L_2	1	0,23	2,36	0,10	128,00 *	57,78	0,00	3,40	0,12	0,04	0,01	0,18	2,10
Linhagens BR106	19	1,38 **	111,01 **	6,80 *	586,75 **	231,73 **	3,00 **	3,01	0,22	2,71 **	0,20 **	5,86 **	21,28 **
Originais (L ₃)	9	1,91 **	165,90 **	8,10 *	560,12 **	250,87 **	4,00 **	2,73	0,30	2,72 **	0,21 **	6,57 **	15,76 **
Mantidas (L4)	9	1,01 **	68,49 **	6,00	672,44 **	236,47 **	3,00 **	3,40	0,14	2,72 **	0,19 **	5,66 **	28,71 **
L_3 vs. L_4	1	0,00	0,21	1,50	55,22	16,90	0,00	2,00	0,29	2,55 *	0,13 *	1,16	3,97
BR105 vs. BR106	1	1,56 *	284,62 **	2,30	403,22 **	305,26 **	3,00 *	0,11	3,34 **	39,87 **	0,72 **	30,51 **	0,52
Erro	35	0,26	11,90	2,83	146,41	90,22	1,45	1,82	0,21	0,56	0,03	0,30	6,70
MÉDIA		1,79	73,91	0,83	133,28	69,29	0,52	2,43	10,55	12,60	3,70	12,57	23,94
C.V. (%)		28,63	4,67	20,32	9,08	13,71	7,33	55,54	4,36	5,93	4,62	4,38	10,81

^{**} p < 0.01; * p < 0.05† e ‡, os quadrados médios foram multiplicados por 10^2 e 10^3 , respectivamente

Tabela 2A. Quadrados médios e significâncias obtidas nas análises de variância para treze caracteres de 36 linhagens parcialmente endogâmicas (S₃) de duas populações de milho avaliadas em Piracicaba (Caterpillar), São Paulo.

Fontes	G.L	Produção	Índice	Prolifici	Florescim	Altura	Altura	Posição	Acama	Teor de	Comprim	Diâmetro	N° de	N° de grãos
de Variação		de grão	de colheita	dade	ento	da planta	da espiga	relativa	mento +	umidade	ento	da espiga	fileiras por	por
				†	feminino			da espiga	quebra	dos grãos	da espiga		espiga	fileira
								‡	mento					
		t ha ⁻¹	%	n°	dias	C1	n			%	c	m		n°
REPETIÇÕES	1	0,13	13,18	0,03	12,50	8,00	32,00	1,09	0,10	0,26	0,00	0,04	0,01	0,07
LINHAGENS	35	2,26 **	118,33 **	10,20 **	31,11 **	459,26 **	169,09 **	1,75 *	6,68 **	0,25 **	3,64 **	0,22 **	10,07 **	23,20 **
Linhagens BR105	15	1,92 **	121,04 **	5,60	41,50 **	373,51 **	192,19 **	2,00 **	6,56 **	0,27 **	4,68 **	0,25 **	12,36 **	24,06 **
Originais (L ₁)	7	2,86 **	184,04 **	9,00 **	34,85 **	462,28 **	255,35 **	3,00 **	7,21 **	0,13	5,76 **	0,36 **	12,19 **	30,19 **
Mantidas (L2)	7	1,11 **	18,84	3,00	52,63 **	322,57 **	154,71 **	2,00 **	5,81 *	0,46 **	4,07 **	0,16 **	14,29 **	21,12 **
L_1 vs. L_2	1	0,93	395,51 **	0,10	10,12	108,78	12,50	0,00	7,31	0,01	1,28	0,16 **	0,04	1,71
Linhagens BR106	19	2,61 **	118,43 **	14,30 **	24,48 **	548,36 **	155,87 **	1,00 **	7,00 **	0,08	2,00 **	0,17 **	6,06 **	23,46 **
Originais (L ₃)	9	3,36 **	101,56 **	17,60 **	24,78 **	441,42 **	104,20 **	1,00 **	8,61 **	0,08	1,39 **	0,26 **	6,88 **	24,28 **
Mantidas (L4)	9	2,08 **	148,44 **	12,60 **	26, 49 **	709,01 **	218,47 **	1,00 **	6,17 *	0,10	2,75 **	0,09 **	5,85 **	25,25 **
L ₃ vs. L ₄	1	0,67	0,09	1,10	3,60	65,02	57,60	1,00	0,06	0,00	0,62	0,04	0,48	0,04
BR105 vs. BR106	1	0,74	75,76	0,10	1,34	52,52	73,80	0,00	2,31	2,97 **	19,23 **	0,90 **	51,83 **	5,45
Erro	35	0,33	28,87	2,99	4,30	88,31	65,46	1,01	2,18	0,11	0,56	0,02	0,30	4,64
M ÉDIA		2,65	73,05	1,02	70,03	147,89	75,81	0,51	2,71	11,02	13,04	3,80	12,79	25,89
C.V. (%)		21,64	7,36	16,90	2,96	6,35	10,67	6,21	54,42	3,04	5,74	4,14	4,29	8,32

^{**} p < 0,01; * p < 0,05 † e ‡, os quadrados médios foram multiplicados por 10^2 e 10^3 , respectivamente

Tabela 3A. Quadrados médios e significâncias obtidas nas análises de variância para nove caracteres de 36 linhagens parcialmente endogâmicas (S₃) de duas populações de milho avaliadas em Castro, Paraná.

Fontes	G.L.	Produçã	io	Índice		Prolificida	de†	Florescim	ento	Altura		Altura		Posição re	elativa	Acamame	nto +	Teor de ur	midade
de Variação		de grão	s	de colheit	a			feminii	10	da planta	a	da espig	a	da espig	a ‡	quebram	ento	dos gra	ãos
		t ha ⁻¹		%		espigas pla	inta ⁻¹	dias			сг	n						%	
REPETIÇÕES	1	0,38		106,34		2,57		0,68		58,68		50,00		0,00		0,00		1,74	
LINHAGENS	35	2,42	**	246,93	**	5,60	*	16,12	**	1072,25	**	418,93	**	2,43	*	2,83	*	7,80	**
Linhagens BR105	15	2,24	**	105,73	**	4,10		21,07	**	1009,79	**	328,70	**	3,00	**	4,26	**	3,51	**
Originais (L ₁)	7	2,66	**	93,64	*	2,70		24,82	**	934,82	**	316,96	**	5,00	**	4,90	**	5,38	**
Mantidas (L2)	7	2,12	**	131,90		6,00		20,25	**	1207,14	**	387,28	**	2,00		4,17	*	2,06	
L_1 vs. L_2	1	0,12		7,22		0,90		0,50		153,12		0,78		1,00		0,47		0,52	
Linhagens BR106	19	2,56	**	359,92	**	7,10	*	12,08	**	1033,26	**	460,89	**	2,00	*	1,25		11,29	**
Originais (L ₃)	9	3,69	**	458,72	**	10,90	**	12,23	**	1241,81	**	536,81	**	2,00		0,63		15,01	**
Mantidas (L ₄)	9	1,70	**	298,44	**	4,00		12,64	**	939,44	**	424,44	**	2,00		1,92		8,75	**
L_3 vs. L_4	1	0,11		24,18		0,30		5,62		0,62		105,62		3,00		0,69		0,65	
BR105 vs. BR106	1	2,47	**	218,09	**	0,00		18,68	**	2750,07	**	975,16	**	0,00		11,52	**	5,74	*
Erro	35	0,26		31,90		2,81		1,57		87,25		52,14		1,17		1,45		1,10	
MÉDIA		2,45		58,88		0,91		99,32		192,15		115,42		0,60		1,54		16,52	
C.V. (%)		20,87		9,59		18,38		1,26		4,86		6,26		5,68		77,96		6,36	

97

^{**} p < 0.01; * p < 0.05† e ‡, os quadrados médios foram multiplicados por 10^2 e 10^3 , respectivamente

Tabela 4-A. Quadrados médios e significâncias obtidas nas análises de variância para oito caracteres de 36 linhagens parcialmente endogâmicas (S₃) de duas populações de milho avaliadas em Rio Verde, Goiás.

Fontes		Produção	de	Prolificid	ade†	Florescii	nento	Altura		Altura		Posição rel	ativa	Acamame	nto +	Teor de um	idade
de Variação	G.L	grão				femin	ino	da planta	ı	da espig	a	da espiga	‡	quebrame	ento	dos grã	os
		t ha ⁻¹		espigas pl	anta ⁻¹	dias	3		C1	m						%	
REPETIÇÕES	1	0,53		0,04		4,01		411,85	*	172,98		0,17		3,07		0,09	
LINHAGENS	35	2,46	**	6,42	**	15,42	**	834,32	**	500,22	**	3,17	**	6,91	**	18,61	**
Linhagens BR105	15	2,14	**	3,20		19,79	**	422,13	**	262,89	**	2,00	**	7,66	**	13,93	**
Originais (L ₁)	7	2,00	**	0,70		26,35	**	526,06	**	348,02	**	4,00	**	7,81	**	13,48	*
Mantidas (L2)	7	2,58	**	6,00	*	15,99	**	378,46	**	210,46	**	1,00	*	8,19	**	16,26	**
L_1 vs. L_2	1	0,00		1,20		0,50		1,04		34,03		1,00		2,86		0,75	
Linhagens BR106	19	1,93	**	8,90	**	11,47	**	1072,02	**	633,46	**	4,00	**	6,49	**	23,14	**
Originais (L ₃)	9	2,74	**	13,20	**	11,34	**	1114,14	**	550,08	**	3,00	**	3,15		25,77	**
Mantidas (L ₄)	9	1,26	**	4,90	*	12,64	**	1141,53	**	770,23	**	5,00	**	10,51	**	22,20	**
L ₃ vs. L ₄	1	0,53		6,40		2,03		200,21		152,88		2,00		0,50		7,92	
BR105 vs. BR106	1	17,33	**	7,90		25,07	**	7494,47	**	1528,52	**	4,00	**	3,68		2,76	
Erro	35	0,27		2,10		2,24		76,75		59,39		0,76		2,31		4,38	
MÉDIAS		2,82		0,92		64,10		190,39		105,16		0,55		4,35		23,91	
C.V. (%)		18,44		15,74		2,34		4,60		7,33		4,99		34,89		8,75	

^{**} p < 0,01; * p < 0,05 † e \ddagger , os quadrados médios foram multiplicados por 10^2 e 10^3 , respectivamente

Tabela 5-A. Quadrados médios e significâncias obtidas nas análises de variância para treze características de 81 cultivares de milho (72 Cruzamentos e 9 testemunhas) avaliadas em Piracicaba (Areão), São Paulo.

Fontes de	G.L	Produção	Índice de	Prolifici-	Florescime	Altura	Altura	Posição	Acamamento	Teor de	Compri	Diâmetro	N° de	N° de
Variação		de grãos	colheita	dade	nto	da planta	da espiga	relativa	+	umidade	mento	da espiga	fileiras por	grãos por
					feminino			da espiga	quebramento	dos grãos	da espiga		espiga	fileira
		t ha ⁻¹	%	espigas pta ⁻¹	dias	c	m		%			cm	r	ı°
Repetições	1	13,193	0,167	0,002	47,802	8177,784	3129,284	0,002	20,303	0,788	1,356	0,009	0,357	11,097
Tratamentos:														
- Não ajustados	80	1,370 **	13,658 **	0,008 ns	6,474 ns	574,005 **	238,736 **	0,001 **	2,222 ns	0,812 **	1,860 **	0,086 **	3,146 **	13,915 **
- Ajustados	80	1,336 **		0,007 ns	6,384 ns	356,768 **	149,169 **	0,001 **		0,801 **	1,845 **	0,086 **	3,076 **	13,593 **
Blocos (Rep) ajust.	16	1,030	1,318	0,011	6,844	703,409	352,673	0,001	1,353	0,274	0,551	0,027	0,572	5,316
Erro:														
- Efetivo	80	0,312		0,007	6,368	101,334	61,204	0,000		0,188	0,452	0,018	0,366	4,091
- Delineam. BCC †	80	0,478	3,057	0,007	6,377	209,646	112,371	0,000	2,092	0,230	0,544	0,022	0,453	4,945
- Intrabloco	64	0,339	3,491	0,006	6,261	86,206	52,296	0,000	2,277	0,219	0,542	0,021	0,423	4,853
Eficiência Láttice ‡		153,3	< 100	104,91	100,16	206,89	183,60	125,76	< 100	122,45	120,29	122,74	123,72	120,87
Média		6,796	80,32	0,99	64,98	208,56	114,02	0,55	3,38	11,80	16,41	4,61	12,52	37,16
C.V. (%)		8,21	2,18	8,40	3,88	4,83	6,86	3,65	73,39	3,67	4,10	2,93	4,83	5,44

^{**} P < 0.01; * P < 0.05; ns = não significativo † delineamento blocos completos casualizados † eficiência do láttice comparado com o delineamento de blocos completos casualizados, dado em %.

Tabela 6A. Quadrados médios e significâncias obtidos nas análises de variância para treze características de 81 cultivares de milho (72 Cruzamentos e 9 testemunhas) avaliadas em Piracicaba (Areão), São Paulo.

Fontes de	G.	Produção	Índice	Prolificidade	Floresci-	Altura da	Altura	Posição	Acamamento	Teor de	Compri-	Diâmetro	N° de	N° de
Variação	L.	de grão	de colheita	†	mento	planta	da espiga	relativa da	+	umidade dos	mento	da espiga	fileiras por	grãos por
					feminino			espiga †	quebramento	grãos	da espiga		espiga	fileira
		t ha ⁻¹	%	espigas plta ⁻¹	dias	Cl	n		%	6	c	m	n°	
TRATAMENTOS AJUST.	80	1,34 **	13,66 **	7,00	6,38	356,77 **	149,17 **	1,00 **	2,22	0,80 **	1,84 **	0,09 **	3,08 **	13,59 **
Cruzamentos (C)	71	1,06 **	14,46 **	7,00	6,68	348,24 **	134,40 **	1,00 **	2,29	0,71 **	1,80 **	0,08 **	2,66 **	13,62 **
Linhagens BR105	31	0,72 **	6,69 **	7,00	6,63	256,86 **	101,24 **	1,00 **	2,06	0,80 **	1,16 **	0,07 **	3,35 **	13,71 **
Testador IG-4	15	0,64 *	5,27	9,00	5,06	142,08	46,78	1,00 *	1,71	0,93 **	1,15 *	0,06 **	1,43 **	12,79 **
Originais (T ₁)	7	0,49	4,38	12,00	5,21	72,00	16,06	1,00 *	0,79	0,69 **	0,88	0,05 *	1,18 **	5,80
Mantidas (T ₂)	7	0,76 *	6,79	6,00	5,27	181,13	63,55	1,00 *	2,83	0,92 **	1,56 **	0,08 **	1,85 **	21,16 **
T ₁ vs. T ₂	1	0,82	0,85	2,00	2,50	359,25 *	144,41	0,00	0,28	2,61 **	0,18	0,01	0,12	3,18
Testador 14-4B	15	0,84 **	6,94 *	4,00	8,34	373,21 **	157,07 **	1,00 *	2,41	0,27	1,22 **	0,02	1,48 **	13,09 **
Originais (T 3)	7	0,97 **	6,24	4,00	6,02	359,25 **	171,15 **	1,00 *	2,24	0,15	2,18 **	0,02	0,91 *	19,38 **
Mantidas (T 4)	7	0,82 *	7,82 *	5,00	7,89	405,96 **	141,30 *	1,00 *	1,99	0,42	0,42	0,03	2,25 **	8,57
T_3 vs. T_4	1	0,12	5,65	2,00	27,73 *	239,31	168,88	0,00	6,52	0,07	0,08	0,00	0,08	0,70
IG-4 x 14-4B	1	0,26	24,43 **	13,00	4,45	233,32	80,85	0,00	1,94	6,86 **	0,44	0,94 **	60,25 **	36,65 **
Linhagens BR106	39	1,32 **	17,90 **	7,00	6,21	348,41 **	153,57 **	1,00 **	2,53	0,61 **	1,92 **	0,07 **	1,92 **	12,13 **
Testador IG-3	19	0,79 **	7,12 *	5,00	5,19	295,54 **	149,34 **	1,00 **	1,29	0,57 **	1,58 **	0,08 **	1,53 **	10,85 **
Originais (T 5)	9	0,74 *	5,31	8,00	1,84	335,43 **	187,24 **	1,00 *	1,19	0,79 **	2,25 **	0,08 **	1,75 **	13,00 **
Mantidas (T 6)	9	0,92 **	9,71 **	4,00	8,24	274,82 **	127,69 *	1,00 *	1,08	0,38	1,05	0,09 **	1,46 **	9,15
T ₅ vs. T ₆	1	0,12	0,19	1,00	7,99	123,08	3,06	1,00	3,99	0,37	0,38	0,04	0,14	6,73
Testador 23-2B	19	1,76 **	24,61 **	9,00	4,00	314,09 **	145,98 **	1,00 **	3,08	0,52 **	2,36 **	0,07 **	1,44 **	11,46 **
Originais (T 7)	9	1,40 **	23,38 **	14,00 *	5,48	303,95 **	183,63 **	1,00 *	3,99	0,29	1,97 **	0,03	1,93 **	9,10
Mantidas (T 8)	9	2,29 **	23,86 **	5,00	1,10	357,47 **	123,86 *	1,00 *	2,22	0,76 **	2,91 **	0,11 **	1,11 **	15,09 **
T ₇ vs. T ₈	1	0,16	42,46 **	2,00	16,66	14,93	6,25	1,00	2,68	0,41	0,82	0,01	0,00	0,04
IG-3 vs. 23-2B	1	3,00 **	95,07 **	1,00	67,50 **	2004,97 **	378,02 **	1,00	15,76 **	3,00 **	0,22	0,02	18,40 **	49,08 **
BR105 vs. BR106	1	1,12	121,32 **	0,00	27,04 *	3174,01 **	414,97 **	4,00 **	0,13	1,69 **	16,49 **	0,65 **	9,90 **	69,48 **
Testemunhas (T)	8	3,67 **	5,70	6,00	3,94	173,33	84,72	1,00 *	1,34	1,34 **	1,63 **	0,15 **	4,15 **	12,40 *
C vs T	1	2,45 **	20,23 *	20,00	4,51	2430,06 **	1713,08 **	1,00	4,48	2,97 **	7,00 **	0,02	24,23 **	20,87 *
Erro Intrabloco	80	0,34	3,49	6,00	6,37	86,21	61,20	0,45	2,28	0,22	0,45	0,02	0,42	4,85
MÉDIA		6,80	80,32	0,99	64,98	208,56	114,02	0,55	3,38	11,80	16,41	4,61	12,52	37,16
CV (%)		8,21	2,18	8,40	3,88	4,83	6,86	3,65	73,39	3,67	4,10	2,93	4,83	5,44

^{**} $p \le 0.01$; * $p \le 0.05$; † os quadrados médios foram multiplicados $\times 10^3$;

Tabela 7-A. Quadrados médios e significâncias obtidas nas análises de variância para treze características de 81 cultivares de milho (72 Cruzamentos e 9 testemunhas) avaliadas em Piracicaba (Caterpillar), São Paulo.

Fontes de	G.L	Produção	Índice de	Prolifici-	Floresci-	Altura	Altura da	Posição	Acamamen	Teor de	Compri-	Diâmetro	N° de	N° de
Variação		de grãos	colheita	dade	mento	da planta	espiga	relativa	to + quebra	umidade	mento da	da espiga	fileiras por	grãos por
					feminino			da espiga	mento	dos grãos	espiga		espiga	fileira
		t ha ⁻¹	%	espigas plta ⁻¹	dias	c	m			%		cm	n	°
Repetições	1	0,175	24,368	0,046	4,500	494,377	156,056	0,000	1,298	0,436	0,359	0,039	0,025	6,969
Tratamentos:														
- Não ajustados	80	1,559 **	13,993 **	0,027 ns	7,715 **	227,581 **	125,696 **	0,001 **	2,608 **	0,968 *	1,607 **	0,124 *	2,721 **	6,934 **
- Ajustados	80	1,491 **		0,026 *	7,593 **	224,536 **			2,570 **	0,915 **	1,650 **	0,119 **	2,739 **	
Blocos (Rep) ajust.	16	1,265	6,058	0,027	1,229	55,085	22,479	0,000	1,531	0,897	0,795	0,077	0,469	2,647
Erro:														
- Efetivo	80	0,725		0,017	0,812	46,054			1,288	0,507	0,564	0,065	0,406	
- Delineam. BCC †	80	0,783	7,497	0,022	1,000	55,339	28,581	0,000	1,548	0,642	0,687	0,079	0,487	3,909
- Intrabloco	64	0,662	7,856	0,020	0,943	55,403	30,106	0,000	1,552	0,578	0,660	0,079	0,491	4,225
Eficiência Láttice ‡		107,93	< 100	123,26	123,08	120,16	< 100	< 100	120,12	126,55	121,92	120,07	119,98	< 100
Média		7,676	81,13	1,04	65,33	214,08	122,70	0,57	3,59	12,88	16,02	4,40	13,27	36,18
C.V. (%)		11,09	3,37	12,67	1,38	3,17	4,36	3,42	56,09	5,53	4,69	5,81	4,80	5,46

^{**} P < 0,01; * P < 0,05; ns = não significativo

[†] delineamento blocos completos casualizados

[‡] eficiência do láttice comparado com o delineamento de blocos completos casualizados, dado em %.

Tabela 8A. Quadrados médios e significâncias obtidos nas análises de variância para treze características de 81 cultivares de milho (72 Cruzamentos e 9 testemunhas) avaliadas em Piracicaba (Caterpillar), São Paulo.

Fontes de	G.L.	Produção	Índice	Prolifici-	Floresci-	Altura da	Altura	Posição	Acamamento	Teor de	Compri-	Diâmetro	N° de	N° de
Variação		de grão	de colheita	dade †	mento	planta	da espiga	relativa da	+	umidade dos	mento	da espiga	fileiras por	grãos por
					feminino			espiga ‡	quebramento	grãos	da espiga		espiga	fileira
		t ha ⁻¹	%	espigas pta ⁻¹	dias	cn	1		9	6	c	m	n°	
T RATAMENTOS AJUST.	80	1,49 **	13,99 **	2,60	7,59 **	224,54 **	125,70 **	1,00 **	2,57 *	0,92 **	1,65 **	0,12 *	2,74 **	6,93 *
Cruzamentos (C)	71	1,13 *	14,62 **	2,60	7,37 **	199,37 **	93,49 **	1,00 **	2,54 *	0,98 **	1,63 **	0,12 *	2,51 **	7,07 *
Linhagens BR105	31	0,75	8,19	2,60	5,48 **	202,07 **	113,49 **	1,00 **	2,51 *	0,94 *	1,40 **	0,13	2,74 **	7,06 *
Testador IG-4	15	0,68	8,94	3,60	3,94 **	195,91 **	121,60 **	1,00 **	3,37 *	0,95 *	1,57 **	0,14	1,35 **	7,03
Originais (T 1)	7	0,51	15,04	3,70	5,05 **	178,43 **	20,86	1,00 *	3,83 *	0,93	2,44 **	0,15	1,38 **	11,16 *
Mantidas (T 2)	7	0,85	3,58	1,30	2,94 **	238,16 **	229,43 **	2,00 **	2,88	1,02	0,86	0,14	1,51 **	3,81
T ₁ vs. T ₂	1	0,56	3,73	17,72 **	3,07	22,48	72,00	1,00	3,55	0,68	0,50	0,04	0,04	0,66
Testador 14-4B	15	0,82	6,12	1,73	4,51 **	220,84 **	112,92 **	0,00	0,97	0,49	1,11	0,08	1,35 **	2,76
Originais (T ₃)	7	1,03	5,66	1,25	4,28 **	237,70 **	78,43 *	0,00	0,42	0,22	1,28	0,05	1,38 **	2,94
Mantidas (T 4)	7	0,71	7,34	2,40	5,34 **	226,21 **	162,78 **	0,00	1,62	0,79	0,96	0,09	1,17 *	2,66
T ₃ vs. T ₄	1	0,18	0,84	0,48	0,28	65,24	5,28	0,00	0,27	0,25	0,96	0,24	2,44 *	2,21
IG-4 x 14-4B	1	0,75	27,96	1,64	43,20 **	12,96	0,39	0,00	12,57 **	7,48 **	3,10 *	0,69 **	44,51 **	71,83 **
Linhagens BR106	39	1,27 **	17,80 **	2,02	7,03 **	165,18 **	78,96 **	1,00 **	2,64 *	0,96 **	1,71 **	0,10	1,95 **	7,16 *
Testador IG-3	19	1,26 *	8,63	1,93	2,52 **	144,74 **	78,45 **	1,00 **	3,17 *	0,88 *	2,02 **	0,12	1,78 **	8,52 *
Originais (T 5)	9	1,87 **	7,84	3,27	3,48 **	136,24 *	52,58	1,00 *	2,12	0,70	3,32 **	0,13	1,03 *	10,87 **
Mantidas (T 6)	9	0,75	10,27	0,67	1,84	167,31 **	110,36 **	1,00 *	3,85 *	1,16 *	0,93	0,14	2,73 **	7,12
T 5 vs. T 6	1	0,34	0,93	0,10	0,00	17,98	24,02	1,00	6,48 *	0,01	0,00	0,00	0,00	0,01
Testador 23-2B	19	1,33 *	22,57 **	2,31	7,12 **	149,75 **	83,63 **	1,00 **	2,07	0,92 *	1,46 **	0,08	1,56 **	4,30
Originais (T 7)	9	1,08	39,94 **	2,41	6,14 **	127,72 *	87,67 **	1,00 *	2,95	1,00	1,43 *	0,07	1,83 **	3,37
Mantidas (T 8)	9	1,56 *	5,97	2,50	4,94 **	161,56 **	80,16 **	1,00 *	1,35	0,88	1,61 *	0,10	1,30 **	5,56
T 7 vs. T 8	1	1,48	15,64	0,48	35,53 **	241,75 *	78,40	0,00	0,62	0,64	0,40	0,00	1,45	1,30
IG-3 vs. 23-2B	1	0,37	101,43 **	0,00	90,99 **	846,57 **	0,11	5,00 **	3,50	3,26 *	0,79	0,02	12,56 **	35,64 **
BR105 vs. BR106	1	7,15 **	90,15 **	26,00 **	79,06 **	1449,53 **	40,38	17,00 **	0,02	3,01 *	5,69 **	1,03 **	16,98 **	4,06
Testemunhas (T)	8	4,91 **	7,64	2,41	5,38 **	156,89 **	158,22 **	2,00 **	2,98	0,43	2,01 **	0,08	2,25 **	5,95
C vs T	1	0,00	20,03	3,18	41,23 **	2552,24 **	2151,93 **	7,00 **	1,00	0,11	0,03 **	0,03	22,98 **	5,14
Erro Intrabloco	80	0,66	7,86	2,00	0,94	55,40	28,58	0,39	1,55	0,58	0,56	0,08	0,49	4,23
MÉDIA		7,68	81,13	1,04	65,33	214,08	122,70	0,57	3,59	12,88	16,02	4,40	13,27	36,18
CV (%)		11,09	3,37	12,67	1,38	3,17	4,36	3,42	56,09	5,53	4,69	5,81	4,80	5,46

^{***} p < 0.01; * p < 0.05; † os quadrados médios foram multiplicados $\times 10^2$; ‡ os quadrados médios foram multiplicados $\times 10^3$

Tabela 9-A. Quadrados médios e significâncias obtidas nas análises de variância para nove características de 81 cultivares de milho (72 cruzamentos e 9 testemunhas) avaliadas em Castro, Paraná.

Fontes de	G.L	Produção de	Índice de	Prolifici-	Floresci-	Altura da	Altura da	Posição	Acamamen	Teor de
Variação		grãos	colheita	dade	mento	planta	espiga	relativa	to + quebra	umidade
					feminino			da espiga	mento	dos grãos
		t ha ⁻¹	%	espigas plta ⁻¹	dias	C	m		o	6
Repetições	1	0,005	12,718	0,018	4,840	555,556	101,136	0,000	0,490	0,016
Tratamentos:										
- Não ajustados	80	1,726 **	20,322 **	0,012 **	5,649 **	326,727 **	171,474 **	0,001 ns	6,255 **	3,371 **
- Ajustados	80	1,774 **	21,182 **		5,920 **	253,635 **	163,494 **		6,042 **	3,292 **
Blocos (Rep) ajust.	16	0,956	14,194	0,003	1,110	220,014	55,615	0,000	2,585	1,611
Erro:										
- Efetivo	80	0,729	10,838		0,598	59,323	36,176		1,929	0,947
- Delineam. BCC †	80	0,744	11,055	0,006	0,765	95,443	44,636	0,001	2,338	1,190
- Intrabloco	64	0,691	10,271	0,006	0,678	64,300	41,891	0,001	2,277	1,084
Eficiência Láttice ‡		102,01	102,00	< 100	127,86	160,89	123,38	< 100	121,22	125,57
Média		7,024	71,24	1,05	94,98	268,83	167,98	0,63	13,25	21,26
C.V. (%)		12,16	4,62	7,22	0,81	2,87	3,58	4,08	37,46	4,58

^{**} P < 0.01; * P < 0.05; ns = não significativo

[†] delineamento blocos completos casualizados ‡ eficiência do láttice comparado com o delineamento de blocos completos casualizados, dado em %

Tabela 10-A. Quadrados médios e significâncias obtidos nas análises de variância para treze características de 81 cultivares de milho (72 cruzamentos e 9 testemunhas) avaliadas em Castro, Paraná.

Fontes de	G.L	Produçã	io	Índice		Prolificida	de	Florescim	ento	Altura d	e	Altura		Posic	ção	Acamam	ento	Teor de un	nidade
Variação		de grão)	de colhe	ita	†		feminin	10	planta		da espiga	a	relativ	a da	+		dos grâ	ãos
														espiga	a †	quebram	ento		
		t ha ⁻¹		%		espigas plta	ı-1	dias -			сі	n						%	
T RATAMENTOS AJUSTADOS	80	1,77	**	21,18	**	12,00 *	*	5,92	**	253,64	**	163.49	**	1.00		6.04	**	3.29	**
Cruzamentos (C)	71	1,41	**	19,11	**	11,00 *	*	5,98	**	162,60	**	100.34	**	0.00		5.69	**	2.48	**
Linhagens BR105	31	1,30	*	15,86		12,00 *	*	4,39	**	152,19	**	76.01	*	0.00		3.26		2.53	**
Testador IG-4	15	0,90		19,00	*	5,00		3,95	**	146,56	**	81.39	*	0.00		2.16		1.16	
Originais (T 1)	7	1,39		24,64	*	6,00		4,18	**	158,25	*	66.19		0.00		2.90		1.68	
Mantidas (T 2)	7	0,55		16,03		5,00		3,71	**	140,70	*	105.56	*	0.00		1.65		0.81	
T_1 vs. T_2	1	0,01		0,33		1,00		3,96	*	105,67		18.62		2.00		0.47		0.01	
Testador 14-4B	15	1,34	*	13,68		16,00 *	*	2,51	**	150,73	**	66.74		0.00		4.58	*	1.51	
Originais (T ₃)	7	1,65	*	18,37		21,00 *	*	2,61	**	160,80	*	74.70		0.00		6.58	**	1.97	
Mantidas (T ₄)	7	1,12		10,63		12,00		2,76	**	149,71	*	64.49		0.00		3.22		1.16	
T ₃ vs. T ₄	1	0,68		2,19		7,00		0,00		87,33		26.82		0.00		0.02		0.67	
IG-4 x 14-4B	1	6,64	**	1,69		42,00 *	*	39,32	**	258,55	*	134.45		0.00		0.02		38.45	**
Linhagens BR106	39	1,40	**	17,85	*	9,00		4,88	**	162,07	**	120.66	**	0.00		6.92	**	2.49	**
Testador IG-3	19	0,52		8,75		6,00		2,17	**	194,97	**	138.92	**	1.00		6.70	**	1.96	*
Originais (T 5)	9	0,39		11,75		6,00		1,96	**	149,76	*	143.15	**	0.00		6.36	**	1.74	
Mantidas (T ₆)	9	0,60		5,27		6,00		2,47	**	233,32	**	139.61	**	1.00		7.77	**	1.71	
T ₅ vs. T ₆	1	0,96		13,31		2,00		1,28		256,66	*	94.61		0.00		0.05		6.09	*
Testador 23-2B	19	2,26	**	19,26	*	8,00		4,27	**	129,72	*	108.64	**	0.00		7.29	**	2.43	**
Originais (T 7)	9	1,39	*	11,73		3,00		4,33	**	143,29	*	129.25	**	0.00		9.36	**	3.35	**
Mantidas (T ₈)	9	3,04	**	27,51	**	12,00 *		4,66	**	130,35	*	95.88	*	0.00		5.96	**	1.75	
T 7 vs. T 8	1	3,08	*	12,73		25,00 *		0,24		1,94		38.14		1.00		0.59		0.19	
IG-3 vs. 23-2B	1	1,89		163,73	**	79,00 *	*	67,91	**	151,62		2.01		1.00		4.07		13.78	**
BR105 vs. BR106	1	5,11	**	168,83	**	86,00 *	*	98,01	**	505,91	**	62.07		1.00		32.94	**	0.35	
Testemunhas (T)	8	3,31	**	41,34	**	11,00		3,33	**	171,37	**	265.51	**	4.00	**	5.84	*	9.85	**
CvsT	1	15,41	**	6,68		54,00 *	*	22,55	**	7375,41	**	3831.16	**	0.00		26.62	**	8.59	**
ERRO INTRABLOCO	80	0,69		10,27		6,00		0,68		64,30		41.89		1.00		2.28		1.08	
MÉDIA		7,024		71,24		1,05		94,98		268,83		167,98		0,63		13,25		21,26	
CV (%)		12,16		4,62		7,22		0,81		2,87		3,58		4,08		37,46		4,58	

^{**} p < 0.01; * p < 0.05; † os quadrados médios foram multiplicados ×10³

Tabela 11-A. Quadrados médios e significâncias obtidas nas análises de variância para oito características de 81 cultivares de milho (72 cruzamentos e 9 testemunhas) avaliadas em Rio Verde, Goiás.

Fontes de	G.	Produção	Prolofi-	Floresci-	Altura	Altura da	Posição	Acamamento	Teor de
Variação	L.	de grãos	cidade	mento	da planta	espiga	relativa	+	umidade
				feminino			da espiga	quebramento	dos grãos
		t ha ⁻¹	espigas plta ⁻¹	dias	(em		%	
Repetições	1	1,465	0,001	5,191	443,358	358,525	0,001	43,214	0,059
Tratamentos:									
- Não ajustados	80	1,404 **	0,012 **	5,550 **	328,033 **	236,902 **	0,002 **	7,328 **	3,185 **
- Ajustados	80	1,367 **		5,854 **	301,433 **	231,102 **	0,002 **		3,349 **
Blocos (Rep) ajust.	16	0,729	0,004	1,184	104,143	81,302	0,000	1,688	1,403
Erro:									
- Efetivo	80	0,519		0,588	35,021	29,713	0,000		0,857
- Delineam. BCC †	80	0,535	0,006	0,766	51,521	42,425	0,000	2,050	1,069
- Intrabloco	64	0,487	0,006	0,662	38,365	32,705	0,000	2,141	0,985
Eficiência Láttice ‡		103,11	< 100	130,33	147,11	142,78	121,69	< 100	124,67
Média		7,338	0,99	60,94	246,20	139,04	0,54	19,21	18,19
C.V. (%)		9,82	7,82	1,26	2,41	3,92	3,19	32,25	5,09

^{**} P < 0.01; * P < 0.05; ns = não significativo † delineamento blocos completos casualizados

[‡] eficiência do láttice comparado com o delineamento de blocos completos casualizados, dado em %.

Tabela 12-A. Quadrados médios e significâncias obtidos nas análises de variância para treze características de 81 cultivares de milho (72 cruzamentos e 9 testemunhas) avaliadas em Rio Verde, Goiás.

Fontes de	G.	Produção	Prolificidade	Floresciment	o Altura		Altura		Posiçã	.0	Acamamento	+ Teor	de
Variação	L.	de grãos		feminino	da plant	ta	da espiga	ì	relativa	da	quebramento	umidad	le dos
									espiga	†		grã	os
		t ha ⁻¹	espigas planta ⁻¹	dias		cm						- %	
T RATAMENTOS AJUSTADOS	80	1.37 **	12.00 **	5.85 **	301.43	**	231.10	**	2.00	**	7.33 **	3.35	**
Cruzamentos (C)	71	1.15 **	12.00 **	5.92 **	244.14	**	194.25	**	2.00	**	8.02 **	3.54	**
Linhagens BR105	31	0.77	14.00 **	3.88 **	254.59	**	172.30	**	1.00	**	3.87 *	4.41	**
Testador IG-4	15	0.83	9.00	3.37 **	313.19	**	153.37	**	1.00	**	3.63	3.30	**
Originais (T 1)	7	0.69	5.00	3.32 **	365.59	**	127.44	**	1.00	*	4.74 *	5.02	**
Mantidas (T 2)	7	1.04	14.00 *	3.73 **	304.22	**	188.97	**	1.00	*	3.01	1.83	
T_1 vs. T_2	1	0.32	6.00	1.19	9.30		85.63		1.00		0.22	1.61	
Testador 14-4B	15	0.73	15.00 **	2.52 **	212.82	**	201.86	**	1.00	**	4.35 *	2.16	*
Originais (T 3)	7	1.00	16.00 *	2.63 **	177.48	**	237.33	**	2.00	**	4.03	1.45	
Mantidas (T ₄)	7	0.48	16.00 *	2.78 **	277.51	**	194.37	**	1.00	*	4.98 *	3.09	**
T_3 vs. T_4	1	0.53	1.00	0.00	7.35		5.98		0.00		2.19	0.61	
IG-4 x 14-4B	1	0.60	72.00 **	31.91 **	2.07		12.82		0.00		0.14	54.70	**
Linhagens BR106	39	1.33 **	6.00	4.91 **	216.65	**	215.72	**	2.00	**	8.29 **	2.94	**
Testador IG-3	19	1.68 **	6.00	2.18 **	229.79	**	220.17	**	2.00	**	3.46	3.57	**
Originais (T 5)	9	1.84 **	3.00	1.97 **	293.44	**	253.76	**	1.00	**	4.43 *	2.05	*
Mantidas (T ₆)	9	1.63 **	8.00	2.49 **	167.16	**	210.44	**	2.00	**	2.77	5.36	**
T_5 vs. T_6	1	0.70	14.00	1.29	220.63	**	5.49		1.00		1.02	1.22	
Testador 23-2B	19	0.88	7.00	4.30 **	190.72	**	215.94	**	1.00	**	3.16	1.73	*
Originais (T 7)	9	1.06 *	4.00	4.36 **	185.74	**	155.00	**	1.00	**	2.82	1.91	
Mantidas (T 8)	9	0.63	10.00	4.69 **	211.94	**	289.43	**	2.00	**	3.74	1.67	
T ₇ vs. T ₈	1	1.57	1.00	0.24	44.48		103.04		1.00		1.02	0.74	
IG-3 vs. 23-2B	1	3.18 *	8.00	68.35 **	459.45	**	126.87	*	0.00		197.57 **	13.71	**
BR105 vs. BR106	1	5.85 **	193.00 **	108.38 **	992.83	**	37.56		11.00	**	126.30 **	0.04	
Testemunhas (T)	8	3.36 **	8.00	3.36 **	220.44	**	222.27	**	2.00	**	2.05	1.58	
C vs T	1	0.81	37.00 *	21.36 **	5016.84	**	2918.24	**	3.00	**	0.25	14.58	**
Erro Intrabloco	80	0.49	6.00	0.66	38.37		32.71		0.38		2.14	0.99	
M ÉDIA		7,338	0,99	60,94	246,20		139,04		0,54		19,21	18,19	
CV (%)		9,82	7,82	1,26	2,41		3,92		3,19		32,25	5,09	

^{**} p < 0,01; * p < 0,05; † os quadrados médios foram multiplicados $\times 10^3$

Tabela 13-A. Comparação de médias da produção de grãos (t ha⁻¹) entre linhagens parcialmente endogâmicas (S₃) nas suas versões original e mantida, pertencentes a duas populações de milho, avaliadas a nível *per se* e através dos seus cruzamentos com dois testadores heteróticos (um sintético e uma linhagem elite).

			A	reão					Cate	erpillar					C	astro					Rio	Verde					Mé	<u>édias</u>		
Linhagens	Linhag	ens <i>per se</i>	× Sinte	ético IG4	× Lin	hagem 14	Linhag	ens <i>per se</i>	× Sinte	ético IG4	×Linh	agem 14	Linhag	ens <i>per se</i>	× Sint	ético IG4	× Lin	hagem 14	Linhag	gens <i>per se</i>	× Sint	ético IG4	× Linl	hagem 14	Linhag	ens <i>per se</i>	× Sinte	ético IG4	× Linl	hagem 14
BR105:	0	m	0	m	0	m	0	m	0	m	0	m	o	m	0	m	0	m	0	m	0	m	0	m	0	m	0	m	0	m
01-4B	2,43	1,92	6,26	6,45	6,33	6,82	3,28	3,04	7,19	6,85	6,17	6,80	2,23	2,94	6,79	7,04	6,42	6,83	3,82	3,79	6,43	6,98	7,08	7,69	2,94	2,92	6,67	6,83	6,50	7,04
05-2A	2,40	2,43	6,89	6,53	6,33	6,26	4,75	4,42	7,57	8,14	7,08	7,18	5,11	4,85	8,26	8,06	5,92	6,83	5,37	5,89	7,72	7,43	7,60	7,34	4,41	4,40	7,61	7,54	6,73	6,90
17-1A	2,18	2,10	7,05	5,42	6,73	6,59	2,61	3,00	6,96	6,47	6,95	7,81	3,30	2,79	7,58	7,27	8,57	7,60	2,95	2,46	8,11	7,09	7,03	7,28	2,76	2,59	7,42	6,56	7,32	7,32
18-6A	2,55	0,98	7,73	7,64	5,09	5,91	3,24	3,33	7,66	7,43	8,13	8,82	1,94	1,33	8,18	7,85	7,26	7,54	3,82	3,67	8,09	8,21	7,11	8,24	2,88	2,33	7,92	7,78	6,90	7,63
19-1B	1,82	2,16	8,21	7,13	7,29	7,64	2,01	2,62	6,18	8,27	7,72	7,26	2,28	2,26	6,33	7,18	6,65	5,97	3,57	2,88	7,05	5,98	9,15	8,64	2,42	2,48	6,94	7,14	7,70	7,38
23-2B	0,69	4,03 *	6,80	7,19	6,78	6,10	1,15	2,74	7,81	8,02	6,72	7,62	1,38	2,97	7,43	7,57	6,00	6,84	2,30	2,98	7,51	7,65	7,25	7,99	1,38	3,18 *	7,39	7,61	6,69	7,14
33-5B	1,32	1,27	7,37	7,01	6,63	6,79	1,17	1,86	7,53	7,56	7,74	7,30	2,42	2,66	8,67	8,56	7,55	8,52	2,54	2,39	7,06	7,90	7,69	7,44	1,86	2,04	7,66	7,76	7,40	7,51
34-2B	1,56	1,41	7,03	6,98	7,27	7,14	2,52	2,46	7,57	7,74	7,77	7,96	2,06	1,92	8,48	7,68	7,32	7,02	2,60	2,92	7,95	7,78	7,43	8,10	2,19	2,18	7,76	7,55	7,45	7,55
Linhagens	Linhag	ens <i>per se</i>	× Sinte	ético IG3	× Lin	hagem 23	Linhag	ens <i>per se</i>	× Sinte	ético IG3	× Lin	hagem 23	Linhag	ens <i>per se</i>	× Sint	ético IG3	× Lin	hagem 23	Linhag	ens <i>per se</i>	× Sint	ético IG3	× Linl	hagem 23	Linhag	ens <i>per se</i>	× Sinte	ético IG3	× Linh	hagem 23
BR106:	0	m	0	m	0	m	o	m	0	m	0	m	o	m	o	m	0	m	0	m	0	m	0	m	0	m	0	m	o	m
03-5B	1,09	1,25	7,20	7,46	7,40	6,19	0,89	1,79	8,80	8,53	7,07	7,90	0,76	1,35	6,73	7,22	6,17	8,72	2,24	3,05	9,14	8,17	8,10	6,35	1,25	1,86	7,97	7,85	7,18	7,29
06-3A	1,14	0,93	6,49	6,03	5,91	6,22	1,79	1,21	5,62	7,07	6,95	7,37	3,55	2,98	7,33	7,36	7,98	8,77	2,58	3,00	7,54	7,42	8,03	7,48	2,27	2,03	6,74	6,97	7,22	7,46
08-1A	1,04	2,11	7,20	7,55	6,84	6,57	2,76	2,86	7,27	7,68	7,80	7,94	2,15	2,52	7,22	6,84	6,37	6,14	1,68	2,36	7,24	6,38	7,40	6,86	1,91	2,46	7,23	7,11	7,10	6,88
08-2A	2,16	1,71	7,08	7,18	5,27	6,83	2,70	2,19	7,85	8,59	8,04	8,44	3,38	2,38	7,33	7,35	8,14	7,88	1,87	1,82	6,97	7,61	7,18	6,61	2,53	2,03	7,31	7,68	7,16	7,44
14-4B	3,87	2,75	6,39	7,20	7,37	8,46	4,53	4,31	7,78	7,80	7,78	9,57	5,01	3,73	7,81	6,68	6,09	6,88	5,12	4,16	8,18	8,46	7,62	7,11	4,63	3,74	7,54	7,54	7,22	8,00
24-7B	2,03	2,19	8,37	6,53	6,59	5,21	4,09	2,93	8,59	8,19	7,47	8,30	2,26	2,64	6,69	6,90	6,76	5,86	1,27	2,29	6,18	6,45	5,92	6,02	2,41	2,51	7,46	7,02	6,69	6,35
28-1A	0,37	0,68	7,04	6,97	6,01	6,29	2,31	2,72	8,23	8,86	8,00	8,04	2,06	2,08	7,81	7,59	6,29	7,29	3,04	2,72	7,42	9,13	7,78	7,96	1,94	2,05	7,63	8,14	7,02	7,39
29-7B	0,98	1,08	6,79	6,05	5,54	6,48	0,71	0,97	7,33	7,24	6,55	6,54	0,36	0,71	7,33	6,18	6,54	5,45	2,16	1,82	6,66	7,95	7,03	6,86	1,05	1,15	7,03	6,86	6,42	6,33
37-5B	2,14	2,55	7,19	7,70	7,65	7,80	3,84	3,40	7,44	8,64	8,65	9,28	2,02	2,76	7,12	7,62	5,81	5,83	1,83	2,44	6,64	6,78	6,56	6,13	2,46	2,79	7,10	7,69	7,17	7,26
44-1B	1,72	1,36	7,21	7,41	7,25	8,21	3,26	1,90	8,55	7,72	8,42	8,79	1,77	1,15	6,71	6,10	6,13	7,95	0,92	1,35	5,98	6,53	6,84	6,72	1,92	1,44	7,11	6,94	7,16	7,92
Testemunha	s:																		-						-					
Pop. BR105	i			5,	38					5,	41					5	,02					6,	18					5,	,50	
Pop. BR106	i			5,	89					7,	82					5	,19					6,	86					6,	,44	
Sint. IG3				5,	85					6,	23					5	,11					6,	38					5,	,90	
Sint. IG4				4,	05		5,70								4	,21					6,	05					5,	,00		
H Z8392				6,	66		9,48								7	,64					8,	27					8,	,01		
H Z8452				8,	28		8,68								6	,59					9,	93					8,	,37		
H Z8486				8,	46		9,62								7	,99					8,	24					8,	,58		
H AG3010				7,	10		6,72							5	,76					6,	02					6,	,40			
H AG9014				6,	31					7,	44					6	,70					7,	06					6,	,88	

^{*} p < 0,0002374 pela Correção de Bonferroni. o e m referem-se às linhagens parcialmente endogâmicas S3, originais e mantidas, respectivamente.

Tabela 14-A. Comparação de médias do índice de colheita (%) entre linhagens parcialmente endogâmicas (S₃) nas suas versões original e mantida, pertencentes a duas populações de milho, avaliadas a nível *per se* e através dos seus cruzamentos com dois testadores heteróticos (um sintético e uma linhagem elite).

			A	reão					Cate	erpillar					Ca	astro					Mé	édias_		
Linhagens	Linhag	ens <i>per se</i>	× Sinte	ético IG4	× Linl	nagem 14	Linhag	ens <i>per se</i>	× Sinte	ético IG4	×Linh	agem 14	Linhag	ens <i>per se</i>	× Sinte	ético IG4	× Linl	nagem 14	Linhag	ens <i>per se</i>	× Sinte	ético IG4	× Linl	hagem 14
BR105:	0	m	0	m	0	m	o	m	0	m	o	m	o	m	o	m	0	m	0	m	0	m	o	m
014B	72,6	74,2	81,1	81,9	84,9	84,3	74,2	77,5	82,5	80,6	82,6	84,9	59,4	61,8	68,9	73,8	68,9	74,6	68,7	71,2	77,5	78,7	78,8	81,3
05-2A	73,3	72,8	81,4	82,4	83,2	81,6	75,8	77,0	83,2	82,4	82,7	83,1	71,4	69,2	75,5	72,0	72,2	69,1	73,5	73,0	80,0	78,9	79,4	78,0
17-1A	78,4	74,1	81,9	81,2	83,0	81,6	78,3	79,6	83,2	82,5	83,1	84,2	68,6	60,3	71,1	71,8	75,0	71,6	75,1	71,3	78,7	78,5	80,3	79,1
18-6A	77,2	68,3	81,1	82,6	80,3	81,1	74,9	76,1	79,8	82,9	86,1	80,4	55,8	42,7	78,7	77,9	74,3	75,4	69,3	62,4	79,9	81,1	80,2	79,0
19-1B	76,3	76,1	79,1	78,7	80,4	80,9	56,3	75,8	76,0	81,9	81,5	79,5	64,1	61,0	67,6	69,7	70,1	69,3	65,6	71,0	74,2	76,8	77,3	76,6
23-2B	56,2	79,8 *	78,4	77,9	80,9	77,3	56,3	74,2	77,8	79,1	81,2	80,9	50,0	63,4	71,4	70,8	68,3	71,7	54,2	72,5 *	75,9	75,9	76,8	76,6
33-5B	66,7	65,2	78,6	82,1	81,4	82,1	58,3	69,4	82,4	80,7	80,9	83,1	60,4	67,5	72,7	75,2	75,6	72,8	61,8	67,4	77,9	79,3	79,3	79,3
34-2B	70,9	65,3	81,9	79,4	84,0	82,5	73,1	73,6	82,2	82,6	83,6	83,0	60,6	56,9	73,1	70,9	75,7	74,1	68,2	65,3	79,1	77,6	81,1	79,9
Linhagens	Linhag	ens <i>per se</i>	× Sinte	ético IG3	× Linl	nagem 23	Linhag	ens <i>per se</i>	× Sinte	ético IG3	× Linl	nagem 23	Linhag	ens <i>per se</i>	× Sinte	ético IG3	× Linl	nagem 23	Linhag	ens <i>per se</i>	× Sinte	ético IG3	× Linl	hagem 23
BR106:	0	m	o	m	0	m	0	m	o	m	0	m	0	m	0	m	0	m	0	m	o	m	0	m
03-5B	66,7	70,7	79,5	80,7	77,9	77,3	63,5	68,3	80,4	81,6	78,1	78,2	46,7	47,2	69,8	71,0	69,2	70,8	59,0	62,1	76,5	77,7	75,0	75,5
06-3A	76,5	68,4	78,9	77,4	75,0	80,7	73,9	67,6	77,9	79,0	77,5	77,6	61,1	60,0	68,9	68,9	68,6	67,6	70,5	65,3	75,2	75,1	73,7	75,3
08-1A	88,1	84,8	81,5	82,9	71,9	79,3 *	80,6	82,1	81,6	84,1	81,3	81,6	57,3	59,8	71,3	70,3	68,6	68,7	75,3	75,6	78,2	79,1	73,9	76,5
08-2A	85,8	81,7	81,9	82,2	81,4	80,6	80,0	80,7	84,8	85,7	82,4	81,1	73,5	62,1	74,3	73,0	71,4	71,1	79,8	74,9	80,3	80,3	78,4	77,6
14-4B	83,8	79,1	83,5	81,8	79,8	87,0	81,0	81,7	82,7	81,0	68,3	81,0 *	72,5	71,0	73,6	69,7	71,8	70,7	79,1	77,3	80,0	77,5	73,3	79,5
24-7B	77,2	76,6	80,8	80,8	79,1	77,7	73,6	74,6	82,1	82,2	81,7	79,6	67,1	70,6	74,0	71,9	74,0	62,1 *	72,6	73,9	79,0	78,3	78,3	73,1
28-1A	59,3	69,0	80,2	78,9	77,8	77,1	72,8	77,2	79,9	80,3	78,3	79,4	51,7	50,6	68,8	73,4	68,0	67,5	61,2	65,6	76,3	77,6	74,7	74,7
29-7B	67,4	70,1	77,7	76,2	71,4	73,7	60,4	54,6	79,2	77,9	75,3	77,4	22,5	33,3	71,4	69,8	66,6	61,4	50,1	52,7	76,1	74,6	71,1	70,8
37-5B	77,2	79,9	80,7	80,9	80,2	80,4	79,5	79,9	82,5	82,2	84,0	82,5	66,8	65,9	75,1	70,3	66,3	67,0	74,5	75,2	79,4	77,8	76,8	76,6
44-1B	74,4	77,5	80,7	82,2	78,2	79,3	74,8	72,3	81,7	81,9	78,6	79,5	61,9	45,0	73,8	72,6	71,2	71,9	70,4	65,0	78,7	78,9	76,0	76,9
Testemunha	ıs																							
Pop. BR105	i			8	1,1					80),9					6	9,1					7'	7,0	
Pop. BR106	5			79	9,2					80),9					69	9,9					70	6,7	
Sint. IG3				79	9,6					79	9,7					69	9,6					70	6,3	
Sint. IG4				82	2,5		79,7 81,1									6	4,5					70	6,1	
H Z8392				8	1,9		84,2									8	1,0					82	2,4	
H Z8452				83	3,4		84,0									7:	3,4					8	0,3	
H Z8486				83	3,6		85,3									7	1,7					8	0,2	
H AG3010				8	1,3		82,5								7:	3,3					79	9,0		
H AG9014				79	9,4					80),5					7	1,5					7'	7,1	

^{*} p < 0,0003166 pela Correção de Bonferroni. o e m referem-se às linhagens parcialmente endogâmicas S3, originais e mantidas, respectivamente.

Tabela 15-A. Comparação de médias da prolificidade (número da espigas planta⁻¹) entre linhagens parcialmente endogâmicas (S₃) nas suas versões original e mantida, pertencentes a duas populações de milho, avaliadas a nível *per se* e através dos seus cruzamentos com dois testadores heteróticos (um sintético e uma linhagem elite).

			A	reão					Cate	erpillar					Ca	astro					Rio	Verde					Mé	<u>édias</u>		
Linhagens	Linhas	gens <i>per se</i>	× Sint	ético IG4	× Lin	hagem 14	Linhag	ens <i>per se</i>	× Sint	ético IG4	×Linh	agem 14	Linhag	gens <i>per se</i>	× Sinte	ético IG4	× Linl	nagem 14	Linhag	ens <i>per se</i>	× Sint	ético IG4	× Linl	hagem 14	Linhag	ens <i>per se</i>	× Sinte	ético IG4	× Linl	hagem 14
BR105:	0	m	o	m	o	m	o	m	o	m	o	m	o	m	o	m	o	m	o	m	o	m	0	m	o	m	0	m	o	m
01-4B	1,13	0,88	1,11	1,01	0,97	1,00	1,22	1,08	1,07	1,02	1,01	1,11	0,78	0,95	1,08	1,10	1,10	1,10	0,90	0,98	1,03	0,90	1,05	1,13	1,01	0,97	1,07	1,01	1,03	1,08
05-2A	0,97	0,97	1,08	0,99	0,99	1,06	1,32	1,27	1,32	0,90	1,18	1,33	1,13	1,30	1,16	1,13	1,05	1,23	1,05	1,33	1,10	1,08	1,13	1,15	1,12	1,22	1,16	1,02	1,09	1,19
17-1A	0,90	0,88	0,90	0,98	0,98	0,98	0,88	0,89	1,22	1,04	1,06	1,13	0,90	1,00	1,10	1,03	1,27	1,18	0,85	0,98	1,05	0,98	1,08	1,03	0,88	0,94	1,07	1,01	1,10	1,08
18-6A	0,88	0,62	1,04	1,09	1,05	0,91	1,21	1,07	1,05	0,97	1,11	1,22	0,87	0,85	1,05	1,08	1,18	1,17	0,92	1,08	0,95	1,08	1,13	1,08	0,97	0,90	1,02	1,05	1,12	1,09
19-1B	0,66	0,95	1,02	0,98	1,01	0,99	1,11	1,05	1,32	1,10	1,14	0,98	0,97	0,88	1,08	1,08	1,16	1,13	0,95	0,82	0,98	0,88	1,15	1,18	0,92	0,92	1,10	1,01	1,11	1,07
23-2B	0,59	0,77	0,93	0,91	0,99	1,03	0,76	0,97	1,21	1,06	1,21	1,11	0,82	0,92	1,00	1,00	0,95	1,03	0,97	0,98	1,03	0,95	0,88	1,03	0,79	0,91	1,04	0,98	1,00	1,05
33-5B	0,86	0,98	0,91	0,92	1,06	1,01	0,77	0,89	1,07	1,04	1,12	1,01	0,79	0,82	1,00	1,03	1,00	1,18	0,95	0,78	1,00	1,08	1,08	0,90	0,84	0,87	0,99	1,02	1,06	1,02
34-2B	0,75	0,80	1,03	0,90	1,07	0,98	1,00	0,98	0,95	0,91	0,99	1,04	0,93	0,73	1,05	1,00	1,08	1,00	0,95	0,90	0,98	0,95	1,00	1,08	0,91	0,85	1,00	0,94	1,03	1,02
Linhagens	Linhag	gens <i>per se</i>	× Sint	ético IG3	× Lin	hagem 23	Linhagens per se × Sintético IG3 × Linhagem 23 o m o m o m					Linhag	gens <i>per se</i>	× Sinte	ético IG3	× Linl	nagem 23	Linhag	ens <i>per se</i>	× Sint	ético IG3	× Linl	hagem 23	Linhag	ens <i>per se</i>	× Sinté	étic o IG3	× Linl	hagem 23	
BR106:	0	m	0	m	0	m	0	m	0	m	0	m	o	m	0	m	0	m	0	m	0	m	0	m	o	m	0	m	0	m
03-5B	0,83	0,91	1,09	1,05	1,10	1,07	0,87	1,29	1,30	0,90	1,16	1,28	0,79	0,93	1,11	1,10	1,03	1,18	1,08	1,12	1,01	1,05	1,05	0,93	0,89	1,06	1,13	1,02	1,08	1,11
06-3A	0,66	0,74	1,00	1,03	0,86	0,93	0,93	0,90	0,86	1,03	1,00	1,00	1,26	1,18	1,12	1,06	1,00	1,15	1,03	0,95	0,95	1,00	0,95	0,87	0,97	0,94	0,98	1,03	0,95	0,98
08-1A	0,59	0,86	0,92	1,00	0,93	0,97	0,98	1,05	1,00	1,09	0,97	1,00	0,80	1,00	1,03	1,13	0,92	0,93	0,86	1,00	0,87	0,90	1,00	1,03	0,81	0,98	0,95	1,03	0,96	0,98
08-2A	0,86	0,77	0,94	1,02	1,01	0,98	1,03	0,84	1,04	0,97	0,91	1,11	0,98	0,83	1,10	1,03	1,00	1,00	0,94	0,89	0,91	0,95	0,93	1,01	0,95	0,83	1,00	0,99	0,96	1,02
14-4B	1,04	1,08	1,05	1,01	1,16	1,06	1,63	1,55	1,06	1,10	1,06	1,05	1,33	1,08	1,10	1,09	0,93	1,03	1,16	1,23	0,93	1,00	0,98	1,00	1,29	1,23	1,03	1,05	1,03	1,04
24-7B	0,89	0,97	1,05	0,92	0,99	0,93	1,21	1,00	1,06	1,03	0,78	0,95	0,87	0,90	1,03	0,97	1,00	1,03	0,54	0,92	0,93	0,88	0,92	1,08	0,88	0,95	1,02	0,95	0,92	1,00
28-1A	0,40	0,44	0,96	0,98	0,99	0,98	0,83	0,85	0,90	0,92	1,02	0,90	0,69	0,85	1,00	1,00	0,93	1,03	0,84	0,80	0,90	1,00	1,03	1,00	0,69	0,73	0,94	0,98	0,99	0,98
29-7B	0,75	0,75	1,04	1,00	0,95	1,03	0,51	0,68	0,89	1,00	1,07	0,96	0,58	0,84	1,03	1,06	1,00	1,00	1,08	0,97	0,97	1,00	0,98	0,98	0,73	0,81	0,98	1,01	1,00	0,99
37-5B	1,03	0,92	1,07	1,05	0,86	1,03	1,25	0,96	1,12	1,03	1,10	1,04	0,92	0,95	1,18	1,15	1,00	0,95	0,63	0,75	0,93	1,03	0,96	0,85	0,96	0,89	1,07	1,06	0,98	0,97
44-1B	0,89	0,90	0,92	0,95	1,00	0,99	1,10	0,90	0,90	0,98	0,96	0,98	0,82	0,67	1,06	1,03	1,00	1,03	0,39	0,74	0,93	0,88	0,95	0,92	0,80	0,80	0,95	0,96	0,98	0,98
Testemunha	as:																													
Pop. BR105	5			0,	98					1,0	00					1,	16					0,	,87					1,	,00	
Pop. BR106	6			0,	94					1,	10					1,	00					1,	,05					1,	,02	
Sint. IG3				1,	00					1,0	06					1,	00					0,	,98					1,	,01	
Sint. IG4				0,	84		0,99									0,	95					0,	,90					0,	,92	
H Z8392				0,	99		1,03									1,	03					0,	,98					1,	,01	
H Z8452				0,	99		1,11									0,	98					0.	,98					1,	,01	
H Z8486				1,	00		0,99									1,	03					0,	,95					0,	,99	
H AG3010				1,	00		0,98									0,	88					0.	,95					0,	,95	
H AG9014				0,	99					0,	72					1,	00					0,	,85					0,	,89	

o e m referem-se às linhagens parcialmente endogâmicas S₃, originais e mantidas, respectivamente.

Tabela 16-A. Comparação de médias para florescimento feminino entre linhagens parcialmente endogâmicas (S₃) nas suas versões original e mantida, pertencentes a duas populações de milho, avaliadas a nível *per se* e através dos seus cruzamentos com dois testadores heteróticos (um sintético e uma linhagem elite).

			A	reão					Cate	erpillar					C	astro					Rio	Verde			N	1 édias	de tres	s Amb	ientes	†
Linhagens	Linhag	ens <i>per se</i>	× Sint	ético IG4	× Lin	hagem 14	Linhag	ens <i>per se</i>	× Sinte	ético IG4	×Linh	agem 14	Linhag	ens <i>per se</i>	× Sint	ético IG4	× Linh	nagem 14	Linhag	ens <i>per se</i>	× Sint	ético IG4	× Linl	hagem 14	Linhag	ens <i>per se</i>	× Sinte	ético IG4	× Linh	nagem 14
BR105:	0	m	o	m	o	m	o	m	0	m	0	m	0	m	o	m	o	m	0	m	o	m	o	m	o	m	o	m	0	m
01-4B	-	-	63,4	67,8	67,3	64,2	67,0	68,0	63,8	64,8	64,4	63,9	95,5	96,0	95,6	94,1	93,6	93,1	60,0	61,0	61,1	60,1	59,6	59,1	74,2	75,0	73,5	73,0	72,5	72,0
05-2A	-	-	62,8	63,6	64,2	64,5	63,0	65,0	64,5	64,8	62,1	62,2	92,5	93,5	93,3	93,1	92,3	92,0	57,5	58,5	58,8	59,2	58,2	58,0	71,0	72,3	72,2	72,4	70,9	70,8
17-1A	-	-	64,6	65,0	61,0	63,9	67,5	68,0	64,3	65,1	62,9	62,0	98,0	99,5	94,5	94,4	92,5	92,7	63,5	64,0	60,5	60,3	58,5	58,7	76,3	77,2	73,1	73,2	71,3	71,1
18-6A	-	-	62,8	64,8	64,7	65,7	67,0	68,5	64,4	65,4	63,1	62,8	98,0	99,0	94,0	94,1	93,5	92,9	63,0	63,0	60,1	60,1	59,5	58,9	76,0	76,8	72,8	73,2	72,0	71,5
19-1B	-	-	66,0	65,6	64,9	63,9	73,0	71,0	67,0	66,5	65,6	64,9	100,5	100,0	97,5	97,1	93,5	94,5	64,5	64,5	62,5	63,1	59,5	60,5	79,3	78,5	75,6	75,6	72,8	73,3
23-2B	-	-	62,6	63,3	63,0	66,6	76,5	80,5	67,4	68,0	65,6	66,4	103,5	103,0	96,2	96,1	94,7	95,4	69,0	67,0	62,2	62,1	60,7	61,4	83,0	83,5	75,3	75,4	73,6	74,4
33-5B	-	-	67,0	64,3	63,9	66,7	71,0	75,5	66,4	67,0	65,5	64,9	102,0	102,5	96,4	94,8	94,9	93,6	67,0	66,5	61,9	60,8	60,9	59,6	80,0	81,5	74,9	74,2	73,8	72,7
34-2B	-	-	64,7	62,3	63,1	69,6	69,5	67,0	62,8	64,5	62,5	61,8	99,0	97,5	94,5	93,5	92,0	92,4	64,0	62,0	60,5	59,5	58,0	58,3	77,5	75,5	72,6	72,5	70,8	70,8
Linhagens	Linhag	ens <i>per se</i>	× Sint	ético IG3	× Lin	hagem 23	Linhag	ens <i>per se</i>	× Sinte	ético IG3	× Lin	hagem 23	Linhag	ens <i>per se</i>	× Sint	ético IG3	× Linh	nagem 23	Linhag	ens <i>per se</i>	× Sint	ético IG3	× Linl	hagem 23	Linhag	ens <i>per se</i>	× Sinte	ético IG3	× Linh	nagem 23
BR106:	0	m	0	m	0	m	0	m	0	m	0	m	0	m	0	m	0	m	0	m	0	m	0	m	0	m	0	m	0	m
03-5B	-	-	64,4	67,9	62,2	64,9	76,5	75,5	65,9	66,5	70,3	68,4	105,5	102	96,6	95,6	97,9	98,7	70,0	67,0	62,6	61,6	63,9	64,7	84,0	81,5	75,0	74,5	77,4	77,3
06-3A	-	-	65,0	64,6	64,9	63,4	68,0	67,0	65,9	64,5	66,3	64,9	98,5	95,5	94,6	94,3	97,0	95,3	63,0	60,5	60,7	60,3	63,0	61,4	76,5	74,3	73,7	73,0	75,4	73,9
08-1A	-	-	66,4	64,5	66,0	63,8	69,5	71,5	67,4	66,2	69,3	67,6	103,0	100,0	96,1	95,5	99,2	99,0	67,5	65,0	62,1	61,4	65,3	65,0	80,0	78,8	75,2	74,4	78,0	77,2
08-2A	-	-	65,3	65,4	68,4	65,1	67,5	69,5	65,2	64,0	69,1	66,4	100,5	100	95,3	95,7	96,4	96,2	64,5	65,0	61,2	61,7	62,4	62,2	77,5	78,2	73,9	73,8	76,0	75,0
14-4B	-	-	65,7	67,6	63,2	63,8	66,5	66,0	63,5	63,7	66,4	63,6	98,0	96,0	93,5	93,2	95,1	95,8	62,5	61,0	59,5	59,2	61,2	61,8	75,7	74,3	72,1	72,0	74,2	73,7
24-7B	-	-	65,4	64,3	64,9	64,0	69,5	71,0	64,6	65,7	68,5	67,1	100,0	100,5	94,5	95,2	96,7	96,7	65,0	65,5	60,5	61,2	62,7	62,7	78,2	79,0	73,2	74,0	76,0	75,5
28-1A	-	-	67,6	68,3	63,6	63,6	70,0	68,5	64,1	64,7	67,0	66,1	98,5	99,0	95,5	94,9	95,6	96,9	63,5	64,0	61,5	60,9	61,7	62,9	77,3	77,2	73,7	73,5	74,8	75,3
29-7B	-	-	65,6	68,3	64,7	64,0	75,5	77,0	66,6	65,6	71,0	68,0	101,0	103,0	95,7	96,6	98,9	98,2	66,0	68,0	61,7	62,6	64,8	64,2	80,8	82,7	74,7	74,9	78,2	76,8
37-5B	-	-	66,6	66,4	66,6	63,1	66,0	67,0	64,0	65,0	66,0	64,5	98,0	97,0	94,9	93,7	95,6	94,8	63,0	62,0	60,9	59,7	61,6	60,8	75,7	75,3	73,3	72,8	74,4	73,3
44-1B	-	-	65,2	70,6	65,2	64,8	69,5	71,5	64,0	66,0	67,4	66,4	98,5	101,0	94,0	94,3	96,2	96,8	63,5	66,0	60,0	60,3	62,2	62,8	77,2	79,5	72,7	73,5	75,3	75,4
Testemunhas	s:																													
Pop. BR105				63	3,6					66	5,6					94	1,4					60),5					73	3,8	
Pop. BR106				64	1,5					64	1,3					95	5,2					6	1,1					73	3,5	
Sint. IG3				64	1,3					65	5,2					92	2,9					58	3,8					72	2,3	
Sint. IG4				67	7,0					66	5,3					94	1,4					60),4					73	3,7	
H Z8392				63	3,7					62	2,3					9	1,9					51	7,8					70	0,7	
H Z8452				62	2,3					64	1,3					95	5,1					6	1,0					7.	3,5	
H Z8486				64	1,2					62	2,7					93	3,3					59	9,3					7	1,8	
H AG3010				63	3,9					62	2,7					92	2,4					58	3,4					7	1,2	
H AG9014				66	5,5					62	2,7					94	1,4					60	0,4					72	2,5	

[†] Médias de três ambientes: Caterpillar, Castro e Rio Verde.

o e m referem-se às linhagens parcialmente endogâmicas S_3 , originais e mantidas, respectivamente.

Tabela 17-A. Comparação de médias de altura da planta (cm) entre linhagens parcialmente endogâmicas (S₃) nas suas versões original e mantida, pertencentes a duas populações de milho, avaliadas a nível *per se* e através dos seus cruzamentos com dois testadores heteróticos (um sintético e uma linhagem elite).

			A	reão					Cate	rpillar					C	astro					Rio	Verde					Mé	édias_		
Linhagens	Linhag	ens <i>per se</i>	× Sint	ético IG4	× Lin	hagem 14	Linhage	ens <i>per se</i>	× Sinte	ético IG4	×Linh	agem 14	Linhag	ens <i>per se</i>	× Sint	ético IG4	× Lin	nagem 14	Linhag	ens <i>per se</i>	× Sint	ético IG4	× Lin	hagem 14	Linhag	ens <i>per se</i>	× Sinte	ético IG4	× Linl	hagem 14
BR105:	0	m	o	m	0	m	0	m	0	m	0	m	o	m	0	m	0	m	0	m	o	m	o	m	0	m	0	m	0	m
01-4B	134	139	192	200	208	202	152	149	210	216	210	214	203	223	271	270	265	267	198	194	253	245	241	254	171	176	232	233	231	234
05-2A	138	134	209	209	198	201	174	163	203	204	211	211	230	233	281	272	269	280	225	209	254	243	239	246	192	185	237	232	229	234
17-1A	126	129	201	198	195	193	144	143	197	200	200	204	183	178	261	255	256	263	181	185	225	226	228	230	158	159	221	220	220	222
18-6A	136	112	223	203	184	186	131	143	212	205	200	202	198	198	264	263	249	253	186	187	232	246	249	237	163	160	233	229	221	219
19-1B	144	139	217	215	210	192	162	151	228	227	218	223	185	185	269	264	266	264	208	209	251	251	254	259	175	171	241	239	237	234
23-2B	148	172	209	218	226	222	154	163	220	217	229	228	200	218	278	276	270	268	206	211	256	264	253	258	177	191	241	244	244	244
33-5B	150	135	204	222	216	224	160	142	216	221	222	225	218	215	283	284	273	279	198	207	258	263	257	257	181	175	240	248	242	246
34-2B	130	113	197	207	196	200	130	124	213	196	201	202	160	163	263	263	253	268	175	175	227	233	235	227	149	144	225	225	221	224
Linhagens	Linhag	ens <i>per se</i>	× Sint	ético IG3	× Lin	hagem 23	Linhage	ens <i>per se</i>	× Sinte	ético IG3	× Lin	hagem 23	Linhag	ens <i>per se</i>	× Sint	ético IG3	× Lin	nagem 23	Linhag	ens <i>per se</i>	× Sint	ético IG3	× Lin	hagem 23	Linhag	ens <i>per se</i>	× Sinte	ético IG3	× Linl	hagem 23
BR106:	o	m	o	m	o	m	o	m	o	m	o	m	o	m	o	m	0	m	o	m	o	m	o	m	0	m	o	m	0	m
03-5B	160	159	226	230	240	241	168	174	224	231	233	239	190	193	289	275	277	280	207	221	273	258	272	266	181	186	253	249	255	256
06-3A	123	120	204	201	204	217	142	138	212	209	216	226	190	183	264	280	269	271	179	176	247	240	249	250	159	154	232	233	234	241
08-1A	115	131	206	215	233	214	150	138	211	221	217	223	188	185	281	273	283	269	185	187	260	248	253	264	159	160	239	239	246	243
08-2A	116	115	215	210	214	213	130	127	215	216	218	217	168	173	274	271	281	279	158	171	253	244	252	252	143	146	239	235	241	240
14-4B	145	143	207	199	218	231	159	158	221	218	223	234	215	215	269	266	281	280	198	190	240	241	252	255	179	176	234	231	244	250
24-7B	124	111	199	187	218	192	135	122	206	205	207	204	160	155	262	253	267	252	156	159	234	225	239	229	144	137	225	218	233	219
28-1 A	132	148	206	212	221	218	156	167	224	221	208	224	210	195	279	280	267	281	195	207	246	247	248	249	173	179	239	240	236	243
29-7B	160	149	234	209	232	215	172	166	223	224	229	225	228	225	283	290	290	279	228	224	261	259	265	264	197	191	250	246	254	246
37-5B	126	118	200	193	206	220	143	145	199	202	219	221	155	180	264	270	274	271	158	172	241	240	247	243	146	154	226	226	237	239
44-1B	124	108	210	204	221	215	131	127	213	208	221	222	165	163	273	254	273	275	174	158	240	240	249	252	149	139	234	227	241	241
Testemunha	s																													
Pop. BR105				2	01					20	09					2	52					2	250					2	28	
Pop. BR106				2	10					2	17					2	58					2	235					2	30	
Sint. IG3				2	03					20	02					2	61					2	241					2	27	
Sint. IG4				1	83					20	01					2	54					2	238					2	19	
H Z8392				1	84					19	96					2	49					2	227					2	14	
H Z8452				1	99					20	01					2	45					2	221					2	17	
H Z8486				2	12					2	13					2	60					2	244					2	32	
H AG3010				1	89					19	90					2	62					2	216					2	14	
H AG9014				1	85					19	94					2	29					2	227					2	09	

o e m referem-se às linhagens parcialmente endogâmicas S_3 , originais e mantidas, respectivamente.

Tabela 18-A. Comparação de médias de altura da espiga (cm) entre linhagens parcialmente endogâmicas (S₃) nas suas versões original e mantida, pertencentes a duas populações de milho, avaliadas a nível *per se* e através dos seus cruzamentos com dois testadores heteróticos (um sintético e uma linhagem elite).

			A	reão					Cate	erpillar					Ca	astro					Rio	Verde					Mé	édias_		
Linhagens	Linhag	gens <i>per se</i>	× Sint	ético IG4	× Lin	hagem 14	Linhas	gens <i>per se</i>	× Sint	ético IG4	×Linh	agem 14	Linhag	ens <i>per se</i>	× Sinte	ético IG4	× Linl	nagem 14	Linhag	ens <i>per se</i>	× Sint	ético IG4	× Lin	hagem 14	Linhag	ens <i>per se</i>	× Sinte	ético IG4	× Linh	hagem 14
BR105:	0	m	0	m	o	m	0	m	o	m	o	m	0	m	0	m	0	m	0	m	0	m	o	m	0	m	0	m	0	m
01-4B	71	71	107	109	117	112	86	77	127	131	124	122	128	128	169	170	166	162	106	103	140	135	139	146	98	95	136	136	136	136
05-2A	71	65	119	121	112	116	97	92	124	120	127	125	133	143	179	170	171	177	131	122	138	143	140	147	108	105	140	138	137	142
17-1A	75	73	116	112	116	109	78	80	125	120	117	121	120	103	162	172	161	167	114	105	135	130	126	135	97	90	134	133	130	133
18-6A	69	59	123	117	98	100	64	73	125	119	119	116	128	128	169	170	161	165	102	110	137	149	148	133	90	92	138	139	131	128
19-1B	75	75	117	117	117	111	81	83	133	144	132	133	125	115	167	165	171	167	124	125	154	157	160	157	101	99	143	146	145	142
23-2B	73	94	104	118	129	117	72	76	128	118	129	134	113	123	168	173	170	165	105	115	140	147	142	143	91	102	135	139	143	140
33-5B	82	72	112	123	123	122	80	70	125	126	131	138	118	120	175	186	167	176	103	117	147	160	146	149	95	95	140	149	142	146
34-2B	69	54	110	118	105	108	63	62	123	108	117	113	93	100	163	163	155	165	90	94	127	134	124	121	79	77	131	131	125	127
Linhagens	Linhag	gens <i>per se</i>	× Sint	tético IG3	× Lin	hagem 23	Linhas	gens <i>per se</i>	× Sint	ético IG3	× Lin	nagem 23	Linhag	ens <i>per se</i>	× Sinte	ético IG3	× Linl	nagem 23	Linhag	ens <i>per se</i>	× Sint	ético IG3	× Lin	hagem 23	Linhas	ens <i>per se</i>	× Sinte	ético IG3	× Linh	hagem 23
BR106:	o	m	o	m	0	m	0	m	0	m	0	m	o	m	0	m	0	m	0	m	0	m	0	m	o	m	0	m	o	m
03-5B	87	83	125	130	128	134	80	86	131	132	130	129	115	118	186	176	174	174	113	129	155	142	154	152	98	104	149	145	146	147
06-3A	64	59	111	108	109	112	75	72	130	115	118	124	118	103	171	173	163	165	97	92	132	121	132	127	88	81	136	129	131	132
08-1A	58	69	117	127	132	113	76	75	122	137	126	131	120	113	182	178	175	175	103	107	147	148	143	149	89	91	142	147	144	142
08-2A	64	62	112	114	112	122	68	61	122	127	119	126	103	105	172	179	178	180	85	96	150	147	141	148	80	81	139	142	137	144
14-4B	72	71	116	112	117	122	81	80	122	125	122	136	123	130	167	166	176	177	103	107	129	140	140	143	95	97	133	136	138	145
24-7B	67	60	108	101	120	110	72	63	122	119	119	114	95	90	157	158	160	157	87	88	132	129	134	117	80	75	130	127	133	124
28-1A	54	65	103	111	114	110	73	81	123	121	110	118	118	103	172	165	158	176	89	93	124	130	134	128	83	85	131	132	129	133
29-7B	88	87	130	119	129	117	93	88	133	123	128	127	150	138	178	180	182	176	138	144	149	152	155	149	117	114	148	143	148	142
37-5B	63	59	109	108	107	120	75	77	118	115	132	124	95	110	165	162	169	166	85	93	133	133	137	134	79	85	131	129	136	136
44-1B	66	54	112	110	120	121	70	58	122	116	121	124	103	98	166	159	167	171	91	82	136	143	144	144	82	73	134	132	138	140
Testemunha	s:																													
Pob. BR105				1	10						19					1	58					1	145					1	33	
Pob. BR106				1	07						30					1	77					1	127					1	35	
Sint. IG3				1	11						.09					1	50					1	134					1	26	
Sint. IG4					98						11					1	50					1	128					1	22	
H Z8392					92						.00					1	43					1	111					1	11	
H Z8452				1	04						12					1	61					1	127					1	26	
H Z8486				1	09						13					1	61					1	139					1	30	
H AG3010					95					:	.03					1	47					1	113					1	14	
H AG9014					98						17					1	41					1	131					1	22	

o e m referem-se às linhagens parcialmente endogâmicas S_3 , originais e mantidas, respectivamente.

Tabela 19-A. Comparação de médias da posição relativa da espiga entre linhagens parcialmente endogâmicas (S₃) nas suas versões original e mantida, pertencentes a duas populações de milho, avaliadas a nível *per se* e através dos seus cruzamentos com dois testadores heterótcos (um sintético e uma linhagem elite).

			A	reão					Cate	rpillar					Ca	astro					Rio	Verde					Mé	dias		
Linhagens	Linhage	ns <i>per se</i>	× Sinte	ético IG4	× Lin	hagem 14	Linhag	ens <i>per se</i>	× Sinte	ético IG4	×Linh	agem 14	Linhag	ens <i>per se</i>	× Sinte	ético IG4	× Linh	nagem 14	Linhag	ens <i>per se</i>	× Sint	ético IG4	× Linh	hagem 14	Linhag	ens <i>per se</i>	× Sinte	ético IG4	× Linh	hagem 14
BR105:	0	m	o	m	o	m	0	m	0	m	o	m	o	m	0	m	o	m	o	m	o	m	o	m	o	m	0	m	0	m
01-4B	0,53	0,51	0,56	0,55	0,56	0,56	0,57	0,52	0,61	0,61	0,59	0,58	0,63	0,57	0,62	0,63	0,63	0,61	0,54	0,53	0,55	0,55	0,57	0,57	0,57	0,54	0,58	0,58	0,59	0,58
05-2A	0,52	0,49	0,57	0,58	0,56	0,58	0,56	0,56	0,61	0,59	0,61	0,59	0,58	0,61	0,63	0,62	0,63	0,63	0,58	0,58	0,55	0,59	0,59	0,60	0,56	0,56	0,59	0,59	0,60	0,60
17-1A	0,60	0,57	0,58	0,56	0,59	0,57	0,54	0,56	0,63	0,60	0,59	0,59	0,66	0,58	0,62	0,66	0,63	0,63	0,63	0,57	0,60	0,57	0,56	0,60	0,61	0,57	0,61	0,60	0,59	0,60
18-6A	0,50	0,52	0,56	0,57	0,53	0,53	0,49	0,51	0,59	0,58	0,59	0,57	0,65	0,65	0,64	0,65	0,65	0,66	0,55	0,59	0,59	0,61	0,59	0,56	0,55	0,57	0,59	0,60	0,59	0,58
19-1B	0,52	0,54	0,54	0,54	0,55	0,58	0,50	0,54	0,59	0,63	0,60	0,59	0,68	0,62	0,62	0,63	0,65	0,63	0,60	0,60	0,62	0,62	0,63	0,60	0,57	0,58	0,59	0,60	0,61	0,60
23-2B	0,50	0,55	0,50	0,54	0,57	0,52	0,47	0,46	0,58	0,54	0,57	0,59	0,56	0,56	0,60	0,63	0,63	0,62	0,51	0,55	0,55	0,55	0,57	0,55	0,51	0,53	0,56	0,56	0,58	0,57
33-5B	0,54	0,53	0,55	0,55	0,58	0,55	0,50	0,49	0,58	0,58	0,60	0,61	0,54	0,56	0,62	0,66	0,61	0,63	0,52	0,56	0,57	0,60	0,57	0,58	0,53	0,54	0,58	0,60	0,59	0,59
34-2B	0,53	0,47	0,57	0,57	0,54	0,54	0,48	0,50	0,58	0,55	0,58	0,56	0,58	0,62	0,63	0,63	0,62	0,62	0,51	0,54	0,56	0,58	0,53	0,53	0,53	0,53	0,58	0,58	0,57	0,56
Linhagens	Linhage	ns <i>per se</i>	× Sinte	ético IG3	× Lin	hagem 23	Linhag	ens <i>per se</i>	× Sinte	ético IG3	× Linh	nagem 23	Linhag	ens <i>per se</i>	× Sinte	ético IG3	× Linh	nagem 23	Linhag	ens <i>per se</i>	× Sint	ético IG3	× Linh	hagem 23	Linhag	ens <i>per se</i>	× Sinte	ético IG3	× Linh	hagem 23
BR106:	0	m	0	m	0	m	0	m	0	m	0	m	0	m	0	m	0	m	0	m	0	m	0	m	o	m	0	m	0	m
03-5B	0,54	0,52	0,56	0,57	0,54	0,56	0,48	0,49	0,59	0,57	0,56	0,54	0,60	0,61	0,65	0,64	0,64	0,63	0,54	0,58	0,57	0,55	0,57	0,57	0,54	0,55	0,59	0,58	0,57	0,57
06-3A	0,52	0,49	0,55	0,54	0,53	0,52	0,53	0,52	0,62	0,55	0,55	0,55	0,62	0,56	0,65	0,62	0,61	0,60	0,54	0,52	0,53	0,50	0,53	0,51	0,55	0,52	0,59	0,55	0,55	0,54
08-1A	0,50	0,52	0,57	0,60	0,57	0,53	0,51	0,54	0,58	0,62	0,58	0,58	0,64	0,61	0,64	0,65	0,62	0,64	0,56	0,57	0,56	0,60	0,57	0,58	0,55	0,56	0,59	0,61	0,58	0,58
08-2A	0,56	0,54	0,52	0,54	0,52	0,57	0,52	0,48	0,57	0,59	0,55	0,58	0,61	0,61	0,62	0,67	0,63	0,64	0,54	0,56	0,60	0,61	0,56	0,59	0,56	0,55	0,57	0,60	0,56	0,60
14-4B	0,49	0,50	0,56	0,56	0,53	0,53	0,51	0,50	0,55	0,58	0,55	0,58	0,57	0,60	0,63	0,62	0,63	0,63	0,52	0,56	0,53	0,57	0,56	0,56	0,53	0,54	0,57	0,58	0,57	0,57
24-7B	0,54	0,54	0,54	0,53	0,55	0,57	0,54	0,51	0,59	0,58	0,58	0,56	0,59	0,58	0,60	0,63	0,60	0,63	0,56	0,55	0,56	0,57	0,56	0,51	0,56	0,55	0,57	0,58	0,57	0,56
28-1A	0,41	0,44	0,49	0,53	0,51	0,51	0,47	0,48	0,55	0,55	0,53	0,53	0,56	0,53	0,62	0,59	0,60	0,63	0,46	0,45	0,51	0,53	0,55	0,51	0,47	0,48	0,54	0,55	0,54	0,54
29-7B	0,55	0,58	0,56	0,57	0,55	0,54	0,54	0,53	0,60	0,55	0,56	0,56	0,66	0,61	0,63	0,63	0,63	0,63	0,61	0,64	0,57	0,59	0,59	0,57	0,59	0,59	0,59	0,58	0,58	0,58
37-5B	0,50	0,50	0,54	0,56	0,51	0,55	0,52	0,53	0,59	0,57	0,61	0,56	0,61	0,61	0,63	0,61	0,62	0,62	0,54	0,55	0,55	0,55	0,56	0,55	0,54	0,55	0,58	0,57	0,57	0,57
44-1B	0,53	0,50	0,54	0,54	0,54	0,56	0,53	0,46	0,58	0,56	0,55	0,56	0,62	0,60	0,61	0,64	0,62	0,62	0,52	0,52	0,57	0,60	0,58	0,57	0,55	0,52	0,57	0,58	0,57	0,58
Testemunha	ıs:						-																		-					
Pop. BR105	5			0,	55					0,5	57					0,	63					0,	58					0,	58	
Pop. BR106	5			0,	51					0,0	60					0,	71					0,	55					0,	59	
Sint. IG3				0,	54					0,5	54					0,	59					0,	56					0,	56	
Sint. IG4				0,	53					0,5	55					0,	60					0,	54					0,	55	
H Z8392				0,	50					0,5	51					0,	59					0,	49					0,	52	
H Z8452				0,	52					0,5	56					0,	67					0,	57					0,	58	
H Z8486				0,	51					0,5	53					0,	64					0,	57					0,	56	
H AG3010				0,	51					0,5	54					0,	58					0,	52					0,	54	
H AG9014				0,	53					0,0	60					0,	63					0,	59					0,	59	

o e m referem-se às linhagens parcialmente endogâmicas S_3 , originais e mantidas, respectivamente.

Tabela 20-A. Comparação de médias das plantas acamadas e quebradas (%) entre linhagens parcialmente endogâmicas (S₃) nas suas versões original e mantida, pertencentes a duas populações de milho, avaliadas a nível *per se* e através dos seus cruzamentos com dois testadores heteróticos (um sintético e uma linhagem elite).

			A	reão					Cate	erpillar					Ca	astro					Rio	Verde			Médi	as_				
Linhagens	Linhage	ens <i>per se</i>	× Sinte	ético IG4	× Lin	hagem 14	Linhag	ens <i>per se</i>	× Sint	ético IG4	×Linh	agem 14	Linhag	gens per se	× Sinte	ético IG4	× Linh	nagem 14	Linhag	ens <i>per se</i>	× Sint	ético IG4	× Lin	hagem 14	Linhag	ens per se	× Sinte	ético IG4	× Linh	agem 14
BR105:	0	m	0	m	o	m	o	m	o	m	0	m	o	m	0	m	o	m	o	m	0	m	o	m	0	m	0	m	o	m
01-4B	2,83	2,83	1,98	4,24	3,17	1,50	2,32	3,33	2,05	3,19	1,62	0,77	3,41	0,71	2,66	3,52	1,68	3,62	6,49	5,14	3,99	3,12	3,17	3,22	3,63	2,83	1,47	1,74	1,38	1,33
05-2A	3,73	1,58	1,98	0,71	1,94	2,02	2,35	0,71	1,56	1,43	1,45	0,69	0,71	0,71	4,34	3,88	3,26	3,43	1,53	0,71	3,34	0,71	3,63	2,33	1,82	0,00	1,52	1,09	1,44	1,27
17-1A	0,71	2,47	1,53	1,59	0,71	1,98	3,68	1,45	5,72	3,82	1,61	2,59	0,71	1,62	4,54	3,98	2,11	4,57	3,24	5,75	1,56	3,70	2,35	3,20	1,83	2,64	1,68	1,66	1,09	1,61
18-6A	2,77	1,58	1,53	1,53	0,71	2,62	1,40	3,63	1,63	1,98	1,60	2,29	0,71	0,71	1,66	3,48	1,77	2,88	4,42	4,29	2,80	3,15	1,56	2,62	2,10	2,35	1,18	1,43	0,95	1,45
19-1B	4,00	1,65	2,30	3,10	1,53	3,46	6,97	4,59	3,42	3,41	1,48	2,21	3,61	4,33	4,77	4,64	3,73	2,49	3,22	4,64	3,63	3,67	2,35	2,02	4,34	3,67	1,74	1,79	1,33	1,43
23-2B	2,67	2,95	0,71	1,98	2,28	4,04	5,44	0,71	3,83	2,20	2,49	0,49	2,67	3,36	3,81	2,17	2,71	4,31	4,77	7,08	4,61	4,78	5,74	6,53	3,76	3,38	1,66	1,51	1,68	1,83
33-5B	4,07	0,71	1,53	2,02	3,24	3,96	2,78	4,31	2,29	0,71	1,52	2,58	4,35	2,80	3,25	3,31	5,87	0,62	7,63	7,13	5,38	4,36	4,55	5,36	4,60	3,60	1,62	1,45	1,82	1,62
34-2B	1,58	3,37	2,82	0,71	0,71	1,94	2,16	0,71	2,86	0,71	0,77	1,43	0,71	0,71	1,84	1,47	6,15	4,13	3,17	4,49	0,71	3,84	1,98	4,25	1,62	2,09	1,25	1,09	1,38	1,56
Linhagens	Linhage	ens <i>per se</i>	× Sinte	ético IG3	× Lin	hagem 23	Linhag	ens <i>per se</i>	× Sint	ético IG3	× Lin	nagem 23	Linhag	gens <i>per se</i>	× Sinte	ético IG3	× Linh	nagem 23	Linhag	ens <i>per se</i>	× Sint	ético IG3	× Lin	hagem 23	Linhag	ens <i>per se</i>	× Sinte	ético IG3	× Linh	agem 23
BR106:	o	m	o	m	o	m	o	m	0	m	0	m	o	m	o	m	0	m	o	m	0	m	o	m	0	m	0	m	0	m
03-5B	4,09	0,71	2,38	1,53	4,78	3,62	3,20	1,55	1,89	1,72	1,80	2,46	0,71	0,71	2,96	0,81	1,83	3,99	1,53	3,94	1,98	3,12	6,71	7,65	2,16	1,41	1,34	1,14	1,81	1,98
06-3A	2,32	1,62	0,71	0,71	3,12	3,33	0,71	2,32	1,57	1,58	0,63	1,89	0,71	1,58	0,85	1,51	0,62	2,50	3,14	3,67	2,35	2,62	4,56	4,65	1,40	2,07	0,93	1,05	1,32	1,61
08-1A	1,43	1,50	1,53	1,46	1,44	1,59	2,74	4,00	0,75	1,46	1,93	0,61	0,71	1,58	4,40	3,24	7,43	4,64	5,13	3,54	6,04	2,80	7,67	8,34	2,29	2,46	1,64	1,32	2,03	1,81
08-2A	0,71	2,37	1,53	3,50	4,46	1,53	2,24	1,41	3,01	3,38	1,40	1,92	0,71	0,71	5,42	4,39	5,23	3,39	5,27	4,78	4,42	4,52	7,71	9,06	2,00	2,09	1,76	1,86	2,05	1,86
14-4B	2,66	2,35	0,71	1,98	2,95	2,73	1,50	0,71	2,77	0,77	2,53	0,74	0,71	0,71	2,49	4,94	3,21	2,64	3,79	1,58	3,94	3,70	6,64	7,75	1,92	0,88	1,41	1,53	1,82	1,72
24-7B	1,58	3,26	2,73	2,24	2,38	1,62	1,58	3,28	3,77	5,05	2,66	1,79	0,71	2,01	4,19	3,58	5,59	7,05	5,08	2,83	5,79	5,90	7,99	7,41	2,00	2,67	1,90	1,92	2,04	1,99
28-1 A	3,68	4,08	0,71	1,53	3,41	3,68	4,46	4,79	3,80	1,59	4,84	3,18	1,62	0,71	4,89	2,47	4,86	3,95	4,35	6,51	1,98	1,98	5,42	5,29	3,38	3,90	1,53	1,18	2,03	1,88
29-7B	1,58	5,19	0,71	2,35	3,12	1,50	7,28	5,67	3,49	1,48	1,58	0,68	0,71	0,71	4,13	6,37	2,18	7,08	3,64	8,69	3,77	4,68	8,06	6,99	3,15	4,97	1,59	1,79	1,80	1,89
37-5B	0,71	2,74	0,71	1,94	0,71	1,59	0,71	0,71	2,29	0,73	0,73	2,19	1,97	3,73	7,06	5,95	5,13	6,32	5,47	0,71	5,04	2,88	5,92	5,90	1,98	1,70	1,81	1,54	1,62	1,87
44-1B	2,92	2,35	0,71	1,53	0,71	0,71	0,71	1,41	3,03	0,72	1,45	1,40	1,97	0,71	5,81	5,88	6,70	5,06	5,23	4,13	3,24	3,15	6,09	6,93	2,52	1,90	1,64	1,52	1,80	1,74
Testemunha	ıs:																													
Pop. BR105	5			2,	,33					1,	59					3,	78					3	,64					2,	83	
Pop. BR106	5			2,	,02					4,	77					5,	52					5	,35					4,	41	
Sint. IG3				0,	,71					0,	74					3,	33					5	,18					2,	1 9	
Sint. IG4				2,	,80					2,	06					4,	49					6	,04					3,	35	
H Z8392				1,	,98					1,	81					2,	46					4	,35					2,	65	
H Z8452				0.	,71					1,	52					0,	71					2	,91					1,	1 6	
H Z8486				0.	,71					0,	70					0,	48					3	,59					1,	37	
H AG3010				0.	,71					1,	57					0,	65					4	,73					1,	91	
H AG9014				1,	,56					1,	37					1,	53					5	,20					2,	4 1	

o e m referem-se às linhagens parcialmente endogâmicas S₃, originais e mantidas, respectivamente.

Tabela 21-A. Comparação de médias do teor de umidade dos grãos (%) entre linhagens parcialmente endogâmicas (S₃) nas suas versões original e mantida, pertencentes a duas populações de milho, avaliadas a nível *per se* e através dos seus cruzamentos com dois testadores heteróticos (um sintético e uma linhagem elite).

			Aı	reão					Cate	erpillar					C	astro					Rio	Verde			M	édias d	e Are	ão e C	aterpi	illar
Linhagens	Linhage	ens <i>per se</i>	× Sinté	tico IG4	× Lin	hagem 14	Linhage	ens <i>per se</i>	× Sinte	ético IG4	×Linh	agem 14	Linhag	ens <i>per se</i>	× Sint	ético IG4	× Linl	hagem 14	Linhag	ens <i>per se</i>	× Sint	ético IG4	× Linh	agem 14	Linhag	ens <i>per se</i>	× Sinté	tico IG4	× Linh	nagem 14
BR105:	0	m	o	m	0	m	0	m	0	m	0	m	0	m	0	m	0	m	0	m	0	m	0	m	0	m	0	m	0	m
01-4B	10,6	10,1	11,5	11,4	11,1	11,4	10,8	10,9	12,7	13,3	12,4	12,5	15,9	17,9	20,6	21,2	20,5	20,8	21,0	23,4	19,3	19,0	16,5	15,6	10,6	10,6	12,1	12,3	11,7	11,9
05-2A	10,2	10,7	11,8	11,5	11,7	11,1	11,1	10,6	13,2	11,9	11,9	12,1	16,2	15,8	22,0	22,1	20,3	20,2	20,5	19,8	18,0	19,2	16,4	15,2	10,6	10,6	12,5	11,7	11,8	11,6
17-1A	9,8	9,8	12,8	11,9	11,8	11,7	10,9	11,0	11,7	14,1	12,4	12,1	15,8	16,9	22,0	20,9	19,1	21,4	24,5	26,5	18,1	18,3	18,2	17,1	10,6	10,6	12,3	13,0	12,1	11,9
18-6A	10,4	9,5	12,2	12,2	11,0	11,3	11,1	10,6	13,5	12,6	12,6	13,2	18,8	15,2	22,9	22,7	20,7	21,0	23,1	21,1	17,6	18,3	16,6	18,2	10,8	10,2	12,9	12,4	11,8	12,2
19-1B	10,1	10,2	13,3	13,1	11,4	12,0	10,7	10,7	12,5	13,5	12,4	13,5	15,1	15,6	23,0	22,3	21,9	20,4	23,1	24,3	21,0	20,7	18,5	16,4	10,6	10,5	12,9	13,3	11,9	12,7
23-2B	9,0	11,1	12,1	11,0	11,2	10,8	10,6	11,8	14,0	13,4	12,4	11,7	18,0	16,5	21,6	22,1	19,8	19,2	28,0	26,6	20,7	19,4	17,3	18,1	10,2	11,4	13,1	12,2	11,8	11,3
33-5B	9,5	10,2	11,6	11,4	11,3	10,8	10,4	10,3	13,3	13,0	13,1	12,4	17,5	16,2	21,0	22,9	19,8	19,9	26,3	27,5	21,5	19,0	18,2	17,4	10,2	10,2	12,4	12,2	12,2	11,6
34-2B	10,7	10,5	12,3	11,6	11,1	11,1	11,0	10,5	13,6	12,8	12,0	11,9	13,7	14,7	21,5	21,5	19,3	20,1	21,9	21,7	18,9	17,2	17,4	18,1	10,8	10,4	12,9	12,2	11,5	11,5
Linhagens	Linhage	ens <i>per se</i>	× Sinté	ético IG3	× Lin	hagem 23	Linhag	ens <i>per se</i>	× Sinte	ético IG3	× Linh	agem 23	Linhag	ens <i>per se</i>	× Sint	ético IG3	× Linl	hagem 23	Linhag	ens <i>per se</i>	× Sint	ético IG3	× Linh	nagem 23	Linhag	ens <i>per se</i>	× Sinté	tico IG3	× Linh	nagem 23
BR106:	0	m	o	m	0	m	0	m	0	m	0	m	0	m	0	m	o	m	0	m	o	m	o	m	0	m	0	m	o	m
03-5B	10,7	10,7	11,7	11,8	11,4	12,3	11,1	11,3	13,0	12,3	12,8	13,4	22,2	19,4	23,5	21,6	21,5	21,1	28,8	25,6	18,9	17,8	17,6	18,1	10,9	11,0	12,4	12,1	12,1	12,9
06-3A	9,6	10,1	11,8	12,3	11,3	11,9	11,2	11,3	13,0	12,8	13,1	12,8	15,1	15,7	22,8	21,7	20,6	20,5	19,9	20,6	18,1	20,0	16,6	18,4	10,6	10,9	12,4	12,6	12,2	12,4
08-1A	10,8	11,1	12,8	12,3	12,0	12,8	11,1	11,6	12,6	12,5	12,8	12,9	19,4	20,1	22,3	21,9	22,6	20,8	28,5	29,1	19,4	21,9	18,6	19,0	11,0	11,4	12,7	12,4	12,4	12,8
08-2A	11,2	10,8	12,8	11,4	11,8	12,2	11,1	11,1	13,1	12,8	13,0	14,1	17,3	16,4	21,3	21,9	21,5	20,9	27,9	27,7	19,1	20,3	19,1	17,9	11,2	11,0	12,9	12,1	12,4	13,2
14-4B	9,9	10,6	11,5	12,1	10,9	11,1	11,3	11,0	12,9	13,4	12,8	12,6	17,3	15,5	20,2	19,9	18,6	19,2	22,1	19,1	16,9	17,3	16,3	17,0	10,8	10,8	12,2	12,7	11,8	11,8
24-7B	11,4	11,1	13,1	12,3	11,3	11,7	11,7	11,4	14,3	12,9	13,4	13,2	16,8	16,3	22,3	22,6	22,5	21,6	24,8	24,8	19,3	18,7	17,3	17,9	11,6	11,2	13,7	12,6	12,3	12,5
28-1A	10,6	11,0	12,6	12,8	12,2	12,3	11,1	11,1	13,6	14,6	15,2	13,8	19,1	17,7	21,6	20,8	20,6	22,0	21,3	25,7	18,7	19,6	17,7	18,6	10,8	11,0	13,1	13,7	13,7	13,1
29-7B	10,5	10,9	11,7	11,6	11,8	11,0	11,0	10,9	12,7	13,0	13,4	12,3	14,7	17,6	22,6	21,7	21,2	22,4	22,9	28,1	16,5	17,5	17,7	18,3	10,8	10,9	12,2	12,3	12,6	11,7
37-5B	10,6	11,3	11,5	11,9	11,2	11,1	11,5	11,5	12,5	12,3	13,4	12,5	13,6	15,1	20,8	19,8	19,7	19,6	19,4	22,5	18,2	17,8	16,7	17,2	11,0	11,4	12,0	12,1	12,3	11,8
44-1B	10,6	10,7	12,2	11,5	11,3	11,3	11,2	11,1	12,1	11,5	13,4	11,9	13,8	13,0	21,8	20,6	20,9	20,2	21,1	22,4	18,3	17,1	16,7	16,2	10,8	10,9	12,2	11,5	12,4	11,6
Testemunhas:																														
Pop. BR105				11	1,7					12	,3					19	9,2					18	3,0					12	,0	
Pop. BR106				13	3,2					13	,1					22	2,0					19	9,0					13	,2	
Sint. IG3				11	1,9					12	,8					20),2					19	9,2					12	,3	
Sint. IG4				11	1,1					12	,3					22	2,5					17	7,7					11	,7	
H Z8392				11	1,3					13	,3					23	3,6					19	9,6					12	,3	
H Z8452				12	2,4					13	,1					22	2,9					20	0,0					12	,7	
H Z8486				13	3,5					12	,9					20	5,1					18	3,9					13	,2	
H AG3010				11	1,7					11	,9					18	3,9					17	7,7					11	,8	
H AG9014				12	2,3					13	,0					22	2,2					17	7,8					12	,7	

o e m referem-se às linhagens parcialmente endogâmicas S_3 , originais e mantidas, respectivamente.

Tabela 22-A. Comparação de médias do comprimento da espigas (cm) entre linhagens parcialmente endogâmicas (S₃) nas suas versões original e mantida, pertencentes a duas populações de milho, avaliadas a nível *per se* e através dos seus cruzamentos com dois testadores heteróticos (um sintético e uma linhagem elite).

			A	reão					Cate	rpillar					Mé	dias_		
Linhagens	Linhage	ens <i>per se</i>	× Sinte	ético IG4	× Linh	nagem 14	Linhag	ens <i>per se</i>	× Sinte	ético IG4	×Linh	agem 14	Linhag	ens <i>per se</i>	× Sinte	ético IG4	× Linh	nagem 14
BR105:	0	m	0	m	0	m	0	m	0	m	0	m	0	m	o	m	0	m
01-4B	13,2	13,1	16,7	17,1	16,5	16,4	13,6	14,8	15,1	15,5	15,0	14,7	13,4	13,9	15,9	16,3	15,8	15,6
05-2A	14,4	15,1	16,8	16,6	17,1	15,7	16,7	15,3	16,6	16,1	15,1	15,3	15,6	15,2	16,7	16,3	16,1	15,5
17-1A	12,1	13,2	16,1	14,4	14,4	15,8	13,0	13,6	14,7	15,0	15,6	15,7	12,6	13,4	15,4	14,7	15,0	15,8
18-6A	12,0	11,3	15,5	15,5	15,3	15,2	11,6	11,9	15,8	15,6	13,9	15,9	11,8	11,6	15,6	15,5	14,6	15,6
19-1B	12,1	11,9	16,7	15,9	16,4	16,6	11,8	12,4	16,3	15,9	16,2	15,4	12,0	12,2	16,5	15,9	16,3	16,0
23-2B	15,6	16,3	16,4	16,6	16,4	16,0	14,5	14,6	15,9	15,6	15,9	16,0	15,1	15,4	16,2	16,1	16,2	16,0
33-5B	15,5	14,4	16,8	16,7	17,4	15,8	13,8	15,6	18,2	17,1	16,5	17,1	14,7	15,0	17,5	16,9	17,0	16,4
34-2B	12,9	11,9	15,0	16,1	15,0	16,2	12,2	12,5	15,5	16,4	15,3	16,0	12,5	12,2	15,3	16,3	15,2	16,1
Linhagens	Linhage	ens <i>per se</i>	× Sinte	ético IG3	× Linl	nagem 23	Linhag	ens per se	× Sinte	ético IG3	× Linl	nagem 23	Linhag	ens <i>per se</i>	× Sinte	ético IG3	× Linh	agem 23
BR106:	o	m	o	m	0	m	0	m	0	m	0	m	o	m	o	m	o	m
03-5B	13,1	11,8	17,6	17,8	17,4	17,2	12,6	12,5	16,4	15,7	16,5	17,5	12,8	12,2	17,0	16,8	16,9	17,4
06-3A	11,0	10,1	15,9	16,0	16,6	16,9	12,6	10,7	14,6	14,6	14,7	16,0	11,8	10,4	15,3	15,3	15,7	16,5
08-1A	11,8	12,6	18,2	17,4	17,5	18,4	13,1	12,9	17,3	16,4	16,7	17,3	12,4	12,7	17,7	16,9	17,1	17,9
08-2A	11,7	11,2	16,2	17,8	18,7	18,1	12,4	12,2	16,4	16,4	16,3	17,4	12,1	11,7	16,3	17,1	17,5	17,8
14-4B	14,4	13,3	15,7	17,3	16,3	16,4	13,5	12,7	15,8	15,7	17,2	15,9	13,9	13,0	15,7	16,5	16,7	16,2
24-7B	13,0	11,6	16,5	16,5	15,6	16,7	13,9	12,6	15,7	16,7	16,6	15,1	13,4	12,1	16,1	16,6	16,1	15,9
28-1 A	13,0	10,8	15,1	15,8	15,1	14,3	11,8	11,2	13,4	15,8	15,6	15,5	12,4	11,0	14,2	15,8	15,4	14,9
29-7B	10,3	11,0	16,2	16,5	16,5	17,1	11,3	11,5	16,2	16,4	17,4	15,0	10,8	11,2	16,2	16,5	16,9	16,0
37-5B	11,5	13,7	16,6	16,9	17,0	16,5	12,3	14,7	16,1	17,1	16,4	16,3	11,9	14,2 *	16,3	17,0	16,7	16,4
44-1B	12,2	10,7	18,1	16,3	16,3	18,3	13,6	13,6	17,9	16,4	17,6	16,2	12,9	12,2	18,0	16,4	16,9	17,3
Testemunha	s:												-					
Pop. BR105	i			15	5,5					1	6,5					10	5,0	
Pop. BR106	i			16	5,1					1	6,5					10	5,3	
Sint. IG3				15	5,7					1	6,5					10	5,1	
Sint. IG4				15	5,1					1-	4,6					14	1,9	
H Z8392				16	5,3					1	5,2					15	5,7	
H Z8452				17	7,7					1	7,5					17	7,6	
H Z8486				15	5,6					1	5,9					15	5,7	
H AG3010				16	5,4					1	6,3					10	5,3	
H AG9014				14	1,3					1-	4,5					14	1,4	

^{*} p<0,000475 pela Correção de Bonferroni. o e m referem-se às linhagens parcialmente endogâmicas S3 originais e mantidas, respectivamente.

Tabela 23-A. Comparação de médias do diâmetro da espiga (cm) entre linhagens parcialmente endogâmicas (S₃) nas suas versões original e mantida, pertencentes a duas populações de milho, avaliadas a nível *per se* e através dos seus cruzamentos com dois testadores heteróticos (um sintético e uma linhagem elite).

			A	reão					Cat	erpillar					Me	<u>idias</u>		
Linhagens	Linhag	ens <i>per se</i>	× Sint	ético IG4	× Lin	hagem 14	Linhag	ens <i>per se</i>	× Sint	ético IG4	×Linh	nagem 14	Linhas	ens <i>per se</i>	× Sint	ético IG4	× Linl	nagem 14
BR105:	0	m	0	m	o	m	o	m	0	m	o	m	o	m	o	m	0	m
01-4B	3,8	3,7	4,4	4,4	4,3	4,3	3,9	4,1	4,1	4,1	4,0	4,2	3,9	3,9	4,2	4,2	4,1	4,2
05-2A	3,7	3,8	4,5	4,4	4,4	4,2	4,0	3,8	4,4	4,2	4,0	4,0	3,9	3,8	4,4	4,3	4,2	4,1
17-1A	3,9	3,9	4,6	4,8	4,6	4,4	4,2	4,2	4,1	4,0	4,1	4,5	4,1	4,1	4,4	4,4	4,3	4,5
18-6A	4,4	3,8	4,9	5,0	4,3	4,6	4,5	4,5	4,3	4,7	4,1	4,5	4,5	4,1	4,6	4,8	4,2	4,6
19-1B	4,0	3,9	4,8	4,8	4,5	4,5	3,8	3,9	4,7	4,7	4,3	4,1	3,9	3,9	4,7	4,7	4,4	4,3
23-2B	3,3	4,0	4,7	4,7	4,4	4,4	3,3	3,6	4,4	4,3	4,2	4,2	3,3	3,8 *	4,5	4,5	4,3	4,3
33-5B	3,5	3,3	4,5	4,6	4,4	4,5	3,3	4,1 *	4,7	4,5	4,0	4,3	3,4	3,7	4,6	4,6	4,2	4,4
34-2B	4,0	3,8	4,7	4,8	4,4	4,5	3,8	3,8	4,8	4,6	4,4	4,6	3,9	3,8	4,8	4,7	4,4	4,5
Linhagens	Linhag	ens <i>per se</i>	× Sint	ético IG3	× Lin	hagem 23	Linhag	ens <i>per se</i>	× Sint	ético IG3	× Lin	hagem 23	Linhag	ens <i>per se</i>	× Sint	ético IG3	× Linl	nagem 23
BR106:	0	m	0	m	o	m	o	m	0	m	o	m	0	m	o	m	0	m
03-5B	3,2	3,1	4,5	4,5	4,5	4,4	3,1	3,4	4,6	4,1	4,3	4,6	3,1	3,3	4,5	4,3	4,4	4,5
06-3A	3,4	3,3	4,6	4,7	4,7	4,6	3,4	3,5	4,2	4,4	4,2	4,1	3,5	3,4	4,4	4,5	4,4	4,3
08-1A	3,4	3,4	4,6	4,8	4,6	4,5	3,6	3,6	4,5	4,2	4,5	4,4	3,5	3,5	4,5	4,5	4,5	4,4
08-2A	3,6	3,5	4,6	4,7	4,7	4,6	3,8	3,6	4,3	4,7	4,6	4,4	3,8	3,6	4,5	4,7	4,6	4,5
14-4B	3,6	3,3	4,3	4,6	4,4	4,6	3,4	3,6	4,3	4,2	4,3	4,4	3,5	3,4	4,3	4,4	4,4	4,5
24-7B	3,8	3,8	4,7	4,5	4,8	4,6	4,0	3,8	4,1	4,3	4,5	4,6	3,9	3,8	4,4	4,4	4,7	4,6
28-1A	4,4	4,1	5,0	5,1	4,7	5,2	4,4	4,1	4,8	4,9	4,8	4,9	4,4	4,1	4,9	5,0	4,8	5,1
29-7B	3,8	3,7	4,9	4,5	4,8	4,7	3,6	3,5	4,7	4,5	4,6	4,6	3,7	3,6	4,8	4,5	4,7	4,6
37-5B	3,9	4,0	4,6	4,9	4,6	4,8	4,1	3,9	4,2	4,8	4,5	4,4	4,0	3,9	4,4	4,8	4,6	4,6
44-1B	3,7	3,3	4,7	4,8	4,6	4,6	3,8	3,8	4,8	4,5	4,5	4,7	3,8	3,6	4,7	4,6	4,6	4,7
Testemunha	ıs:																	
Pop. BR105	5			4	,3					4	,2					4	,3	
Pop. BR106	5			4	,7					4	,7					4	,7	
Sint. IG3				4	,6					4	,4					4	,5	
Sint. IG4				4	,2					4	,1					4	,2	
H Z8392				4	,9					4	,5					4	,7	
H Z8452				4	,4					4	,4					4	,4	
H Z8486				4	,7					4	,6					4	,6	
H AG3010				4	,7					4	,3					4	,5	
H AG9014				5	,0					4	,7					4	,9	

^{*} p < 0,000475 pela Correção de Bonferroni. o e m referem-se às linhagens parcialmente endogâmicas S3 originais e mantidas, respectivamente.

Tabela 24-A. Comparação de médias do número de fileiras por espiga entre linhagens parcialmente endogâmicas (S₃) nas suas versões original e mantida, pertencentes a duas populações de milho, avaliadas a nível *per se* e através dos seus cruzamentos com dois testadores heteróticos (um sintético e uma linhagem elite).

			A	reão					Cate	rpillar					Mé	dias		
Linhagens	Linhage	ens <i>per se</i>	× Sinte	ético IG4	× Linh	nagem 14	Linhag	ens <i>per se</i>	× Sinte	ético IG4	×Linh	agem 14	Linhag	ens <i>per se</i>	× Sinte	tico IG4	× Linh	nagem 14
BR105:	0	m	0	m	o	m	0	m	0	m	0	m	0	m	0	m	0	m
01-4B	13,2	13,2	12,1	13,0	10,7	11,1	14,4	13,8	13,7	13,2	11,6	12,2	13,8	13,5	12,9	13,1	11,2	11,7
05-2A	10,6	11,4	12,7	11,6	10,6	10,6	12,6	12,0	12,4	12,4	12,0	11,6	11,6	11,7	12,6	12,0	11,3	11,1
17-1A	14,6	14,6	13,6	14,4	12,3	12,3	16,0	15,8	14,0	14,0	11,4	13,2	15,3	15,2	13,8	14,2	11,8	12,8
18-6A	17,8	17,2	14,3	14,2	11,6	13,2	17,6	19,0	15,0	15,3	12,8	13,4	17,7	18,1	14,6	14,7	12,2	13,3
19-1B	11,0	11,8	12,6	12,6	10,3	10,5	11,2	11,6	12,6	13,4	11,0	12,2	11,1	11,7	12,6	13,0	10,7	11,3
23-2B	11,4	11,8	12,8	12,0	10,5	10,0	11,2	11,4	13,4	13,6	11,0	11,4	11,3	11,6	13,1	12,8	10,8	10,7
33-5B	13,0	11,2	12,4	13,0	11,3	10,6	11,6	11,6	13,4	13,2	10,6	11,4	12,3	11,4	12,9	13,1	10,9	11,0
34-2B	15,4	14,6	13,8	13,3	11,1	11,4	15,6	14,4	14,0	13,7	12,8	12,2	15,5	14,5	13,9	13,5	11,9	11,8
Linhagens	Linhage	ens <i>per se</i>	× Sinte	ético IG3	× Linl	nagem 23	Linhag	ens per se	× Sinte	ético IG3	× Linl	nagem 23	Linhag	ens <i>per se</i>	× Sinte	tico IG3	× Linh	nagem 23
BR106:	0	m	o	m	0	m	0	m	o	m	0	m	o	m	o	m	0	m
03-5B	10,4	10,2	12,4	12,6	11,4	11,5	10,4	10,4	13,4	12,6	11,8	12,8	10,4	10,3	12,9	12,6	11,6	12,2
06-3A	11,2	10,8	12,7	13,3	12,0	11,7	11,6	11,8	13,0	13,8	13,0	12,6	11,4	11,3	12,9	13,6	12,5	12,2
08-1A	12,6	12,8	13,0	14,0	12,2	12,2	12,8	12,4	13,8	13,8	13,2	13,6	12,7	12,6	13,4	13,9	12,7	12,9
08-2A	12,6	12,4	13,9	13,5	12,6	11,9	13,2	13,0	14,2	15,4	13,6	13,3	12,9	12,7	14,0	14,4	13,1	12,6
14-4B	8,4	8,8	11,2	11,7	10,1	11,1	8,4	8,8	13,1	12,2	11,5	11,8	8,4	8,8	12,2	12,0	10,8	11,5
24-7B	14,4	13,4	14,4	13,5	13,6	12,7	14,0	14,0	14,4	14,6	14,0	14,2	14,2	13,7	14,4	14,1	13,8	13,5
28-1 A	14,2	14,4	14,2	14,1	13,1	13,9	14,2	14,2	15,4	15,8	14,0	14,6	14,2	14,3	14,8	14,9	13,6	14,2
29-7B	11,8	11,4	13,4	11,8	12,7	11,8	10,6	10,4	13,2	13,2	11,4	12,7	11,2	10,9	13,3	12,5	12,1	12,3
37-5B	13,4	13,0	12,9	14,1	12,3	12,7	13,4	12,8	14,0	14,0	13,0	13,4	13,4	12,9 *	13,4	14,0	12,6	13,0
44-1B	12,6	11,0	13,0	12,7	11,5	11,5	12,8	11,4	13,8	13,0	13,0	13,2	12,7	11,2	13,4	12,9	12,2	12,3
Testemunha	s:																	
Pop. BR105				14	1,1					14	1,7					14	1,4	
Pop. BR106				13	3,4					14	4,3					13	3,8	
Sint. IG3				14	1,7					14	4,4					14	1,5	
Sint. IG4				11	,3					12	2,8					12	2,1	
H Z8392				14	1,7					15	5,9					15	5,3	
H Z8452				12	2,1					13	3,8					13	3,0	
H Z8486				14	1,2					14	4,2					14	1,2	
H AG3010				12	2,3					13	3,2					12	2,8	
H AG9014				15	5,5					10	5,1					15	5,8	

^{*} p < 0,000475 pela Correção de Bonferroni. o e m referem-se às linhagens parcialmente endogâmicas S3 originais e mantidas, respectivamente.

Tabela 25-A. Comparação de médias do número de grãos por fileira entre linhagens parcialmente endogâmicas (S₃) nas suas versões original e mantida, pertencentes a duas populações de milho, avaliadas a nível *per se* e através dos seus cruzamentos com dois testadores heteróticos (um sintético e uma linhagem elite).

			A	reão					Cate	rpillar					Mé	dias		
Linhagens	Linhag	ens <i>per se</i>	× Sinte	ético IG4	× Linl	nagem 14	Linhag	ens <i>per se</i>	× Sinte	ético IG4	×Linh	agem 14	Linhag	ens <i>per se</i>	× Sinte	tico IG4	× Linh	nagem 14
BR105:	o	m	o	m	o	m	0	m	0	m	0	m	0	m	o	m	o	m
01-4B	28,0	26,5	38,9	40,8	38,5	37,9	27,5	32,1	35,8	37,0	34,9	34,0	27,8	29,3	37,3	38,9	36,7	36,0
05-2A	28,9	28,6	39,0	41,0	39,0	37,4	34,6	30,6	38,1	37,8	34,8	36,2	31,8	29,6	38,6	39,4	36,9	36,8
17-1A	22,9	24,8	37,3	31,7	30,0	33,9	24,5	24,6	34,7	35,3	33,9	34,9	23,7	24,7	36,0	33,5	31,9	34,4
18-6A	23,3	19,3	35,4	36,4	33,3	31,9	23,9	23,9	36,6	36,6	32,5	35,5	23,6	21,6	36,0	36,5	32,9	33,7
19-1B	21,3	23,2	38,4	33,9	36,6	36,0	23,4	22,8	35,8	34,8	34,1	33,1	22,4	23,0	37,1	34,3	35,3	34,5
23-2B	18,6	28,1	36,2	36,7	36,9	35,6	23,4	25,7	38,1	36,3	34,5	35,3	21,0	26,9	37,2	36,5	35,7	35,5
33-5B	23,8	19,4	40,2	38,8	38,6	34,5	23,2	25,5	42,2	38,5	35,6	35,4	23,5	22,5	41,2	38,6	37,1	35,0
34-2B	21,9	22,9	35,9	36,4	34,4	36,6	27,2	26,2	35,8	38,5	36,6	36,7	24,6	24,6	35,8	37,5	35,5	36,6
Linhagens	Linhag	ens per se	× Sinte	ético IG3	× Linl	nagem 23	Linhag	ens per se	× Sinte	ético IG3	× Linl	nagem 23	Linhag	ens <i>per se</i>	× Sinte	tico IG3	× Linh	nagem 23
BR106:	0	m	o	m	0	m	0	m	0	m	0	m	o	m	o	m	o	m
03-5B	22,4	22,7	40,5	40,6	39,6	40,5	20,7	23,4	36,1	34,4	37,6	38,7	21,6	23,1	38,3	37,5	38,6	39,6
06-3A	24,9	20,9	37,5	36,1	38,6	38,7	25,1	25,0	32,8	33,4	36,3	39,1	25,0	23,0	35,1	34,7	37,4	38,9
08-1A	22,9	25,1	41,2	38,7	42,2	40,5	28,9	29,1	37,6	38,4	36,7	38,8	25,9	27,1	39,4	38,6	39,5	39,7
08-2A	24,6	23,6	34,5	41,0	42,2	39,8	23,6	23,4	36,2	36,0	35,6	38,6	24,1	23,5	35,4	38,5	38,9	39,2
14-4B	30,3	28,1	36,0	38,1	38,1	36,6	29,5	28,0	34,2	34,0	35,9	36,6	29,9	28,1	35,1	36,0	37,0	36,6
24-7B	27,3	22,8	36,8	37,6	38,5	40,7	30,8	26,3	38,2	39,1	36,7	36,3	29,1	24,6	37,5	38,4	37,6	38,5
28-1A	23,5	21,1	34,4	35,6	35,5	32,0	23,5	22,4	30,9	35,0	35,3	34,7	23,5	21,8	32,6	35,3	35,4	33,4
29-7B	20,0	20,1	34,9	34,0	37,6	38,9	21,1	19,5	35,6	35,0	39,5	34,6	20,6	19,8	35,3	34,5	38,5	36,7
37-5B	23,5	32,0	34,5	37,4	37,1	37,7	26,2	31,4	37,8	34,4	35,9	36,5	24,9	31,7	36,2	35,9	36,5	37,1
44-1B	23,9	20,6	36,9	36,8	37,8	41,0	27,3	27,6	36,5	36,5	38,1	37,3	25,6	24,1	36,7	36,6	38,0	39,1
Testemunha	ıs:												-					
Pop. BR105	i			37	7,7					3.	5,8					30	5,8	
Pop. BR106	5			39	9,9					3	8,9					39	0,4	
Sint. IG3				33	3,5					3	5,8					35	5,2	
Sint. IG4				34	1,9					3.	5,6					35	5,2	
H Z8392				34	1,9					3	6,4					35	5,7	
H Z8452				38	3,2					3	9,1					38	3,6	
H Z8486				36	5,4					3	7,8					37	7,1	
H AG3010				37	7,9					3	6,2					37	7,0	
H AG9014				31	1,7					3	3,6					32	2,6	

o e m referem-se às linhagens parcialmente endogâmicas S_3 , originais e mantidas, respectivamente.

Tabela 26-A. Valores médios de similaridade genética, segundo o índice de Jaccard através de 1000 bootstrap, estabelecidos entre 8 linhagens S₃ originais (o) e suas correspondentes linhagens S₃ mantidas (m), pertencentes à população BR-105. Os valores foram obtidos a partir de 109 bandas de marcadores moleculares do tipo AFLP.

Linhagens	01-4B(o)	05-2A(o)	17-1A(o)	18-6A(o)	19-1B(o)	23-2B(o)	33-5B(o)	34-2B(o)	01-4B(m)	05-2A(m)	17-1A(m)	18-6A(m)	19-1B(m)	23-2B(m)	33-5B(m)	34-2B(m)
01-4B (o)	1															
05-2A (o)	0,5577	1														
17-1A (o)	0,4901	0,4370	1													
18-6A (o)	0,4967	0,5365	0,4693	1												
19-1B (o)	0,4886	0,5517	0,4633	0,5091	1											
23-2B (o)	0,4990	0,4593	0,4488	0,4335	0,4928	1										
33-5B (o)	0,5352	0,4705	0,4608	0,3846	0,4814	0,7730	1									
34-2B (o)	0,4685	0,4530	0,6605	0,4478	0,4622	0,4061	0,4146	1								
01-4B (m)	0,8383	0,5181	0,5134	0,4777	0,4691	0,5213	0,5346	0,5553	1							
05-2A (m)	0,5352	0,8518	0,4351	0,4956	0,5533	0,4041	0,4139	0,4719	0,5360	1						
17-1A (m)	0,4696	0,4370	0,9606	0,4488	0,4632	0,4487	0,4389	0,6605	0,5132	0,4535	1					
18-6A (m)	0,4898	0,5293	0,4624	0,9456	0,5245	0,4470	0,3791	0,4413	0,4904	0,5283	0,4623	1				
19-1B (m)	0,5175	0,5804	0,4941	0,5168	0,9221	0,5232	0,4894	0,4930	0,5184	0,6041	0,5165	0,5541	1			
23-2B (m)	0,5211	0,4792	0,4713	0,4544	0,4923	0,9586	0,7722	0,4273	0,5221	0,4048	0,4496	0,4478	0,5241	1		
33-5B (m)	0,5428	0,4782	0,4697	0,3937	0,4666	0,7763	0,9577	0,4239	0,5648	0,4402	0,4696	0,4068	0,5206	0,7774	1	
34-2B (m)	0,4496	0,4354	0,6342	0,4289	0,4418	0,4261	0,3950	0,9620	0,5562	0,4727	0,6616	0,4422	0,4940	0,4269	0,4248	1

Tabela 27-A. Coeficientes de variação (em % acima da diagonal) e intervalos de confiança para os valores médios de similaridade genética, segundo o índice de Jaccard através de 1000 bootstrap, estabelecidos entre 8 linhagens S₃ originais (o) e suas correspondentes linhagens S₃ mantidas (m), pertencentes à população BR-105. Os valores foram obtidos a partir de 109 bandas de marcadores moleculares do tipo AFLP.

Linhagens	01-4B(o)	05-2A(o)	17-1A(o)	18-6A(o)	19-1B(o)	23-2B(o)	33-5B(o)	34-2B(o)	01-4B(m)	05-2A(m)	17-1A(m)	18-6A(m)	19-1B(m)	23-2B(m)	33-5B(m)	34-2B(m)
01-4B (o)		10,61	11,90	12,25	12,45	11,69	11,37	12,26	5,47	10,89	12,05	12,42	11,75	11,35	11,21	12,58
05-2A (o)	0,4375 0,6773		12,32	11,18	10,72	12,70	12,39	12,49	11,09	4,98	12,32	11,34	10,48	12,17	12,19	12,58
17-1A(o)	0,3732 0,6210	0,3314 0,5613		12,61	13,48	13,55	13,73	9,33	11,69	12,38	2,75	12,61	12,31	13,08	13,12	9,59
18-6A (o)	0,3846 0,6364	0,4276 0,6812	0,3562 0,6030		11,79	13,84	15,38	12,83	12,21	11,59	12,80	3,17	11,61	13,20	15,03	13,19
19-1B (o)	0,3712 0,6277	0,4306 0,6854	0,3427 0,6046	0,3984 0,6522		12,99	13,46	12,98	12,61	10,69	13,31	11,44	4,06	13,01	13,72	13,20
23-2B (o)	0,3856 0,6467	0,3423 0,5894	0,3280 0,5924	0,3200 0,5694	0,3636 0,6464		7,43	14,57	11,02	13,78	13,56	13,42	12,09	2,95	7,29	14,28
33-5B (o)	0,4160 0,6742	0,3514 0,6096	0,3381 0,6031	0,2747 0,5305	0,3555 0,6312	0,6574 0,9048		14,67	11,38	13,45	13,86	15,61	13,08	7,44	3,13	15,19
34-2B (o)	0,3557 0,6040	0,3416 0,5869	0,5391 0,7966	0,3381 0,5845	0,3423 0,6032	0,2913 0,5488	0,2958 0,5633		10,34	11,99	9,33	13,02	12,17	14,04	13,96	2,94
01-4B (m)	0,7384 0,9365	0,4027 0,6527	0,3955 0,6562	0,3666 0,6196	0,3550 0,6042	0,4031 0,6490	0,4095 0,6763	0,4444 0,6935		10,55	11,53	11,89	11,57	11,17	10,77	10,33
05-2A (m)	0,4136 0,6624	0,7629 0,9429	0,3375 0,5761	0,3875 0,6260	0,4366 0,6935	0,2941 0,5321	0,3026 0,5455	0,3590 0,6038	0,4222 0,6710		12,28	11,04	9,93	13,75	12,85	11,97
17-1A (m)	0,3581 0,5960	0,3374 0,5576	0,9038 1,0000	0,3356 0,5793	0,3443 0,6015	0,3333 0,5982	0,3178 0,5769	0,5333 0,8000	0,4000 0,6504	0,3506 0,5903		12,80	12,09	13,53	13,13	9,32
18-6A (m)	0,3775 0,6345	0,4167 0,6846	0,3467 0,5940	0,8776 1,0000	0,4095 0,6690	0,3333 0,5903	0,2707 0,5176	0,3333 0,5735	0,3784 0,6301	0,4156 0,6667	0,3404 0,5928		10,98	13,40	14,75	13,19
19-1B (m)	0,3973 0,6573	0,4571 0,7221	0,3692 0,6345	0,4058 0,6621	0,8431 1,0000	0,3937 0,6769	0,3652 0,6355	0,3730 0,6312	0,4043 0,6501	0,4855 0,7446	0,3898 0,6614	0,4379 0,6957		12,22	12,30	12,31
23-2B (m)	0,4082 0,6689	0,3642 0,6081	0,3526 0,6232	0,3401 0,5943	0,3667 0,6429	0,8942 1,0000	0,6549 0,8953	0,3139 0,5649	0,4079 0,6590	0,2930 0,5329	0,3241 0,6028	0,3333 0,5884	0,3969 0,6690		7,28	14,05
33-5B (m)	0,4222 0,6884	0,3608 0,6159	0,3460 0,6115	0,2857 0,5420	0,3438 0,6167	0,6605 0,8973	0,8864 1,0000	0,3115 0,5695	0,4397 0,7099	0,3374 0,5752	0,3482 0,6069	0,2973 0,5510	0,3910 0,6642	0,6638 0,9073		14,12
34-2B (m)	0,3431 0,5886	0,3290 0,5664	0,5152 0,7795	0,3194 0,5625	0,3245 0,5748	0,3151 0,5735	0,2742 0,5454	0,8966 1,0000	0,4437 0,6923	0,3631 0,6051	0,5397 0,8086	0,3283 0,5735	0,3730 0,6440	0,3117 0,5682	0,3066 0,5674	

Tabela 28-A. Valores médios de similaridade genética estabelecidos entre 20 linhagens S₃, originais (o) e suas correspondentes linhagens S₅ mantidas (m), pertencentes à população BR-106, a partir de 109 bandas de marcadores moleculares do tipo AFLP, segundo o índice de Jaccard através de 1000 bootstrap.

Linhagens	03-5B	06-3A	08-1A	08-2A	14-4B	24-7B	28-1A	29-7B	37-5B	44-1B	03-5B	06-3A	08-1A	08-2A	14-4B	24-7B	28-1A	29-7B	37-5B	44-1B
Limagens	(o)	(0)	(0)	(0)	(0)	(o)	(0)	(o)	(o)	(o)	(m)	(m)								
03-5B (o)	1																			
06-3A(o)	0,4195	1																		
08-1A(o)	0,3332	0,5448	1																	
08-2A(o)	0,3027	0,5072	0,9441	1																
14-4B (o)	0,3765	0,4252	0,4993	0,4623	1															
24-7B (o)	0,3337	0,5000	0,7606	0,7740	0,5214	1														
28-1A(o)	0,3402	0,4512	0,4824	0,4456	0,4509	0,4584	1													
29-7B (o)	0,3162	0,4185	0,3155	0,3020	0,3207	0,3326	0,4030	1												
37-5B (o)	0,3609	0,5434	0,7418	0,6996	0,5196	0,6632	0,4012	0,3775	1											
44-1B (o)	0,3209	0,4780	0,7238	0,6811	0,5446	0,6684	0,4394	0,3560	0,8812	1										
03-5B (m)	0,9018	0,4460	0,3552	0,3236	0,4018	0,3557	0,3641	0,3379	0,3828	0,3418	1									
06-3A (m)	0,3941	0,9066	0,5138	0,4778	0,4193	0,4712	0,4447	0,4330	0,5356	0,4714	0,4193	1								
08-1A (m)	0,3324	0,5214	0,9621	0,9452	0,4766	0,7613	0,4599	0,2981	0,7144	0,6961	0,3365	0,5130	1							
08-2A (m)	0,3156	0,4999	0,9270	0,9812	0,4557	0,7612	0,4392	0,2982	0,6891	0,6707	0,3193	0,4919	0,9636	1						
14-4B (m)	0,3743	0,4409	0,4918	0,4565	0,9216	0,5127	0,4683	0,3578	0,5116	0,5350	0,3791	0,4549	0,4910	0,4705	1					
24-7B (m)	0,3421	0,4858	0,7358	0,7484	0,5059	0,9633	0,4452	0,3240	0,6687	0,6739	0,3463	0,4996	0,7647	0,7646	0,5194	1				
28-1A (m)	0,3820	0,4479	0,5205	0,4848	0,4684	0,4969	0,8656	0,4236	0,4574	0,4771	0,3869	0,4828	0,5197	0,4987	0,5053	0,5252	1			
29-7B (m)	0,3117	0,4129	0,3290	0,3155	0,3349	0,3462	0,4183	0,9401	0,3907	0,3694	0,3335	0,4473	0,3283	0,3283	0,3905	0,3545	0,4582	1		
37-5B (m)	0,3894	0,5939	0,6625	0,6250	0,5051	0,5937	0,4128	0,4054	0,8608	0,7587	0,3939	0,6074	0,6617	0,6389	0,5175	0,6213	0,4846	0,4362	1	
44-1B (m)	0,3205	0,4776	0,6965	0,6822	0,5441	0,6694	0,3993	0,3379	0,8505	0,9298	0,3414	0,4710	0,6972	0,6717	0,5346	0,6749	0,4572	0,3511	0,7582	1
	1																			

Tabela 29-A. Coeficientes de variação (em %, acima da diagonal) e intervalos de confiança para os valores médios de similaridade genética, segundo o índice de Jaccard através de 1000 bootstrap, estabelecidos entre 8 linhagens S3 originais (o) e suas correspondentes linhagens S3 mantidas (m), pertencentes à população BR106. Os valores foram obtidos a partir de 109 bandas de marcadores moleculares do tipo AFLP.

Linhagens	03-5B(o)	06-3A(o)	08-1A(o)	08-2A(o)	14-4B(o)	24-7B(o)	28-1A(o)	29-7B(o)	37-5B(o)	44-1B(o)	03-5B(m)	06-3A(m)	08-1A(m)	08-2A(m)	14-4B(m)	24-7B(m)	28-1A(m)	29-7B(m)	37-5B(m)	44-1B(m)
03-5B (o)		14,10	16,16	16,85	14,79	15,86	16,10	17,03	14,92	16,49	4,44	14,58	15,92	16,46	14,39	15,74	14,81	16,98	13,83	16,21
06-3A (o)	0,3060 0,5649		11,46	12,15	14,31	11,83	13,48	13,93	11,04	12,38	13,64	4,41	11,67	12,17	13,42	12,00	13,21	13,91	9,96	12,21
08-1A (o)	0,2323 0,4643	0,4254 0,6793		3,35	12,51	7,32	12,61	17,07	7,74	7,94	15,93	12,15	2,75	3,74	12,37	7,57	11,53	16,65	8,93	8,25
08-2A (o)	0,2050 0,4345	0,3924 0,6435	0,8727 1,0000		13,16	6,96	13,65	17,52	8,46	8,81	16,64	12,90	3,17	1,77	13,14	7,32	12,38	17,07	9,47	8,80
14-4B (o)	0,2657 0,5034	0,3130 0,5758	0,3810 0,6379	0,3457 0,6043		11,67	13,85	17,64	11,71	11,61	14,30	14,51	12,76	13,17	4,06	11,86	12,99	17,15	11,71	11,33
24-7B (o)	0,2329 0,4595	0,3835 0,6370	0,6508 0,8833	0,6718 0,8973	0,3988 0,6615		12,91	16,74	9,17	8,85	15,65	12,37	7,19	7,07	11,54	2,54	11,73	16,34	9,96	8,71
28-1A (o)	0,2343 0,4701	0,3333 0,6016	0,3559 0,6117	0,3282 0,5879	0,3280 0,5966	0,3433 0,5905		14,68	14,10	13,27	16,01	13,86	13,05	13,66	13,16	13,10	5,54	14,14	13,49	14,17
29-7B (o)	0,2109 0,4366	0,3130 0,5474	0,2177 0,4423	0,2028 0,4360	0,2168 0,4519	0,2302 0,4565	0,2825 0,5362		14,75	15,64	16,74	13,47	17,43	17,43	16,30	16,91	13,56	3,68	13,28	16,21
37-5B (o)	0,2578 0,4896	0,4262 0,6797	0,6230 0,8730	0,5798 0,8346	0,4060 0,6718	0,5482 0,8062	0,2911 0,5335	0,2708 0,5098		4,68	14,54	10,89	8,16	8,59	11,73	8,97	12,37	14,25	4,93	5,39
44-1B (o)	0,2215 0,4432	0,3623 0,6148	0,6050 0,8604	0,5645 0,8240	0,4203 0,6968	0,5581 0,8030	0,3261 0,5725	0,2485 0,4900	0,8000 0,9677		16,02	12,37	8,38	8,82	11,52	8,65	11,86	15,07	6,85	3,73
03-5B (m)	0,8191 0,9816	0,3311 0,5986	0,2483 0,4927	0,2231 0,4581	0,2803 0,5318	0,2432 0,4898	0,2516 0,5079	0,2302 0,4686	0,2722 0,5180	0,2368 0,4802		14,11	16,28	16,57	14,69	15,82	15,07	16,69	13,91	15,77
06-3A (m)	0,2812 0,5274	0,8218 0,9826	0,3934 0,6556	0,3588 0,6207	0,3030 0,5725	0,3538 0,6109	0,3226 0,5873	0,3194 0,5600	0,4203 0,6643	0,3555 0,6087	0,3083 0,5704		12,02	12,70	13,37	11,67	12,43	13,04	9,60	12,20
08-1A (m)	0,2307 0,4675	0,4085 0,6536	0,9091 1,0000	0,8774 1,0000	0,3617 0,6190	0,6545 0,8814	0,3382 0,6000	0,2000 0,4285	0,6016 0,8548	0,5848 0,8413	0,2337 0,4722	0,3915 0,6525		2,75	12,39	7,04	11,55	16,68	8,94	8,24
08-2A (m)	0,2162 0,4480	0,3862 0,6346	0,8545 1,0000	0,9434 1,0000	0,3381 0,5968	0,6538 0,8814	0,3231 0,5839	0,2012 0,4295	0,5726 0,8273	0,5565 0,8130	0,2187 0,4482	0,3714 0,6312	0,9048 1,0000		12,93	7,04	12,03	16,68	9,26	8,81
14-4B (m)	0,2643 0,5000	0,3245 0,5809	0,3779 0,6299	0,3381 0,5942	0,8431 1,0000	0,3986 0,6480	0,3443 0,6176	0,2534 0,4857	0,4000 0,6617	0,4114 0,6917	0,2647 0,5064	0,3404 0,6033	0,3760 0,6344	0,3542 0,6098		11,39	12,04	15,36	11,43	11,38
24-7B (m)	0,2397 0,4726	0,3688 0,6240	0,6259 0,8609	0,6435 0,8720	0,3881 0,6452	0,9091 1,0000	0,3311 0,5814	0,2230 0,4507	0,5530 0,8125	0,5593 0,8092	0,2372 0,4763	0,3841 0,6382	0,6581 0,8840	0,6606 0,8833	0,4042 0,6547		11,10	16,20	9,39	8,51
28-1A (m)	0,2745 0,5154	0,3288 0,5914	0,3971 0,6483	0,3688 0,6241	0,3496 0,6172	0,3846 0,6357	0,7685 0,9608	0,3139 0,5538	0,3540 0,5879	0,3691 0,6030	0,2774 0,5373	0,3684 0,6246	0,3974 0,6515	0,3841 0,6332	0,3857 0,6497	0,4104 0,6575		12,91	11,49	12,18
29-7B (m)	0,2098 0,4375	0,3093 0,5359	0,2250 0,4599	0,2125 0,4487	0,2313 0,4706	0,2388 0,4743	0,3040 0,5578	0,8647 1,0000	0,2781 0,5247	0,2571 0,5000	0,2279 0,4726	0,3380 0,5879	0,2222 0,4650	0,2229 0,4586	0,2792 0,5278	0,2465 0,4831	0,3433 0,6029		12,56	15,60
37-5B (m)	0,2821 0,5130	0,4785 0,7361	0,5423 0,8013	0,5133 0,7664	0,3942 0,6459	0,4848 0,7311	0,2960 0,5563	0,2994 0,5297	0,7730 0,9441	0,6462 0,8751	0,2895 0,5329	0,4925 0,7414	0,5429 0,7986	0,5211 0,7780	0,4068 0,6573	0,5070 0,7591	0,3758 0,6193	0,3291 0,5608		6,85
44-1B (m)	0,2186 0,4459	0,3666 0,6198	0,5781 0,8347	0,5652 0,8203	0,4167 0,6893	0,5563 0,8015	0,2867 0,5305	0,2338 0,4706	0,7500 0,9512	0,8536 1,0000	0,2368 0,4724	0,3621 0,6149	0,5772 0,8396	0,5565 0,8079	0,4154 0,6846	0,5597 0,8122	0,3475 0,5867	0,2436 0,4810	0,6518 0,8760	