**ANÁLISE DA INTERAÇÃO GENÓTIPO X AMBIENTE
ASSISTIDA POR MARCADORES MOLECULARES EM
MILHO (*Zea mays* L.)**

Glauce Cristina Ricardo Rumin

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

P I R A C I C A B A
Estado de São Paulo – Brasil
Fevereiro – 2005

**ANÁLISE DA INTERAÇÃO GENÓTIPO X AMBIENTE
ASSISTIDA POR MARCADORES MOLECULARES EM
MILHO (*Zea mays* L.)**

Glauce Cristina Ricardo Rumin

Engenheira Agrônoma

Orientador: Prof. Dr. **Roland Vencovsky**

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

P I R A C I C A B A

Estado de São Paulo – Brasil

Fevereiro – 2005

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

Rumin, Glauce Cristina Ricardo

Análise da interação genótipo x ambiente assistida por marcadores moleculares em milho (*Zea mays* L.) / Glauce Cristina Ricardo Rumin. - - Piracicaba, 2005.
212 p.

Tese (Doutorado) - - Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, 2005.
Bibliografia.

1. Interação genótipo – Ambiente 2. Linhagem vegetal 3. Marcador molecular
4. Melhoramento genético vegetal 5. Milho 6. RFLP I. Título

CDD 633.15

AGRADECIMENTOS

Meus agradecimentos a todos que, com participações maiores ou menores, fizeram parte do meu dia a dia durante esse período de doutorado contribuindo para o resultado final que vai além da publicação de um trabalho, trazendo também amadurecimento, profissional e pessoal. Em especial, eu gostaria de agradecer:

Ao Prof. Dr. Roland Vencovsky, por ter aceitado meu pedido de orientação e por sua imensa contribuição para minha formação profissional, ao longo de todos esses anos de convívio.

Ao CNPQ, pela concessão da bolsa de doutorado.

Ao governo do Estado de São Paulo, que por meio dos cursos de Pós-Graduação das Universidades Públicas Paulistas, disponibiliza formação de qualidade para profissionais de todo o país.

Ao Dr. Joaquim A. Machado, por ter viabilizado o uso da base de dados utilizada neste trabalho de pesquisa, de propriedade da empresa Garst seeds, e pelo constante apoio e incentivo.

À Garts seeds, empresa de melhoramento genético sediada em Slater, Iowa, EUA, por ter permitido o uso dos dados de sua propriedade para a execução deste trabalho, especificamente.

Ao Corpo Docente do Departamento de Genética, pela grande contribuição na minha formação acadêmica.

Aos funcionários do Departamento de Genética, em especial à Léia, secretária do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas e à Glória, bibliotecária da Biblioteca Setorial do Departamento de Genética.

Aos colegas do Curso de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas, tanto pela amizade e companheirismo como pelo muito que pude aprender do contato com seus projetos e experiências profissionais, tão diversas das minhas.

Aos colegas da Alellyx Applied Genomics, pela amizade e principalmente pela paciência nos momentos finais deste trabalho, em especial ao Dr. Paulo Arruda, pela compreensão e apoio constante.

Aos meus pais e irmão, pelo incentivo inicial que me projetou de uma pequena cidade do interior paulista para o mundo da ciência.

Ao Augusto, pelo enorme apoio que muito facilitou a conclusão deste trabalho.

SUMÁRIO

	Página
LISTA DE FIGURAS	vii
LISTA DE TABELAS	viii
RESUMO	xvi
SUMMARY	xvii
1 INTRODUÇÃO	1
2 REVISÃO DE LITERATURA	3
2.1 Importância dos marcadores genéticos	3
2.2 Detecção de QTLs	5
2.2.1 Métodos utilizados na detecção de QTLs	5
2.2.1.1 Análise de marcas simples	6
2.2.1.2 Análises de regressão	7
2.2.1.3 Mapeamento por intervalo	8
2.2.1.4 Mapeamento por intervalo múltiplo	8
2.2.1.5 Mapeamento por intervalo composto	8
2.3 Utilização de marcadores moleculares no melhoramento de plantas	9
2.3.1 Caracterização de acessos e descrição de variedades	9
2.3.2 Mensuração de distâncias genéticas	10
2.3.3 Retrocruzamentos	12
2.3.4 Programas de pré-melhoramento	13
2.3.5 Seleção assistida por marcadores	15
2.4 Interação QTLs x ambientes	19
3 MATERIAL E MÉTODOS	36
3.1 Material	36
3.2 Métodos	41
3.2.1 Procedimentos de campo	41

	Página
3.2.2 Procedimentos de laboratório	41
3.2.3 Procedimentos biométricos	42
3.2.3.1 Análises preliminares	42
3.2.3.2 Cobertura do genoma pelas marcas utilizadas	44
3.2.3.3 Seleção de marcas associadas à produção de grãos	44
3.2.3.3.1 Definição dos valores fenotípicos dos homozigotos	45
3.2.3.3.2 Definição dos alelos favoráveis dos marcadores	47
3.2.3.3.3 Montagem dos arquivos de regressão	48
3.2.3.4 Cálculo do valor $\hat{p}$	50
3.2.3.5 Cálculo do índice de seleção de linhagens	52
3.2.3.6 Atribuição dos valores obtidos pelo índice para cada linhagem separadamente	57
3.2.3.7 Comparação entre o índice de seleção e os dados de campo na classificação de linhagens	59
4 RESULTADOS E DISCUSSÃO	63
4.1 Análises de variância	63
4.2. Seleção de marcas associadas ao caráter produtividade de grãos	70
4.2.1 Análise como todas as marcas simultaneamente	70
4.2.2 Análise por cromossomo	80
4.3 Aplicação do índice de seleção de linhagens	97
5 CONCLUSÕES	109
ANEXOS	110
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	190
APÊNDICE	202

LISTA DE FIGURAS

	Página
1 Base genética do testador 1 (T_1). Proporção de alelos originários de Lancaster Surecrop: > 75%	37
2 Base genética do testador 2 (T_2). Iodent	38
3 Base genética do testador 3 (T_3). Linhagens distintas de SSS, Lancaster, Reid-Krug, Early Butler, CMV ₃ e Midland, podendo pertencer ao grupo heterótico Iodent	38
4 Base genética do testador 4 (T_4). Proporção de alelos originários de Lancaster Surecrop: 50% < Lancaster < 75%	39
5 Seqüência de comandos no aplicativo SAS utilizados nas análises de regressão múltipla (<i>stepwise</i>)	49

LISTA DE TABELAS

	Página
1 Relação de locais de condução dos experimentos	40
2 Número de linhagens cruzadas em <i>topcross</i> e de testemunhas por experimento	40
3 Definição dos valores fenotípicos dos genótipos homozigóticos. Exemplo hipotético com nove linhagens e um marcador	46
4 Formato do arquivo de dados utilizado na análise de regressão	49
5 Esquema da análise de variância e esperanças dos quadrados médios relacionados ao cálculo do valor $\hat{p}$. Análise por local	49
5 Sequência de comandos no aplicativo SAS utilizados nas análises de regressão múltipla (<i>stepwise</i>)	51
6 Formato do arquivo gerado para cálculo do índice de seleção	56
7 Formato de arquivo de dados obtidos após a aplicação do índice de seleção	57
8 Formato do arquivo gerado para a obtenção das medidas $\overline{I_i}$ para cada linhagem separadamente a partir dos valores $I_{ii'}$	58

	Página
9 Comparação entre linhagens superiores segundo os parâmetros do índice de seleção e da média nos experimentos de campo	60
10 Tabela para a análise dos resultados da aplicação do índice de seleção. Exemplo hipotético com 15 linhagens, quatro locais e análise conjunta .	61
11 Análise da variância da produtividade de grãos em milho. Linhagens cruzadas com o testador T_1 . Local 1, Oskaloosa, Iowa, EUA. 1996.....	63
12 Análise da variância da produtividade de grãos em milho. Linhagens cruzadas com o testador T_1 . Local 2, Grinnell, Iowa, EUA. 1996	64
13 Análise da variância da produtividade de grãos em milho. Linhagens cruzadas com o testador T_1 . Local 3, Grinnell, Iowa, EUA. 1996	64
14 Análise da variância da produtividade de grãos em milho. Linhagens cruzadas com o testador T_1 . Local 4, Slater, Iowa, EUA. 1996	64
15 Análise da variância da produtividade de grãos em milho. Linhagens cruzadas com o testador T_1 . Análise conjunta dos locais. 1996	65
16 Análise da variância da produtividade de grãos em milho. Linhagens cruzadas com o testador T_2 . Local 8, Garden City, Minnesota, EUA. 1997.....	65
17 Análise da variância da produtividade de grãos em milho. Linhagens cruzadas com o testador T_2 . Local 9, Hastings, Minnesota, EUA. 1997	65
18 Análise da variância da produtividade de grãos em milho. Linhagens cruzadas com o testador T_2 . Local 10, Cottage Grove, Wisconsin, EUA. 1997	66
19 Análise da variância da produtividade de grãos em milho. Linhagens cruzadas com o testador T_2 . Análise conjunta dos locais. 1997	66

20	Análise da variância da produtividade de grãos em milho. Linhagens cruzadas com o testador T_3 . Local 8, Garden City, Minnesota, EUA. 1997	66
21	Análise da variância da produtividade de grãos em milho. Linhagens cruzadas com o testador T_3 . Local 9, Hastings, Minnesota, EUA. 1997	67
22	Análise da variância da produtividade de grãos em milho. Linhagens cruzadas com o testador T_3 . Local 10, Cottage Grove, Wisconsin, EUA. 1997	67
	Tabela 23. Análise da variância da produtividade de grãos em milho. Linhagens cruzadas com o testador T_3 . Local 11, Bangor, Wisconsin, EUA. 1997	67
24	Análise da variância da produtividade de grãos em milho. Linhagens cruzadas com o testador T_3 . Análise conjunta dos locais. 1997	68
25	Análise da variância da produtividade de grãos em milho. Linhagens cruzadas com o testador T_4 . Local 5, Slater, Iowa, EUA. 1997	68
26	Análise da variância da produtividade de grãos em milho. Linhagens cruzadas com o testador T_4 . Local 6, Stanwood, Iowa, EUA. 1997	68
27	Análise da variância da produtividade de grãos em milho. Linhagens cruzadas com o testador T_4 . Local 7, Glidden, Iowa, EUA. 1997	69
28	Análise da variância da produtividade de grãos em milho. Linhagens cruzadas com o testador T_4 . Local 8, Garden City, Minnesota, EUA. 1997	69
29	Análise da variância da produtividade de grãos em milho. Linhagens cruzadas com o testador T_4 . Análise conjunta dos locais. 1997	69
30	Resumo das marcas selecionadas por local e pela análise conjunta. Resultados referentes às linhagens cruzadas com o testador T_1	70

	Página
31 Resumo das marcas selecionadas por local e pela análise conjunta. Resultados referentes às linhagens cruzadas com o testador T_2	71
32 Resumo das marcas selecionadas por local e pela análise conjunta. Resultados referentes às linhagens cruzadas com o testador T_3	72
33 Resumo das marcas selecionadas por local e pela análise conjunta. Resultados referentes às linhagens cruzadas com o testador T_4	73
34 Resumo das marcas selecionadas em mais de um ambiente. Resultados referentes a todos os locais e testadores	76
35 Comparação entre o número de marcas de ocorrência ampla e única. Produtividade de grãos de milho. Resultados dos testadores T_1 , T_2 , T_3 e T_4 e total	77
36. Resumo das marcas selecionadas pelos testadores T_2 , T_3 e T_4 em Garden City, Minnesota, EUA. 1997	78
37 Resumo das marcas selecionadas pelos testadores T_2 e T_3 em Hastings (local 9), Minnesota, EUA. 1997	79
38 Resumo das marcas selecionadas pelos testadores T_2 e T_3 em Cottage Grove (local 10), Wisconsin, EUA. 1997	79
39 Resumo das marcas selecionadas por local e pela análise conjunta. Resultados referentes às linhagens cruzadas com o testador T_1	82
40 Resumo das marcas selecionadas por local e pela análise conjunta. Resultados referentes às linhagens cruzadas com o testador T_2	83
41 Resumo das marcas selecionadas por local e pela análise conjunta. Resultados referentes às linhagens cruzadas com o testador T_3	84

	Página
42 Resumo das marcas selecionadas por local e pela análise conjunta. Resultados referentes às linhagens cruzadas com o testador T_4	85
43 Marcas selecionadas em pelo menos dois locais. Seleção por cromossomo seguida de nova estimativa. Resultados dos testadores T_1 , T_2 , T_3 e T_4 e total	86
44 Comparação entre o número de marcas de ocorrência ampla e única. Produtividade de grãos de milho. Resultados dos testadores T_1 , T_2 , T_3 , T_4 e no total. Seleção de marcas por cromossomo	87
45 Resumo das marcas selecionadas pelos testadores T_2 , T_3 e T_4 em Garden City (local 8), Minnesota, EUA. 1997. Seleção de marcas por cromossomo	88
46 Resumo das marcas selecionadas pelos testadores T_2 e T_3 em Hastings (local 9), Minnesota, EUA. 1997. Seleção de marcas por cromossomo	89
47 Resumo das marcas selecionadas pelos testadores T_2 e T_3 em Cottage Grove (local 10), Wisconsin, EUA. 1997. Seleção de marcas por cromossomo	89
48 Estimativas dos valores do coeficiente parcial de regressão b_j . Marcas selecionadas por local e pela análise conjunta. Cruzamentos com o testador T_1 . Produtividade de grãos de milho em kg/ha	90
49 Estimativas dos valores do coeficiente parcial de regressão b_j . Marcas selecionadas por local e pela análise conjunta. Cruzamentos com o testador T_2 . Produtividade de grãos de milho em kg/ha	91
50 Estimativas dos valores do coeficiente parcial de regressão b_j . Marcas selecionadas por local e pela análise conjunta. Cruzamentos com o testador T_3 . Produtividade de grãos de milho em kg/ha	92

51 Estimativas dos valores do coeficiente parcial de regressão b_j . Marcas selecionadas por local e pela análise conjunta. Cruzamentos com o testador T_4 . Produtividade de grãos de milho em kg/ha	93
52 Valores de $\hat{p}$ nos ambientes avaliados. Produtividade de grãos de milho, 11 locais, quatro testadores	95
53 Valores de R^2 em % e número de marcas selecionadas (m) nos ambientes avaliados. Produtividade de grãos de milho, 11 locais, quatro testadores	96
54 Números indicativos das 15 melhores linhagens selecionadas por local com base no índice de seleção. Locais 1, 2, 3, 4 e análise conjunta. Testador T_1 . 1996	97
55 Números indicativos das 15 melhores linhagens selecionadas por local com base no índice de seleção. Locais 8, 9, 10 e análise conjunta. Testador T_2 . 1997	98
56 Números indicativos das 15 melhores linhagens selecionadas por local com base no índice de seleção. Locais 8, 9, 10, 11 e análise conjunta. Testador T_3 . 1997	98
57 Números indicativos das 15 melhores linhagens selecionadas por local com base no índice de seleção. Locais 5, 6, 7, 8 e análise conjunta. Testador T_4 . 1997	99
58 Números indicativos das 15 melhores linhagens selecionadas por testador com base no índice de seleção. Local 8. Testadores T_2 , T_3 e T_4 . 1997	100
59 Números indicativos das 15 melhores linhagens selecionadas por testador com base no índice de seleção. Local 9. Testadores T_2 , e T_3 . 1997	100

	Página
60 Números indicativos das 15 melhores linhagens selecionadas por testador com base no índice de seleção. Local 10. Testadores T_2 , e T_3 . 1997	101
61 Números indicativos das 15 melhores linhagens selecionadas por local com base na média dos <i>topcrosses</i> . Locais 1, 2, 3, 4 e análise conjunta. Testador T_1 . 1996	102
62 Números indicativos das 15 melhores linhagens selecionadas por local com base na média dos <i>topcrosses</i> . Locais 1, 2, 3, 4 e análise conjunta. Testador T_2 . 1996	103
63 Números indicativos das 15 melhores linhagens selecionadas por local com base na média dos <i>topcrosses</i> . Locais 1, 2, 3, 4 e análise conjunta. Testador T_3 . 1996	103
64 Números indicativos das 15 melhores linhagens selecionadas por local com base na média dos <i>topcrosses</i> . Locais 1, 2, 3, 4 e análise conjunta. Testador T_4 . 1996	104
65 Números indicativos das 15 melhores linhagens selecionadas por testador com base na média dos <i>topcrosses</i> . Local 8. Testadores T_2 , T_3 e T_4 . 1997	105
66 Números indicativos das 15 melhores linhagens selecionadas por testador com base na média dos <i>topcrosses</i> . Local 9. Testadores T_2 , e T_3 . 1997	105
67 Números indicativos das 15 melhores linhagens selecionadas por testador com base na média dos <i>topcrosses</i> . Local 10. Testadores T_2 , e T_3 . 1997	106
68 Comparação entre linhagens consistentes ao longo dos locais selecionados pelo índice e pelo <i>topccross</i>	106
69 Número de linhagens coincidentes segundo a seleção pelo índice e pelo <i>topcross</i> . Todos os ambientes	107

70 Valores médios de $f(p)$ para cada ambiente. Dados referentes a 11 locais e quatro testadores	108
--	-----

ANÁLISE DA INTERAÇÃO GENÓTIPO X AMBIENTE ASSISTIDA POR MARCADORES MOLECULARES EM MILHO (*Zea mays* L.)

Autora: Glauce Cristina Ricardo Rumin

Orientador: Prof. Dr. Roland Vencovsky

RESUMO

A produtividade de grãos em milho é um caráter altamente complexo e muito dependente das condições ambientais. Neste trabalho de pesquisa, buscou-se identificar regiões cromossômicas relacionadas à produtividade de grãos em milho por meio de análises de regressão múltipla *stepwise*, em vários ambientes. Os dados genotípicos advêm da genotipagem de linhagens S_2 por 163 locos RFLP, enquanto os dados fenotípicos foram obtidos de experimentos com repetições instalados em 11 locais distintos, nos quais foram avaliados os *topcrosses* das linhagens com quatro testadores diferentes. Foram selecionadas marcas associadas ao caráter nos diferentes ambientes, posteriormente comparadas a fim de verificar a consistência na expressão de genes das regiões detectadas. De maneira geral, observou-se que a maioria delas é ambiente-específica. Após a seleção das marcas, foi aplicado um índice de seleção de linhagens, baseado nos valores b_j da regressão múltipla. O índice é composto pelo valor próprio das linhagens em *topcrosses* e por uma medida da complementaridade genotípica entre linhagens. As melhores linhagens, segundo o índice de seleção, foram agrupadas por testador e verificou-se que a coincidência de linhagens entre locais variou de 48,5% a 80,0%. O emprego de marcadores permitiu verificar que a interação genótipo x ambiente foi devida à alta inconsistência na manifestação das regiões cromossômicas responsáveis pela produtividade de grãos em milho ao longo dos locais. Porém, a coincidência entre as linhagens indica que, mesmo na presença de interação, foi possível selecionar linhagens generalistas.

GENOTYPE X ENVIRONMENT INTERACTION ANALYSIS ASSISTED BY MOLECULAR MARKERS IN MAIZE (*Zea mays* L.)

Author: Glauce Cristina Ricardo Rumin

Advisor: Prof. Dr. Roland Vencovsky

SUMMARY

Grain yield in maize is a complex trait, highly dependent on environmental conditions. Identification of consistent chromosomal regions across environments related to this trait is desirable in the context of marker assisted selection. This work was aimed at identifying regions associated with maize grain yield by stepwise multiple regression analysis in several environments. Maize S_2 lines were genotyped by 163 RFLP loci and topcrossed to four different testers. These top crosses were evaluated in 11 locations. Grain yield associated markers were identified for each environment and the consistency of expression of associated genes was verified. Most of the chromosome regions were environment specific. After marker identification for each environment, a selection index was applied, which was composed by the performance of a line in topcross and a measure of genetic complementarity. The best lines were grouped by tester across locations and the coincidence of superior lines varied from 48.5% to 80.0%. The use of molecular markers showed that genotype x environment interaction was due to a high expression inconsistency of chromosome regions related to grain yield in maize across environment. Nonetheless, the coincidence between superior lines indicated the possibility to selecting lines with good performance along environments, even in the presence of genotype x environment interaction.

1 INTRODUÇÃO

A produtividade de grãos em milho é um caráter altamente complexo e muito dependente das condições ambientais, tanto as relacionadas a fatores bióticos como abióticos. Os agricultores tentam atingir a estabilidade de produção estabelecendo condições ambientais propícias para o desenvolvimento da cultura, por meio do uso de irrigação e de insumos agrícolas, como fertilizantes e defensivos. Porém, fatores econômicos frequentemente ocasionam a redução da aplicação de insumos, razão pela qual o melhorista procura identificar genótipos estáveis que não sejam tão afetados pelas condições ambientais.

O entendimento da base genética da interação genótipo x ambiente para a produtividade de grãos, seja em milho ou em outros cereais, é um tópico importante para atingir os objetivos de um programa de melhoramento. Várias estratégias e modelos estatísticos foram propostos ao longo das décadas para o entendimento desta interação. Enquanto tais métodos levam em conta o genoma como um todo, o desenvolvimento de marcadores moleculares tornou possível a identificação das regiões mais fortemente envolvidas com a manifestação do caráter. A identificação de QTLs relacionados ao caráter e a estabilidade na manifestação destas regiões ao longo dos diferentes ambientes de avaliação é particularmente importante no contexto da seleção assistida por marcadores.

Os marcadores moleculares têm sido sugeridos como ferramentas úteis no melhoramento de plantas em várias situações. São utilizados com sucesso na definição de grupos heteróticos em várias espécies vegetais, na caracterização de acessos de germoplasma e nos retrocruzamentos, auxiliando na seleção para o genitor recorrente e aumentando a eficiência do processo. Porém, ainda pairam dúvidas com relação à utilidade dos marcadores em outras etapas de um programa de melhoramento como, por exemplo, na predição do comportamento de híbridos a

partir da genotipagem e avaliação das linhagens genitoras e também na construção de populações sintéticas. Outro ponto bastante discutido em relação à eficiência da seleção assistida por marcadores moleculares é a presença de interação QTLs x ambientes.

O objetivo principal deste trabalho foi o de analisar, com o auxílio de marcadores moleculares, a interação genótipo x ambiente para o caráter produtividade de grãos em milho e como a presença desta interação pode influenciar a seleção assistida de genótipos nos diversos ambientes de avaliação. Os ambientes consistiram em diferentes locais onde linhagens S_2 , originárias de uma população segregante, foram avaliadas em *topcrosses* com quatro testadores distintos. Assim, os ambientes foram representados pelos locais, ou ambiente físico, e pela base genética, ou testadores utilizados nos *topcrosses*. Aliando a genotipagem das linhagens e os dados fenotípicos obtidos dos experimentos, foram identificadas regiões cromossômicas associadas à produtividade de grãos em milho para cada ambiente.

As marcas selecionadas por local e na análise conjunta dos locais foram utilizadas na seleção das linhagens, que foi realizada pela aplicação de um índice de seleção proposto por Rumin & Vencovsky (2001). A seleção de diferentes linhagens segundo os ambientes, consequência da seleção de marcas distintas e, portanto, da interação genótipo x ambiente é discutida.

2 REVISÃO DE LITERATURA

Dentro da linha de pesquisa proposta pelo trabalho, a revisão de literatura abordará os seguintes assuntos: importância dos marcadores nos estudos de genética e melhoramento de plantas, métodos de seleção de QTLs ou regiões cromossômicas relacionadas a caracteres de interesse agrônomo e detecção da interação genótipo x ambiente por meio de marcadores moleculares.

2.1 Importância dos marcadores genéticos

Marcadores genéticos são conhecidos pelos melhoristas e geneticistas de plantas desde longa data e podem ser definidos como caracteres de herança simples e visível, cuja expressão não é influenciada por fatores ambientais. Os primeiros marcadores genéticos utilizados foram os morfológicos, como, por exemplo, a coloração de flores ou formato de frutos. Apesar de úteis em alguns casos, o número disponível desses marcadores é baixo, o que dificulta a utilização em estudos de genética e melhoramento.

A perspectiva de uso de marcadores genéticos em larga escala desponta no cenário científico nas décadas de 60 e 70, com o advento dos marcadores bioquímicos e moleculares, respectivamente. Enquanto os marcadores bioquímicos representam um produto da expressão do DNA, como proteínas, os marcadores moleculares resultam diretamente do polimorfismo do DNA. Apesar de passadas várias décadas desde sua descoberta, os marcadores bioquímicos continuam a ser empregados em estudos de populações naturais, como nos trabalhos de Sebbenn (2001), Ribas (2003) e Conte (2004), referentes a populações de jequitibá-rosa (*Cariniana legalis*), embaúba e crindiúva (*Cecropia pachystachya* e *Trema micrantha*) e palmito juçara (*Euterpe edulis*), respectivamente.

Com o surgimento da técnica de PCR na década de 80, concomitantemente à descoberta de novos marcadores de DNA, vieram à tona novas possibilidades de aplicações, tendo em vista a maior facilidade de geração de dados que possibilitou o aumento do número de locos e do número de indivíduos amostrados. Os esforços para se integrar tais técnicas de biologia molecular aos procedimentos convencionais do melhoramento de plantas vêm de encontro à otimização da eficiência da seleção, principalmente no que diz respeito aos caracteres de herança quantitativa.

Marcadores genéticos, de maneira geral foram muito úteis na caracterização da estrutura genética de populações naturais, mesmo quando não se havia informações prévias a respeito destas, diferentemente do que ocorre para a maioria das plantas cultivadas. A determinação do sistema reprodutivo destas populações, principalmente no caso das espécies arbóreas tropicais, têm sido possível graças ao uso de marcadores genéticos. As informações geradas, por permitir maior entendimento da dinâmica destas populações, fornecem as diretrizes para o manejo das populações e conservação das espécies (Alves, 2003; Ribas, 2003; Zucchi et al., 2003).

No melhoramento de plantas, os marcadores genéticos podem ser utilizados para diversos fins. Entre eles, o agrupamento de genótipos em grupos heteróticos distintos (Godshalk et al. 1990; Dubreuil et al., 1996; Coart et al., 2002), estudos sobre a diversidade genética entre acessos de germoplasma (Messmer et al. 1992; Lanza et al., 1997; Wadt et al., 2004;), auxílio nos programas de retrocruzamentos (Openshaw et al., 1994), estudos sobre a base genética de um determinado caráter quantitativo (Ming et al., 2002;) e detecção de QTLs relacionados a caracteres de interesse agrônomo (Lu et al., 1997; King et al., 2000; Kato, 2004). No caso específico da detecção de QTLs, as informações geradas podem ser utilizadas nos programas de melhoramento, no que é conhecido como seleção assistida por marcadores. Assim, é possível, por exemplo, monitorar retrocruzamentos e selecionar genótipos possuidores de segmentos cromossômicos específicos, aumentando a eficiência da seleção.

Para o melhoramento de plantas é interessante o encontro de QTLs apresentando efeitos estáveis ao longo dos ambientes. Porém, conforme enfatizam Malosetti et al. (2004), QTLs estáveis não representam a situação mais comum e, provavelmente, todo QTL apresente algum tipo de dependência ambiental. Desta forma, a informação sobre a presença e a magnitude da interação QTL x ambiente torna-se ponto central antes da utilização das marcas em programas de melhoramento de plantas.

2.2 Detecção de QTLs

Segundo Falconer & McKay (1996), um QTL é um segmento cromossômico que afeta um determinado caráter, não sendo necessariamente um gene distinto. A presença de ligação entre um QTL e marcadores moleculares permite a identificação e mensuração dos efeitos fenotípicos do caráter sob estudo, possibilitando o uso de tal informação no processo de seleção.

Para que se possa detectar a ocorrência de ligação genética entre marcadores moleculares e QTLs é necessária a existência de desequilíbrio de ligação entre os alelos do loco marcador e os do QTL. É o desequilíbrio de ligação que permite verificar se os efeitos do QTL estão associados ao marcador, sendo detectados e estimados por meio de análises estatísticas adequadas. Porém, é necessário que delineamentos específicos sejam utilizados para que se produza o desequilíbrio de ligação necessário no mapeamento de QTLs. Os delineamentos mais utilizados baseiam-se em populações segregantes obtidas por meio, por exemplo, de linhagens homozigóticas com fenótipo divergente para o caráter quantitativo em questão.

2.2.1 Métodos utilizados na detecção de QTLs

Para que os marcadores moleculares possam ser utilizados no melhoramento de plantas é necessário que a população estudada esteja em desequilíbrio de ligação. Desequilíbrio de ligação refere-se a qualquer desvio das frequências alélicas em relação às frequências esperadas sob independência, o que é indicativo de existência de associação entre os dois locos. Sem desequilíbrio de

ligação, a probabilidade de ocorrência de determinada classe de marcador será independente da segregação dos alelos do QTL em questão.

Para Crow & Kimura (1970), a medida do desequilíbrio de ligação é:

$$z = \frac{P_{MQ} P_{mq}}{P_{Mq} P_{mQ}} ,$$

onde P_{MQ} , P_{mq} , P_{Mq} , P_{mQ} são as frequências dos gametas MQ , mq , Mq e mQ , respectivamente. Sob independência, o valor de z é igual a um, e qualquer desvio desse valor indica a existência de desequilíbrio de ligação.

A associação entre marcas e QTLs pode ser avaliada utilizando-se uma, duas ou mais marcas simultaneamente. A seguir, apresentam-se os métodos mais comumente utilizados para tal finalidade.

2.2.1.1 Análise de marcas simples

Segundo Silva (2001), na análise de marcas simples a distribuição dos valores do caráter é examinada separadamente para cada loco marcador, sendo cada teste realizado independentemente da informação dos outros locos. O autor destaca que esse tipo de análise pode ser uma boa opção quando o objetivo principal é a associação de efeitos de QTLs às marcas. Porém, são perdidas informações relativas à posição dos QTLs e a estimação de seus efeitos. Dentre os tipos de testes envolvendo análise de marcas simples temos (1) teste t; (2) regressão linear simples; (3) análise de variância; e (4) razão de verossimilhança.

Ainda segundo Silva (2001), a análise de marcas simples é muito utilizada como um passo preliminar na utilização de técnicas mais complexas, permitindo uma varredura de todas as marcas existentes no genoma e levando à eliminação das não informativas. As marcas selecionadas por estes procedimentos servem de base para modelos mais complexos.

2.2.1.2 Análises de regressão

Segundo Rawlings (1988), os métodos de regressão *stepwise* - *backward*, *forward* e *stepwise* - possibilitam a identificação de modelos para subconjuntos de dados que são formados pela adição e exclusão seqüencial da variável que apresenta o maior impacto na soma de quadrados do resíduo. Os programas de computador, ao executar um método *stepwise*, utilizam geralmente alguma regra de terminação do modelo. No caso do *stepwise* especificamente, a seleção cessa quando, dentre as variáveis disponíveis, nenhuma apresenta o nível de significância estabelecido para a entrada no modelo. Os critérios para entrada e permanência no modelo, ou o nível de significância, não precisam ser necessariamente os mesmos, havendo alguma vantagem em se usar um limite mais frouxo para entrada de variáveis de maneira a forçar o processo de seleção a considerar um grande número de subconjuntos de variáveis.

Silva (2001) refere-se ao nível de significância como a probabilidade de se cometer um erro Tipo I, ou seja, rejeitar uma hipótese de nulidade sendo ela verdadeira. No caso do estudo das associações entre marcadores e QTLs, a hipótese de nulidade testada é a de não existência de um QTL associado à marca. Assim, cometer um erro Tipo I no mapeamento de QTLs implica admitir a existência de um QTL inexistente. O autor adverte que no mapeamento de QTLs, por se tratar de um procedimento de testes múltiplos, surge o problema do nível de significância conjunto da análise, que interfere no seu poder. Para a verificação de tal efeito, foi testado, por meio de simulação de dados, o poder de detecção de QTLs de procedimentos baseados em testes individuais e do procedimento *stepwise* de regressão múltipla. No caso dos testes individuais, foram utilizados os critérios de FDR (*false discovery rate*) e de Bonferroni para a determinação do nível de significância conjunto. Os resultados mostraram que o procedimento *stepwise* foi mais poderoso em identificar as marcas associadas aos QTLs. O autor verificou também que, mesmo nos casos em que o *stepwise* apresentou poder ligeiramente inferior aos demais testes, sua grande vantagem foi selecionar apenas as marcas mais fortemente ligadas aos QTLs.

Modelos de regressão múltipla foram utilizados por Zhu et al. (1999) para a detecção de QTLs relacionados à produtividade de grãos de cevada. Os autores verificaram a presença de interação genótipo x ambiente para o caráter, sendo que a significância e a magnitude dos efeitos dos QTLs foram altamente variáveis conforme o ambiente avaliado.

Segundo Malosetti et al., (2004), os modelos de regressão podem ser úteis nos passos iniciais para detectar a expressão de QTLs. A informação por eles fornecida pode ser utilizada, então, no desenvolvimento de modelos posteriores que incluam os efeitos da interação genótipo x ambiente.

2.2.1.3 Mapeamento por intervalo

O mapeamento por intervalo é uma extensão do método de máxima verossimilhança para marcas simples, sendo baseado nas frequências conjuntas de um par de marcas adjacentes e um QTL pontual, flanqueado por esse par de marcas. Como as análises são realizadas considerando cada par de marcadores adjacentes, há um incremento no poder de detecção dos QTLs e são obtidas estimativas mais precisas sobre a posição e os efeitos dos mesmos.

2.2.1.4 Mapeamento por intervalo múltiplo

A técnica de mapeamento por intervalo múltiplo permite um aumento na precisão e no poder de detecção de QTLs, além de permitir a estimação e análise dos efeitos de interação entre os QTLs ou epistasia.

2.2.1.5 Mapeamento por intervalo composto

As técnicas de mapeamento por intervalo composto (Zeng, 1993) são mais precisas na localização da posição do QTL do que as baseadas em marcas simples, embora ainda apresentem o problema de detecção de QTLs inexistentes, também chamados de QTLs fantasmas. Visando contornar tal problema, o mapeamento por intervalo composto combina num único modelo as técnicas de mapeamento por intervalo e de regressão múltipla. Dessa forma são eliminadas as interferências de QTLs adjacentes ao intervalo que está sendo mapeado.

2.3 Utilização de marcadores moleculares no melhoramento de plantas

A seguir, são apresentadas informações sobre o uso dos marcadores moleculares no melhoramento de plantas.

2.3.1 Caracterização de acessos e descrição de variedades

Segundo Valls (1988) o processo de caracterização e avaliação de recursos genéticos pode ser grandemente enriquecido por atividades adicionais de caracterização bioquímica. Tal caracterização, assim como a molecular, permite a discriminação de acessos em lotes de germoplasma, em espécies em que a aplicação de descritores morfológicos e fenológicos é retardada pelo crescimento muito lento ou pela demora em alcançar o estado reprodutivo. Entre outras aplicações da caracterização bioquímica tem-se a identificação de duplicações, a definição de parâmetros estritos para certos acessos e a prospecção da variabilidade intrínseca ou entre acessos de uma mesma espécie.

Gauthier et al. (2002) demonstram a utilidade dos RFLPs na caracterização de germoplasma. Os autores executaram a caracterização molecular de uma coleção composta por 488 acessos de populações de milho européias, utilizando nas análises um bulk de RFLP para cada população. Os 23 locos de RFLP utilizados na caracterização mostraram grande riqueza alélica, da ordem de 11,5 alelos por loco, considerando todas as populações. As populações originárias do leste europeu apresentaram menor diversidade genética, bem como número baixo de alelos únicos e alta porcentagem de alelos fixados, quando comparadas com as populações oriundas do sul da Europa. A classificação das populações, baseada na distância de Rogers, permitiu a distinção de três grupos principais, altamente consistentes com a origem geográfica das populações.

A pupunha (*Bactris gasipaes*), palmeira nativa da Amazônia, foi domesticada pelos índios em tempos remotos, existindo uma hierarquia complexa de raças primitivas desta espécie. A classificação baseada em caracteres morfológicos considerava a existência de três raças de pupunha: Pará, Solimões e Putumayo. Porém, o trabalho de Clemente et al. (2002), fazendo uso de marcadores AFLPs para classificar variedades tradicionais de pupunha, reorganizou

os acessos em dois grupos, Pará e Putumayo. Dessa forma, constatou-se que a raça Solimões não existe, sendo um subgrupo da raça Putumayo.

Coart et al. (2002) utilizaram marcadores AFLP para verificar a variação genética entre duas espécies de carvalho, *Quercus petraea* e *Q. robur*, representadas por quatro e seis populações respectivamente. A análise de coordenadas principais, baseada nos dados de AFLPs, dividiu as populações de carvalho em dois grupos, em concordância com sua classificação taxonômica. A análise da estrutura genética mostrou que a divergência entre as espécies foi significativa, sendo que ambas apresentaram graus de diversidade similar. Também foi observado pequeno grau de diferenciação entre populações dentro de espécies.

Os marcadores moleculares, além de caracterizar os acessos de um banco de germoplasma, também podem fornecer informações úteis para a taxonomia botânica. Wadt et al. (2004), avaliou acessos de pimenta longa (*Piper spp.*) do Banco Ativo de Germoplasma (BAG) da Embrapa - Acre por meio de marcadores RAPDs. A análise de dissimilaridade classificou os acessos em três grupos, correspondentes às três espécies do gênero *Piper*: *Piper hispidinervum*, *Piper aduncum*, e *Piper hispidum*. Os autores comentam que há controvérsias sobre a determinação espécies de *Piper* e que a análise molecular classificou os acessos correspondentes às espécies citadas em grupos distintos. Assim, os marcadores moleculares podem funcionar como ferramenta de apoio aos botânicos.

2.3.2 Mensuração de distâncias genéticas

Após avaliar linhagens endogâmicas de milho e o desempenho de seus híbridos utilizando marcadores RFLP, Godshalk et al. (1990) sugeriram que este marcador é útil na alocação de linhagens em grupos heteróticos distintos, não encontrando, entretanto, nenhuma relação entre a distância genética das linhagens e o desempenho de seus híbridos. Os autores também concluíram que RFLPs apresentam grande potencial para a identificação de combinações superiores de linhagens endogâmicas oriundas de diferentes grupos heteróticos.

De maneira semelhante, Melchinger et al. (1990) investigaram as relações entre linhagens endogâmicas de milho, a predição da heterose e o desempenho de seus híbridos simples, concluindo que marcadores RFLPs podem ser usados para examinar as relações de parentesco entre linhagens, inclusive atribuindo linhagens de origem desconhecida a grupos heteróticos adequados. Porém, os resultados também sugerem que as medidas de distâncias genéticas baseadas em RFLPs têm uso limitado para a predição heterótica de híbridos simples obtidos pelo cruzamento de linhagens não aparentadas.

Messmer et al. (1992) testaram a eficiência de marcadores RFLPs na detecção da diversidade entre linhagens endogâmicas elite de milho para posterior separação em grupos heteróticos distintos. Os autores avaliaram 57 linhagens de ciclo precoce dos grupos heteróticos dentado e duro, utilizando 188 locos de RFLPs. Em cerca de metade dos locos foi encontrado polimorfismo para os dois grupos, e 25% das combinações foram específicas para cada grupo. Assim, os autores sugerem ser possível limitar o número de locos RFLPs buscando aqueles com maior poder discriminatório entre as linhagens de diferentes grupos.

Em trabalho subsequente, Messmer et al. (1993) analisaram 29 linhagens de milho de origem européia, sendo 18 do grupo duro e 11 do grupo dentado. Para cada grupo, os autores compararam informações de *pedigree* geradas pelo coeficiente de Malécot (f) com dados de similaridade genética oriundo de RFLPs (GS), e encontraram correlação altamente significativa ($P < 0,01$) entre as duas medidas. Portanto, sugeram a utilização dos marcadores RFLPs para identificação de linhagens e grupos heteróticos, destacando que, com uma boa cobertura do genoma por parte dos marcadores (a partir de 100 locos), a medida de similaridade genética (GS) dada por RFLPs é significativamente mais precisa que o coeficiente de parentesco (f) na atribuição de relações entre as linhagens.

Stuber (1994) aborda a importância da heterose e a necessidade de se desenvolver métodos confiáveis para identificar e mapear fatores genéticos desejados em linhagens e populações divergentes, realizar a introgressão destes fatores em linhagens elite e prever o comportamento de híbridos sem a necessidade de testar todas as combinações possíveis. O autor afirma que os dados oriundos de marcadores moleculares foram concordantes com os dados de *pedigree*

já estabelecidos, quando se observou a formação de grupos heteróticos entre as linhagens. Porém, destaca que a predição do comportamento do híbrido só tem sido possível entre linhagens pertencentes a um mesmo grupo heterótico.

Na cultura da banana, Creste et al. (2004) caracterizaram genótipos diplóides e triplóides, pertencentes a um Banco de Germoplasma de *Musa spp*, utilizando marcadores microssatélites. Os autores destacam a utilidade destes marcadores para analisar a variabilidade genética e a distribuição desta variabilidade dentro do germoplasma de banana, gerando informações relevantes no que tange à definição de potenciais cruzamentos visando o melhoramento da qualidade da fruta.

2.3.3 Retrocruzamentos

Outra vantagem atribuída ao uso de marcadores moleculares é a diminuição do tempo necessário no processo de seleção, pois é possível monitorar diretamente as regiões cromossômicas alvos. Tal redução de tempo teria importância ainda maior para as características de baixa herdabilidade. No caso de retrocruzamentos, a seleção assistida possibilita também o controle da incorporação de segmentos não desejáveis (Ragot et al., 1995) por meio do monitoramento da presença do segmento alvo e da proporção de segmentos do genitor recorrente do cruzamento.

Diversos trabalhos foram conduzidos para avaliar a eficiência dos marcadores em auxiliar a seleção nos retrocruzamentos com resultados positivos. Trabalhando com programas de introgressão, Hospital et al. (1992) discutem a importância dos marcadores moleculares, que podem se tornar mais úteis quando suas posições de mapeamento forem conhecidas. Os autores demonstraram que a seleção assistida por marcadores pode levar a um ganho de tempo de duas gerações, quando comparada com condições utilizadas rotineiramente e abordam os efeitos do tempo, da intensidade de seleção, tamanho da população e posição dos marcadores. Afirmam que a seleção deve ser feita o mais cedo possível e a intensidade de seleção deve ser mais forte se os marcadores se posicionam muito próximos do gene a ser incorporado, sem prestar atenção aos cromossomos não portadores.

Stuber (1994) utilizou retrocruzamentos em milho para proceder à introgressão de segmentos específicos associados a características de herança complexa, como a produtividade de grãos. O estudo demonstrou que o sucesso da introgressão foi facilitado pelo uso de marcadores moleculares.

O uso de marcadores moleculares, com o objetivo de aumentar a eficiência dos retrocruzamentos, também foi citado por Openshaw et al. (1994). A seleção para o genitor recorrente utilizando marcadores moleculares pode aumentar significativamente a eficiência dos programas de retrocruzamento por permitir que o melhorista selecione as plantas que apresentem maior proporção do genoma do genitor recorrente, além de selecionar os indivíduos que apresentam conversões melhores e mais próximas do alelo a ser incorporado. Em termos práticos, isso significa aumentar a probabilidade de se obter conversões desejadas e diminuir o tempo necessário para atingi-las.

Openshaw et al. (1994) ainda citam que no planejamento de um programa de retrocruzamento assistido por marcadores, deve-se considerar a economia de tempo conseguida com o auxílio dos marcadores, o número de marcadores necessários para as averiguações necessárias e o número de genótipos a avaliar. Por meio de simulação de dados, os autores verificaram que os métodos de retrocruzamento que incluíam o uso de marcadores foram mais eficientes quando comparados ao método tradicional, diminuindo o tempo de obtenção de genótipos mais próximos ao genitor original ou recorrente.

2.3.4 Programas de pré-melhoramento

Segundo Nass & Paterniani (2000), o termo pré-melhoramento refere-se ao conjunto de atividades que visam à identificação de caracteres e/ou genes de interesse, presentes em materiais não adaptados ou naqueles que não foram submetidos a qualquer processo de melhoramento, visando posterior incorporação nos materiais adaptados ou elites. Na busca pelos caracteres e/ou genes de interesse, os programas de melhoramento, de uma maneira geral, direcionam seus esforços de seleção com base em materiais adaptados ou que já tenham passado por algum método de seleção ou avaliação. Como consequência, tal prospecção tem como matéria prima germoplasmas de base genética estreita.

Os Bancos de Germoplasma de milho possuem grande variabilidade de acessos, disponíveis aos programas de melhoramento. Porém, pequena parte desta variabilidade é explorada pelos melhoristas, de maneira geral. Mesquita Neto (2000) cita o pré-melhoramento como a melhor estratégia para aumentar o uso de germoplasma sem prejudicar o desempenho dos materiais adaptados. Assim, após a avaliação inicial de 1413 acessos, o autor avaliou os previamente selecionados quanto ao desempenho *per se* e em cruzamento com testadores, selecionando aqueles que apresentaram melhor capacidade geral de combinação, tendo em vista a formação de compostos apresentando padrão agrônomo desejável e alta concentração de alelos de resistência às principais doenças do milho. Os efeitos de capacidade geral de combinação foram estimados e utilizados para seleção dos progenitores mais promissores, para posterior recombinação e formação de compostos passíveis de utilização em programas de melhoramento visando resistência a doenças.

Para Nass (2001) a alternativa mais promissora para servir como ligação entre os recursos genéticos vegetais e os programas de melhoramento é a intensificação de atividades relacionadas com o pré-melhoramento. De acordo com o autor, as principais contribuições dos programas de pré-melhoramento são: a) síntese de novas populações base; b) identificação de genes potencialmente úteis; c) identificação de novos padrões heteróticos; d) melhor conhecimento dos acessos *per se* e em cruzamentos; e) maior quantidade de informações sobre os acessos; f) auxílio no estabelecimento de coleções nucleares (core collections). Assim, é possível afirmar que tais programas tendem a aumentar a probabilidade de utilização dos recursos genéticos vegetais.

Kozumplick et al. (1996) afirmam que estudos para a detecção e mapeamento de QTLs têm sido feitos principalmente em germoplasma elite. Os autores enfatizam que estudos similares, aplicados a germoplasma exótico, poderiam fornecer informações adicionais em relação às similaridades e diferenças das posições dos QTLs e dos efeitos genéticos em bases genéticas distintas.

A identificação de QTLs associados aos caracteres de interesse agrônomo pode levar à identificação dos genes úteis além de permitir o monitoramento das frequências das marcas associadas ao caráter, direcionando e aumentando a eficiência do processo de seleção. Selig et al. (1999) enfatizam que

a transferência de germoplasma exótico num programa de melhoramento pode ser otimizada com o uso de marcadores moleculares. Assim, os marcadores moleculares podem contribuir amplamente para o progresso dos programas de pré-melhoramento.

2.3.5 Seleção assistida por marcadores

O desenvolvimento de marcadores de DNA possibilitou a construção de mapas de ligação para boa parte das plantas cultivadas, o que facilitou o entendimento da base genética de caracteres quantitativos pelo mapeamento de QTLs, para várias culturas e diversas características.

Com a identificação de QTLs associados a caracteres de interesse agrônomo em diversas plantas cultivadas, surgem as propostas de utilização de tais informações de forma a auxiliar os programas de melhoramento, o que é conhecido como seleção assistida por marcadores. Primeiramente, vislumbrou-se o imenso potencial de uso de marcas moleculares em espécies perenes, dado o ciclo de vida destas plantas e conseqüente demora na obtenção de resultados. Porém, a maioria dos dados disponíveis na literatura aponta para propostas de seleção assistida em culturas anuais, como milho, arroz, trigo, dentre outras.

A geração de avaliação também deve ser considerada na detecção de associações entre marcadores e QTLs. Austin & Lee (1996) compararam os QTLs detectados para o caráter produtividade de grãos em milho em linhagens recombinantes $F_{2:3}$ e $F_{6:7}$ oriundas da mesma população segregante, utilizando 101 locos RFLP. Os autores concluíram que as estimativas do número de QTLs, suas posições e efeitos pode se apresentar viesada ao se acessar pequenas amostras de uma população em desequilíbrio de ligação máximo, sendo um fator importante neste viés o número limitado de recombinantes avaliado em cada situação. Estudos com simulação de dados indicaram que a eficiência da seleção assistida por marcadores diminui em gerações avançadas, devido à recombinação entre os marcadores e os QTLs. Os resultados obtidos por Austin & Lee (1996) confirmaram as predições feitas pelas simulações, acrescentando que QTLs detectados em gerações precoces e, portanto, com máximo desequilíbrio de ligação, podem representar QTLs múltiplos e ligados, passíveis de serem separados posteriormente

por recombinação, dissipando, assim, os efeitos e reduzindo o potencial de ganho com a seleção.

Testes em gerações precoces permitem o descarte de linhagens com baixa capacidade de combinação no início do processo seletivo. Os marcadores moleculares podem ser utilizados para localizar QTLs e medir seus efeitos em gerações precoces, mas é necessário que os efeitos dos marcadores estimados em gerações iniciais sejam concordantes com os medidos em gerações avançadas. Eathington et al. (1997), afirmam que as correlações entre os efeitos dos marcadores em diferentes gerações devem ser maiores que as correlações fenotípicas entre elas para que a seleção precoce assistida por marcadores moleculares possa ser utilizada.

Caracteres morfológicos da raiz em arroz, relacionados com a eficiência em extração de água em condições de stress, foram estudados por Kamoshita et al. (2002) em duas condições contrastantes: em solo sob inundação e com deficiência hídrica. As mesmas linhagens oriundas de uma população segregante foram avaliadas nas duas condições ambientais. Os autores encontraram interação QTL x ambiente significativa, pois o ambiente apresenta efeito pronunciado na expressão dos caracteres e, conseqüentemente, na detecção de QTLs. Foi detectado um QTL no cromossomo 2 consistente nas duas condições ambientais. Essa mesma região foi identificada também em estudo anteriores efetuados com outras populações segregantes. Assim, apesar do forte efeito da interação genótipo x ambiente, a identificação de QTL comum aos dois ambientes estudados, coincidentes com regiões previamente identificadas para os mesmos caracteres em outras populações segregantes, sugere a utilização da região em esquemas de seleção assistida marcadores.

Em programas de melhoramento de ervilha, caracteres como produtividade de grãos, teor de proteína e precocidade são considerados de difícil aprimoramento. Tar'na et al. (2004) sugerem que, para a obtenção de maiores progressos de seleção, é necessário o entendimento da base genética e da herança destes caracteres. Por esta razão, foram conduzidos experimentos com 88 linhagens recombinantes de ervilha em 13 ambientes, visando detectar QTLs relacionados às características citadas, utilizando marcadores AFLPs e RAPDs. Os

autores não detectaram correlação entre produtividade de grãos e teor de proteína. Estas características podem, portanto, serem selecionadas simultaneamente. Já a correlação entre ciclo e teor de proteína existe e é positiva, enquanto a correlação existente entre ciclo e produtividade de grãos é negativa. Foram detectados quatro QTLs para produtividade de grãos, quatro para ciclo e três para teor de proteína em ervilha. Embora os QTLs tenham se mostrado consistentes ao longo dos ambientes avaliados, os seus efeitos foram divergentes entre os ambientes. Mesmo assim, os autores sugerem que marcas associadas a esses QTLs sejam utilizadas nos programas de melhoramento de ervilha por meio de seleção assistida.

Wan et al. (2004) identificaram QTLs para seis caracteres relacionados a palatabilidade do arroz, que é uma característica muito importante quando se pretende disponibilizar uma variedade aos agricultores. Foram utilizados 116 marcadores RFLPs e 66 linhagens, avaliadas em três anos consecutivos no mesmo local. Os autores encontraram correlação positiva entre os caracteres que afetam a palatabilidade e verificaram que QTLs relacionados a diferentes características foram detectados na mesma região cromossômica do genoma do arroz. Além disso, os diferentes ambientes representados pelos anos não afetou a detecção de QTLs, sendo os mesmos considerados estáveis. Assim, os autores sugerem o uso destas informações em programas de seleção assistida.

A produtividade de grãos na cultura do milho é bastante afetada por fatores ambientais e em especial quanto ao estresse hídrico. Buscando QTLs relacionados ao caráter para uso em programas de seleção assistida Yadav et al. (2004) avaliaram 79 linhagens F_3 em *topcrosses* com testadores diferentes. Os experimentos foram avaliados em dois anos agrícolas em duas condições de estresse hídrico que diferiam entre si quanto à severidade. Foram procurados QTLs relacionados à tolerância à baixa disponibilidade de água no ambiente. Embora a maioria das regiões genômicas tenha apresentado interação genótipo x ambiente, algumas se mostraram estáveis. Coincidentemente, essas regiões também estavam relacionadas ao aumento na produtividade de grãos.

Um aspecto no qual a seleção assistida por marcadores se mostra muito promissora é na identificação de QTLs e genes de resistência a doenças. Vários são os trabalhos conduzidos com este intuito para boa parte das plantas cultivadas.

Fronza (2003) estudou o controle genético da podridão vermelha das raízes da soja (PVR), também conhecida como síndrome da morte súbita, causada pelo fungo *Fusarium solani f.sp. glycines*. Foram utilizados cinco marcadores microssatélites relatados em estudos anteriores como ligados a cinco QRLs da PVR. As análises efetuadas para a população utilizada neste estudo indicaram a presença de multialelismo nestes locos, o que orientará trabalhos futuros visando a obtenção cultivares resistentes à doença.

Já na cultura do milho, Rezende (2004) estudou a herança da resistência à antracnose foliar, com o objetivo de estimar os parâmetros genéticos do caráter e identificar marcadores moleculares ligados a genes de resistência a esta doença. O autor identificou QRLs em vários cromossomos por meio de marcadores microssatélites e AFLPs e, na maioria dos QRLs detectados, os alelos de resistência provieram do genitor resistente. A identificação dos QRLs e o entendimento da resistência à antracnose foliar no milho oferece subsídios para a identificação futura de genes e elucidação dos mecanismos envolvidos na expressão da resistência.

Na mesma linha de trabalho, Matiello (2004) buscou determinar a herança da resistência à antracnose do colmo em milho, identificando locos de resistência quantitativa (QRL) por meio de marcadores moleculares, além de estimar os danos potenciais na produção de grãos. De maneira geral, foram identificados sete marcadores ligados a alelos de resistência a *C. graminicola*, agente causal da antracnose, com coeficientes de regressão variando de 2,1% até 14,7%. O autor destaca o pioneirismo do trabalho, que se trata do primeiro relato de mapeamento de vários QRLs relacionados a *C. graminicola* e de estimativas de danos deste patógeno em milho tropical.

2.4 Interação QTLs x ambientes

A interação genótipo x ambiente ocorre quando dois ou mais genótipos apresentam desempenho diferenciado em ambientes distintos, o que é descrito como sensibilidade genotípica diferencial aos ambientes (Falconer & Mackay, 1996). Com o aumento da disponibilidade de marcadores moleculares e a perspectiva do uso das informações em programas de seleção assistida, fez-se necessário a verificação da presença de interações QTL x ambiente, para várias culturas e caracteres de interesse.

Os ambientes podem ser bióticos ou abióticos. Assim, consideram-se como ambientes abióticos locais de avaliação, anos agrícolas, épocas de plantio num mesmo ano, condições contrastantes dentro de um mesmo local como, por exemplo, presença e ausência de irrigação. No caso dos *topcrosses* a base genética dos testadores utilizados pode, também, representar ambientes bióticos distintos, nestes casos genético.

O desenvolvimento de marcadores de DNA possibilitou a construção de mapas de ligação para boa parte das plantas cultivadas, o que facilitou o entendimento da base genética de caracteres quantitativos pelo mapeamento de QTLs, para várias culturas e diversas características. A presença de interação QTL x ambiente foi detectada pela inconsistência na detecção de QTLs em ambientes distintos, bem como pela variação de seus efeitos.

Num programa de melhoramento de plantas, busca-se selecionar genótipos com desempenho estável em diversos ambientes. Estudos conduzidos em ambientes contrastantes para vários caracteres agronômicos sugerem que conjuntos diferenciados de alelos e, possivelmente, locos diferentes, são responsáveis pela expressão dos mesmos em condições ambientais distintas. Dessa forma, é extremamente desejável num programa de seleção assistida por marcadores a identificação de QTLs consistentes ao longo dos ambientes (Veldboom & Lee, 1996).

Lynch & Walsh (1998) citam o problema da ocorrência de interação QTLs x ambientes e comentam sobre as duas abordagens que têm sido utilizadas para estudo dessas interações: (1) a consistência das associações entre as marcas e o caráter sob estudo ao longo dos ambientes considerados e (2) métodos envolvendo análises de variância, incorporando termos específicos para a interação.

A avaliação da consistência das associações consiste em se verificar se uma determinada associação marca-caráter se repete em todos os ambientes, ou ao menos na maior parte dos ambientes utilizados. A repetição das associações ao longo dos ambientes é tomada como evidência da ausência de interação QTLs x ambientes, enquanto a detecção da associação em apenas um ou alguns dos ambientes é considerada como evidência de interação.

Porém, Lynch & Walsh (1998) ressaltam que um QTL pode ter efeito significativo em todos os ambientes mesmo na presença de forte interação. De forma semelhante, o baixo poder de detecção do teste utilizado pode resultar na detecção de um QTL em apenas alguns ambientes, embora seus efeitos sejam idênticos em todos eles.

Vários são os trabalhos disponíveis que visam detectar e compreender a interação QTL x ambiente. Ajmone-Marsan et al. (1994) identificaram QTLs para o caráter altura de planta em milho numa população F_2 derivada do cruzamento entre duas linhagens elite, cujas plantas foram avaliadas em *testcrosses* com dois testadores geneticamente divergentes entre si. O número de QTLs detectados foi fortemente dependente do testador utilizado, e variou de um a quatro, para os testadores Mo17 (Lancaster) e A1 (ISSS), respectivamente. Os QTLs identificados neste estudo localizavam-se em regiões próximas a genes que sabidamente afetam o caráter altura de planta e tais regiões coincidiram com as identificadas em estudos anteriores para o mesmo caráter, porém utilizando-se diferentes populações. Dois dos QTLs identificados encontravam-se em regiões nas quais QTLs relacionados à produtividade de grãos foram também detectados na mesma população utilizada no estudo. Os autores sugerem que esses resultados podem ser explicados por pleiotropia ou por forte ligação entre os QTLs.

Kozumplick et al. (1996) verificaram a consistência de QTLs ao longo de duas populações contrastantes de milho. As linhagens formadoras das populações utilizadas no estudo são derivadas de variedades de milho croatas de polinização aberta. Dez linhagens, originadas das variedades citadas, foram cruzadas com outras duas em esquema fatorial, cujos coleóptilos foram coletados e analisados com base em 24 locos de isoenzimas. A linhagem que apresentou maior polimorfismo foi escolhida e autofecundada, gerando 600 plantas F_2 , que foram submetidas à autofecundação para obtenção das 169 famílias F_3 utilizadas no trabalho. De cada família F_3 , 10 sementes foram separadas e utilizadas para a posterior genotipagem por marcadores RFLPs e microssatélites. As análises moleculares foram efetuadas nas 20 famílias mais produtivas e nas 20 famílias menos produtivas, considerando o caráter produtividade de grãos.

Os autores citados acima executaram as análises de variância para os caracteres produtividade de grãos, altura de plantas e florescimento masculino, com o objetivo de comparar as estimativas das variâncias genotípicas e fenotípicas, bem como a interação genótipo x ambiente. Empregaram análises de variância para a detecção de QTLs pontuais e mapeamento por intervalo utilizando-se o aplicativo Mapmaker. Nas 20 famílias menos produtivas, denominadas de população 1, detectaram maior polimorfismo e maior número de QTLs quando comparada à população 2, constituída pelas 20 famílias mais produtivas. Nas duas populações, os QTLs com efeitos significativos para o caráter produtividade de grãos em milho foram encontrados nos cromossomos 1, 6 e 10. Para altura de plantas foram encontradas regiões significativas nos cromossomos 1, 3, 5 e 6 e quanto ao florescimento masculino as regiões importantes localizaram-se nos cromossomos 1, 3, 6, 8, e 9. É importante destacar que as populações não apresentaram nenhum QTL em comum, considerando os três caracteres avaliados.

Veldboom & Lee (1996) verificaram a consistência de QTLs para caracteres morfológicos de milho em condições de umidade contrastantes. Florescimento, altura de planta e altura de espiga foram examinados em duas safras subseqüentes, no mesmo local. Os autores realizaram a identificação de QTLs em cada ambiente e na média destes, a fim de se determinar diferenças na resposta ambiental aos fatores genéticos responsáveis pelos caracteres sob estudo.

Todos os caracteres medidos apresentaram diferenças significativas entre os dois ambientes. Os resultados mostraram que cerca de 50% dos QTLs foram detectados em ambos os ambientes, tanto para os componentes de produção como para os caracteres morfológicos, embora os seus efeitos não tenham sido exatamente os mesmos. Assim, um QTL apresentando efeito pronunciado em determinado ambiente não foi necessariamente encontrado no ambiente contrastante. Os autores destacam que os caracteres de florescimento mostraram ser indicadores de condição de estresse, sendo sabidamente afetados pela disponibilidade de água. Assim, tais QTLs podem estar relacionados com mecanismos de adaptação da planta para a condição de estresse devido a umidade.

Embora no estudo de Veldboom & Lee (1996) apenas 69% de todos os QTLs tenham sido identificados na média dos ambientes, 81% daqueles identificados em condições normais de umidade e 71% dos detectados em condição de estresse hídrico também o foram na média dos ambientes. Os autores sugerem que a identificação de QTLs na média dos ambientes é, aparentemente, a melhor estratégia a ser seguida, tendo em vista programas de seleção assistida por marcadores.

Lu et al. (1997) mapearam QTLs relacionados com caracteres agronômicos no arroz cultivado. Uma cultura de anteras, derivada de uma população duplo-haplóide, foi estabelecida a partir do cruzamento entre variedades de arroz "indica" e "japonica". O mapa genético foi construído baseado em dados de RFLP obtidos a partir 132 linhagens duplo-haplóides, composto por 137 locos distribuídos ao longo dos doze cromossomos, com distância média entre marcas de 14,8 cM. Os autores destacam que uma população duplo-haplóide apresenta segregação permanente, pois sua estrutura genética é fixa, de forma que pode ser conduzida em diferentes épocas e locais para detecção de QTLs, possibilitando a avaliação da interação genótipo x ambiente. Foram encontradas evidências desta interação pela comparação de QTLs obtidos para a mesma população segregante em três ambientes diferentes. De um total de 22 QTLs, referentes a seis caracteres agronômicos, apenas sete foram detectados em todos os ambientes. Os autores concluíram que a interação QTL x ambientes é fortemente dependente do caráter estudado.

No trabalho de Zhuang et al. (2002), uma população composta de 171 plantas F_2 , oriunda do cruzamento entre duas variedades de arroz do grupo "indica" foram avaliadas na China e genotipadas com 89 marcadores RFLP. Plantas F_3 , derivadas da população F_2 , foram também genotipadas e avaliadas em dois locais distintos, China e Filipinas. Teoricamente, o efeito aditivo deveria ser o mesmo nas gerações F_2 e F_3 , enquanto apenas metade do efeito de dominância de F_2 seria expresso em F_3 . Os QTLs detectados em mais de um ambiente permitiram o teste da estabilidade dos efeitos e os modos de ação dos QTLs ao longo de diferentes gerações e ambientes. Assim, a comparação entre os ambientes apresentou três fatores de confundimento: geração, densidade de plantio (diferença entre China e Filipinas) e o local de instalação. Apenas 17 QTLs de um total de 44 detectados como significativos foram encontrados em mais de um ambiente, indicando que QTLs são afetados pela variação ambiental, embora a estabilidade dos QTLs seja dependente do caráter avaliado. Os autores sugerem que boa parte dos QTLs relacionados a um dado caráter pode ser identificada em diferentes ambientes, especialmente para aqueles que apresentam efeitos mais pronunciados.

Lubberstedt et al. (1997), mapearam QTLs relacionados à qualidade de forragem em milho, verificando a consistência dos QTLs ao longo de diferentes locais e testadores. Duas linhagens elite de milho do tipo duro foram cruzadas e produziram 380 indivíduos F_2 , dos quais 345 foram genotipados com 89 locos RFLP. Os indivíduos F_2 foram autofecundados gerando 380 linhagens F_3 , que foram então cruzadas com dois testadores distintos, de tipo dentado. Os *testcrosses* foram avaliados em cinco ambientes com duas repetições cada um. Foram encontrados marcadores com efeito significativo para os cinco caracteres medidos nos experimentos e apenas alguns destes QTLs mostraram interação QTL x ambiente significativa. Os QTLs encontrados foram coincidentes entre os dois testadores para os caracteres DMC (concentração de matéria seca) e PHT (altura de planta), mas o mesmo não foi válido para DMY (produção de matéria seca), STC (concentração de amido) e STY (produção de amido). Assim, os autores concluem que a interação QTL x ambiente varia conforme o caráter estudado.

Eathington et al. (1997) compararam os efeitos estimados dos marcadores moleculares num *testcross* com progênies de milho S_1 e $S_{4:5}$, utilizando para tal 146 locos RFLP. Considerando todos os caracteres avaliados, as correlações fenotípicas foram menores que as genéticas que, por sua vez, foram menores que as baseadas nos efeitos dos marcadores selecionados na geração S_1 . Os efeitos estimados basearam-se nos marcadores selecionados e não no total de marcas. Por exemplo, os autores encontraram que a correlação fenotípica para produtividade de grãos entre as progênies S_1 e $S_{4:5}$ foi de 0,36, enquanto a correlação genética foi de 0,60. A correlação dos efeitos das marcas selecionadas pelo modelo de regressão foi de 0,86 para o mesmo caráter. Os autores concluíram que os efeitos dos marcadores, estimados na geração S_1 apresentam concordância razoável com os medidos na geração $S_{4:5}$. Portanto a informação fornecida pelos marcadores em gerações precoces pode incrementar a predição do desempenho das gerações futuras.

Para que as associações entre marcadores e QTLs sejam úteis no melhoramento de plantas, estas devem ser consistentes ao longo das populações dentro de um grupo heterótico e ao longo de linhagens testadoras de diferentes bases genéticas (Melchinger et al., 1998; Kerns et al., 1999). Os autores destacam que a identificação de associações entre marcas e QTLs é dependente da geração avaliada, da magnitude dos contrastes entre os alelos, da precisão dos dados, e do número de progênies avaliadas. Todos esses fatores irão afetar as comparações entre as linhagens *per se* e os *testcrosses*. Têm-se ainda que o genótipo do testador afeta a detecção de QTLs e que a identificação dos QTLs é determinada pela variância gerada pelo cruzamento e pela interação dos alelos da linhagem e do testador.

Kerns et al. (1999) também compararam regiões cromossômicas detectadas como significativas para caracteres agronômicos de milho, considerando os resultados oriundos de linhagens $S_{4:6}$ *per se* e em cruzamento com dois testadores distintos, Lancaster e ISSS. Nos anos de 1992 e 1993, 190 famílias $S_{4:5}$ foram cruzadas com uma linhagem elite do grupo ISSS, pertencente à empresa *Garst Seeds*, sendo posteriormente avaliadas em quatro locais diferentes em Illinois e Iowa nos dois anos, num total de oito ambientes. A seguir, 178 linhagens $S_{4:6}$

foram avaliadas em Illinois e Iowa nos anos de 1995 e 1996, num total de quatro ambientes. Estas famílias foram cruzadas com uma linhagem do grupo heterótico Lancaster, também pertencente à empresa *Garst Seeds*, sendo os *testcrosses* avaliados em oito ambientes em Illinois e Iowa nos anos de 1995 e 1996, como no caso do testador ISSS. Foram medidas as características produtividade de grãos, umidade na colheita, quebramento, altura de planta e de espiga.

Neste mesmo trabalho (Kerns et al., 1999), as associações entre marcadores e QTLs foram determinadas utilizando as médias ajustadas obtidas nas análises de variância e, para a genotipagem das famílias dentro de cada geração, foram utilizados 157 locos de marcadores RFLP. Dado que as famílias são oriundas de população obtida pelo cruzamento de linhagens endogâmicas, mais que dois alelos por loco foram encontrados para boa parte das marcas. Os efeitos considerados favoráveis neste trabalho foram aqueles que aumentaram a produtividade de grãos e o índice *test weight* e que diminuíram a umidade na colheita, o quebramento, e a altura de planta e de espiga. Das análises de variância, as marcas associadas aos alelos de efeito favorável para um dado caráter foram identificadas considerando o nível de significância de $P < 0,05$. Nas análises de regressão múltipla, os autores utilizaram o procedimento *stepwise* sendo as marcas incluídas e excluídas do modelo com valor de $P < 0,10$. Para verificar a magnitude da variação e da proporção da variância aditiva explicada pelo modelo foram utilizados os valores R^2 da regressão múltipla. A produtividade de grãos foi maior e o quebramento foi mais baixo nos *testcrosses* envolvendo o testador ISSS em comparação com o testador Lancaster. Já a altura de plantas e de espigas foi menor nos *testcrosses* com o testador Lancaster. Considerando todos os caracteres avaliados, mais marcas foram detectadas com efeito significativo nos cruzamentos com o testador ISSS do que nos cruzamentos com o testador Lancaster. Esses resultados estão de acordo com os publicados anteriormente por Ajmone-Marsan (1994) e apoiam a idéia de que algum tipo de interação intra ou inter alélica pode estar mascarando os QTLs no *testcross*.

No melhoramento do sorgo, têm-se utilizado o caráter *stay green* para selecionar, de forma indireta, plantas resistentes ao estresse hídrico. Assim, Tao et al. (2000) buscaram identificar QTLs relacionados ao *stay green* que fossem consistentes ao longo de um conjunto de ambientes. Os autores utilizaram 152 RILs (*recombinant inbred lines*) de sorgo, genotipadas por 101 marcadores RFLP e 17 microssatélites, compondo um total de 118 marcas. Os experimentos de campo foram conduzidos em sete locais em três diferentes anos agrícolas, de 1995 a 1997. Porém, foram utilizados os dados fenotípicos de apenas cinco dos sete experimentos, sendo escolhidos aqueles que apresentaram condições de estresse hídrico adequadas aos objetivos do trabalho.

O modelo utilizado por Tao et al. (2000) estima a variância genética separadamente para cada local e estabelece, posteriormente, correlações entre os pares de locais. As correlações genéticas entre pares de ambientes variaram entre 0,29 e 0,80, indicando um nível significativo de interação genótipo x ambiente. Assim, a estimativa de um efeito genético geral pode não prover uma representação adequada do *stay green*, uma vez que o nível de interação genótipo x ambiente foi alto. Por este motivo, os QTLs foram mapeados em cada local individualmente, sendo encontradas cinco regiões cromossômicas com efeitos significativos para o caráter sob estudo. Considerando estas cinco regiões, duas apresentaram efeitos significativos em três dos ambientes (regiões B e I), enquanto a região A foi detectada como significativa em dois dos cinco ambientes. A identificação de várias regiões genômicas relacionadas ao caráter *stay green* na população utilizada é um forte indicativo do poder de detecção de QTLs utilizando-se RILs (*recombinant inbred lines*) testadas em vários ambientes. Dado que o sucesso da seleção assistida por marcadores é influenciado pela consistência da expressão de genes ligados às marcas ao longo do ambiente, é desejável o uso de vários ambientes para a determinação do fenótipo de um caráter sob estudo. É importante também que os ambientes empregados representem os alvos para a alocação futura dos genótipos.

É sabido que o sistema radicular desempenha papel muito importante na resistência das plantas de arroz a estresses hídricos o que, por sua vez, está relacionado à produtividade de grãos. A identificação de QTLs relacionados a qualidade de raiz e outros caracteres relacionados à resistência a seca, para uso futuro em programas de seleção assistida por marcadores, pode auxiliar a obtenção de genótipos mais produtivos e estáveis. Sabe-se, porém, que este caráter é muito variável com relação aos ambientes. Visando identificar QTLs mais estáveis, Price et al. (2002a) criaram condições ambientais de estresse hídrico em duas épocas distintas, mais precoce e mais tardia, aos quais as plantas de arroz foram submetidas, de maneira que fosse possível selecionar QTLs que se manifestassem em ambas as situações. As linhagens de arroz foram submetidas aos dois regimes hídricos em dois anos diferentes, de modo que Price et al. (2002b) puderam identificar 24 regiões cromossômicas associadas a caracteres da raiz relacionados à resistência ao déficit hídrico. Os autores reportam forte presença de interação genótipo x ambiente, pois a maioria das regiões se manifestou num ambiente ou noutro, sendo que nenhum QTL foi detectado em todos os ambientes.

Em cevada, Zhu et al. (1999) verificaram a existência de interação genótipo x ambiente para produtividade de grãos. Os autores utilizaram marcadores RFLP para avaliar 100 linhagens duplo-haplóides, avaliadas em experimentos instalados em cinco ambientes distintos, representados por quatro localidades no ano de 1996 sendo um destes avaliado também no ano de 1995. Na detecção de QTLs foram utilizados modelos de regressão múltipla, sendo que a significância e a magnitude dos efeitos das regiões detectadas altamente variáveis conforme o ambiente.

Os QTLs associados à qualidade de cozimento do arroz também apresentam forte interação genótipo x ambiente. Bao et al. (2000) analisaram seis parâmetros relacionados à qualidade do arroz após o cozimento, conhecidos como RVA, utilizando para isso marcadores RFLPs e microssatélites. Os experimentos de campo para obtenção dos dados fenotípicos foram conduzidos em Hainan e Hangzhou, China, nos anos de 1997 e 1998, respectivamente. Foram identificados 20 QTLs para os seis parâmetros avaliados, sendo nove comuns aos dois locais de avaliação. Os autores destacam que os QTLs comuns aos dois ambientes estavam

associados ao gene *waxy* (*wx*). Os resultados revelaram que os caracteres relacionados à qualidade do arroz após o cozimento são controlados por QTLs, sendo o maior efeito associado ao gene *waxy* (*wx*) no cromossomo 6 do arroz.

Com relação a espécies perenes, como árvores frutíferas e florestais, estudos com QTLs têm demonstrado efeitos pronunciados de interação genótipo x ambiente. García et al. (2000) verificaram o efeito de safras na detecção de QTLs em *Citrus* com relação aos seguintes componentes de produção: número de frutos, peso de frutos, tamanho de frutos e número de sementes. Foram utilizados 68 marcadores entre microssatélites, RAPDs, RFLPs e isoenzimas para a genotipagem de 80 árvores numa população segregante. Os dados fenotípicos foram coletados nas safras de 1995, 1996 e 1997 apenas das árvores produtivas. Das 80 árvores genotipadas, 33 produziram frutos nos três anos, enquanto 14 não produziram. Considerando as árvores que produziram nos três anos foram detectados 16 QTLs relacionados ao número de frutos, sendo apenas quatro destes identificado em mais de um ano. Os autores enfatizam que o pequeno número de árvores produtivas por população segregante limitou o poder dos testes na detecção dos QTLs, pois não foi possível obter dados de todos os indivíduos gerados. Outro fator limitante a prejudicar o poder dos testes é a geração da população segregante a partir do cruzamento entre genótipos heterozigóticos, fato comum entre plantas perenes como *Citrus*. Mesmo com tais limitações, o pequeno número de QTLs comuns entre anos indica a forte presença de interação QTL x anos em *Citrus*.

Na cultura da maçã, a textura da polpa na fruta fresca é um componente muito importante. As variedades disponíveis na Europa apresentam grande variação quanto à textura em função de diversos fatores ambientais. O pronunciado efeito do ambiente na qualidade da polpa é fator que prejudica a eficiência dos métodos convencionais de seleção. Por esta razão, King et al. (2000) estudaram caracteres relacionados à textura da polpa procurando identificar QTLs numa população segregante, cujas plantas foram avaliadas em seis locais e em dois anos de colheita. Os autores encontraram efeitos significativos de interação genótipo x ambiente para os caracteres relacionados à textura da polpa. Apesar de a maior parte dos QTLs detectados serem ambiente-específicos, alguns se mostraram efetivos em mais de um ambiente. Os autores sugerem que esses

poucos QTLs sejam utilizados em programas de seleção assistida, auxiliando a seleção de genótipos superiores quanto à textura da polpa e contribuindo para diminuir o efeito do ambiente na manifestação do caráter. Porém, para maior segurança do processo de seleção, estudos devem ser conduzidos com outras populações segregantes e com um maior número de progênies. A maior acurácia na identificação de QTLs possibilitará a seleção dos genótipos superiores nos estágios juvenis.

Ajmone Marsan et al. (2001) utilizaram em conjunto marcadores RFLPs e AFLPs para verificar a presença de interação QTL x ambiente na produção de grãos em milho. Outros caracteres foram avaliados, como concentração de matéria seca e *Test Weight*, um componente de produção que relaciona produção e umidade na colheita. Os diferentes ambientes foram representados por duas localidades no norte da Itália e dois testadores de base genética distinta, ISSS e LSC. Os autores afirmaram que o uso de marcadores AFLP, associados com os RFLP já conhecidos de estudos prévios, possibilitaram a identificação de novos QTLs, principalmente nas regiões teloméricas dos cromossomos. Quanto aos métodos de detecção de QTLs utilizados - Mapeamento por Intervalo Simples (SIM) e o Mapeamento por Intervalo Composto (CIM) – os autores sugerem o método CIM como o mais apropriado, pois apresenta maior poder de detecção de QTLs, além de fornecer estimativas de efeito e de posições mais precisas. A comparação entre os QTLs detectados entre os locais e na média destes foi semelhante, razão pela qual os valores médios foram utilizados para a comparação entre os dois testadores. Porém, essa concordância não foi observada ao se variar a base genética representada pelos testadores, pois dos 36 QTLs identificados para os três caracteres avaliados apenas dois eram comuns a ambos testadores, sendo um relacionado à produção de grãos e outro a concentração de matéria seca. O número de QTLs identificados nos dois *testcrosses* foram nove, 13 e 14, para produção de grãos, concentração de matéria seca e *Test Weight*, respectivamente. Essa inconsistência pode ser explicada pelos efeitos dos alelos do testador na detecção dos QTLs, o que sugere que a expressão dos QTLs é testador-específica, pois que depende das frequências alélicas do testador. Portanto, a escolha do testador é fator crítico na detecção de QTLs e conseqüentemente no seu uso em programas de seleção assistida.

A obtenção de genótipos com alta produção de açúcar é um dos principais objetivos dos programas de melhoramento de cana-de-açúcar, sendo este caráter muito afetado pelo ambiente. O sucesso na obtenção de uma boa variedade de cana-de-açúcar está no balanço entre a produtividade, seus componentes e demais caracteres, como resistências a diversos tipos de estresses. Ming et al. (2002), sugerem que o mapeamento de QTLs, ao aumentar o entendimento das relações entre tais caracteres, facilita a manipulação destas características e o desenvolvimento de variedades. No intuito de encontrar QTLs associados à produtividade de açúcar na cultura da cana, os autores estudaram duas populações segregantes com 264 e 239 indivíduos cada, entre os anos de 1994 a 1996, no Texas, EUA. Foram utilizados 735 marcadores de DNA visando encontrar QTLs para produtividade de açúcar, brix, peso e tamanho de colmos, entre outros componentes de produção. Foram encontradas 102 associações significativas das marcas com as características avaliadas e, deste total, 61 marcas puderam ser alocadas aos mapas de ligação pré-existentes para a cana-de-açúcar, enquanto para as outras 41 marcas o grupo de ligação não foi conhecido. Dentre as 61, 50 puderam ser alocadas em 12 grupos de ligação que correspondem a sete regiões genômicas. Como QTLs foram detectados em regiões semelhantes de cromossomos homólogos, é possível que não sejam QTLs diferentes, mas sim alelos diferentes, dada a natureza poliplóide da cana-de-açúcar. Esses QTLs poderão ser usados nos programas de melhoramento que utilizam as populações citadas para selecionar os genótipos com as características superiores e eliminar os indesejáveis nos estágios iniciais de seleção.

Xing et al. (2002) verificaram que a produtividade de grãos de arroz apresenta forte efeito de interação genótipo x ambiente. Os autores avaliaram o efeito do ano de plantio, instalando experimentos com 240 linhagens recombinantes de arroz em dois anos agrícolas. A genotipagem para posterior detecção de QTLs foi realizada por meio de 220 marcadores entre RFLPs e microsatélites. Dos 29 QTLs identificados, 13 foram específicos de um ou outro ano e, dentre os detectados nos dois anos verificou-se diferente grandeza dos efeitos. Outros autores (Zhuang et al. 2002) encontraram resultados semelhantes utilizando como base outras populações segregantes de arroz, o que mostra a complexidade do caráter dado o grande efeito de interação genótipo x ambiente.

A produtividade de grãos de milho e seus componentes foram estudados por Yadav et al. (2003) no intuito de verificar interações genótipo x ambiente nessas características. Linhagens F_3 foram avaliadas em sete ambientes distintos, representados por anos agrícolas e épocas de plantio. Os autores conseguiram diferenciar três tipos de interação genótipo x ambiente, sendo uma geral, outra relacionada ao efeito de ano e uma última referente à época de plantio. Os autores recomendam que os melhoristas, ao utilizar informações derivadas de QTLs em programas de seleção assistida, tenham bem claro o tipo de ambiente a que se destina o cultivar para escolher os marcadores associados aos QTLs mais adequados para atingir os objetivos do programa.

Visando identificar QTLs relacionados à produtividade de mandioca, Okogbenin & Fregene (2003) conduziram experimentos com 144 indivíduos avaliados em dois locais distintos na Colômbia, em dois anos agrícolas, 1998 e 1999, num total de quatro ambientes. Foram utilizados na genotipagem 250 marcadores moleculares, sendo avaliados seis caracteres relacionados à arquitetura da planta e outros quatro relacionados diretamente à produtividade. Os autores encontraram 30 QTLs relacionados às características citadas, sendo 35% destes detectados em pelo menos dois ambientes. Os outros 65% foram específicos de cada ambiente, o que demonstra forte interação QTL x ambiente na produtividade de mandioca.

Outro caráter que apresenta forte interação genótipo ambiente é a qualidade de fibra em algodão. Paterson et al. (2003) avaliaram o caráter com o auxílio de marcadores moleculares em condições ambientais contrastantes, relacionadas à presença e ausência de irrigação. A coincidência de QTLs identificados nos dois ambientes foi baixa e os autores sugerem que, para que tais regiões cromossômicas sejam úteis em programas de seleção assistida, seria necessário a manipulação de um grande número delas simultaneamente.

Groos et al. (2003) utilizaram 254 locos de marcadores microsatélites, RFLPs e AFLPs para determinar a base genética dos caracteres produção de grãos e teor de proteína em trigo, além de verificar a presença de interação genótipo x ambiente. Para atingir tais objetivos foram conduzidos experimentos em seis locais na França cujos dados foram coletados em 1999.

Foram identificadas 10 regiões cromossômicas relacionadas ao teor de proteína, oito para produção de grãos e nove para peso de 1000 sementes. Os autores consideraram como estáveis apenas as regiões identificadas em pelo menos quatro dos seis ambientes testados. Segundo esse parâmetro, foram consideradas estáveis quatro, uma e três regiões cromossômicas para os caracteres teor de proteína, produção de grãos e peso de 1000 sementes, respectivamente. Não houve coincidência de regiões estáveis entre os caracteres avaliados. Devido ao fato de não haverem sido encontrados efeitos negativos entre os caracteres produção de grãos e teor de proteína, os autores sugerem que seus resultados podem ser utilizados na seleção destas características num mesmo esquema de seleção.

Hittalmani et al. (2003) avaliaram 11 caracteres vegetativos e componentes de produção de arroz, em nove localidades asiáticas com condições climáticas e agrícolas distintas. O objetivo do trabalho foi a identificação de QTLs estáveis ao longo dos diferentes ambientes, que pudessem ser utilizados posteriormente em programas de seleção assistida por marcadores. Para a identificação dos QTLs foram utilizadas 253 marcadores entre RFLPs, isoenzimas, RAPDs, microsatélites e genes clonados. Produção de grãos foi o caráter que apresentou o maior percentual de interação genótipo x ambiente, enquanto altura de plantas foi o caráter menos afetado pelos fatores ambientais. No total dos nove locais, considerando os 11 caracteres, foram detectados 126 QTLs sendo 34 destes detectados em pelo menos dois ambientes. O número de QTLs detectado por caráter e por local variou de zero a quatro, mas os autores destacam que muitos dos QTLs foram identificados no mesmo intervalo em mais de um ambiente, o que é indicativo de que determinados caracteres de importância agrônômica são estáveis e, portanto, não afetados por fatores ambientais. Tais QTLs são interessantes para uso em programas de seleção assistida por marcadores.

Li et al. (2003) verificaram a presença de interação QTL x ambiente em arroz para características sabidamente de herdabilidade alta, como altura de planta (AP) e data de florescimento (DF). Os autores conduziram dois conjuntos de experimentos em nove ambientes distintos em quatro países asiáticos. O primeiro experimento foi composto por 135 linhagens duplo-haplóides e o segundo por 82

das linhagens duplo-haplóides originais em conjunto com as duas linhagens genitoras. Para as duas características avaliadas foram detectados 37 QTLs em 56% dos ambientes, havendo forte presença de interação QTL x ambiente. De modo geral, os QTLs detectados em múltiplos ambientes apresentam efeitos coincidentes quanto à direção, mas contrastantes quanto a magnitude. Os autores concluíram que o efeito da interação genótipo x ambiente é específico do gene e do caráter, afetando mesmo os caracteres que apresentam herdabilidade alta, com altura de planta e ciclo.

Ainda tratando da cultura do arroz, para que as panículas apresentem alta capacidade de enchimento de grãos, é preciso considerar a distribuição das espiguetas dentro das panículas, bem como o número de espiguetas por panícula. Kato (2204) examinou quatro características relacionadas ao número e distribuição de espiguetas por panícula, procurando identificar QTLs a elas relacionados ao longo de anos agrícolas. Foram utilizados 375 marcadores moleculares e os experimentos de campo foram conduzidos no Japão nos anos de 1997, 1998, 2000 e 2001. Por meio de análises de variância o autor verificou quais regiões cromossômicas estavam relacionadas aos componentes de produção de grãos em arroz. Foi observado que as regiões cromossômicas relacionadas ao aumento do número de espiguetas por panícula são também responsáveis pelo aumento no número de espiguetas nos ramos secundários, caracterizadas por um baixo grau de enchimento de grãos. Por outro lado, uma região no cromossomo 3 estava associada tanto ao aumento do número de espiguetas por panícula quanto pelo aumento no número de espiguetas nos ramos primários, que ao contrário das inicialmente citadas são caracterizadas por um alto grau de enchimento de grãos. Para a maioria das características avaliadas, a presença de interação genótipo x ambiente foi acentuada. Porém, o mesmo não ocorreu com a região do cromossomo 3 supra-citada, indicando que essa região é apropriada para o uso em programas de seleção assistida para o desenvolvimento de variedades de arroz com tipos superiores de panículas.

Uma maneira inovadora de identificar a interação QTL x ambiente e, posteriormente, desenvolver variedades melhor adaptadas aos ambientes por meio de seleção assistida por marcadores foi proposta por Steele et al. (2004). Indivíduos oriundos de uma população segregante de arroz foram avaliados em vários ambientes distintos e, com o auxílio de agricultores, selecionados os ecótipos ideais para cada região, sem inferir *a priori* qual caráter seria importante. Posteriormente, foram identificados locos relacionados a caracteres importantes para a estabilidade dos genótipos nos vários ambientes. Os autores sugerem que as regiões cromossômicas identificadas por este processo sejam utilizadas na produção de variedades de segunda geração, produzindo genótipos ideais para ambientes específicos.

De Koeyer et al. (2004) verificaram a ocorrência de interação genótipo x ambiente em 16 caracteres agrônômicos e de composição química em aveia. Os autores utilizaram 430 marcadores genéticos, entre AFLPs, RFLPs, RAPDs SCARs e marcadores fenotípicos, na genotipagem de 101 linhagens recombinantes (ou RILs), que foram avaliadas em experimentos em 13 ambientes distintos. Os ambientes foram representados por locais nos Estados Unidos e no Canadá nos anos agrícolas de 1992 a 1997. Foram encontrados 34 QTLs para 12 das 16 características estudadas, sendo que a maioria destes QTLs ocorreram em regiões cromossômicas já citadas em estudos anteriores com outras populações segregantes de aveia. Foram identificadas, também, nove regiões cromossômicas contendo QTLs que afetavam simultaneamente várias das características estudadas. Os autores concluíram que na cultura da aveia a detecção de QTLs é fortemente influenciada pelo ambiente, destacando que esse efeito foi mais acentuado na região situada próxima ao *locus N₁*, no grupo de ligação 5, relacionado com a deposição de lignina nas espiguetas em desenvolvimento. Das 16 características avaliadas, 14 apresentaram interação genótipo x ambiente nesta região cromossômica.

A produção de óleo na cultura do girassol é grandemente afetada pelas condições ambientais, particularmente por caracteres como resposta ao fotoperíodo (RF) e número de graus dia para florescimento (GDF). Com o intuito de identificar QTLs relacionados às características citadas e verificar a ocorrência de

interação genótipo x ambiente, Leon et al. (2004) avaliaram progênes segregantes de girassol em seis ambientes diferenciados quanto às condições de fotoperíodo, representados por combinações distintas de locais, anos e épocas de plantio. A genotipagem foi realizada por meio de 205 locos RFLP, sendo encontrados seis QTLs relacionados a GDF. No conjunto, esses QTLs respondem por 76% da variância genética do caráter. Os efeitos dos QTLs indicam ação gênica predominantemente aditiva para a característica. Os autores destacam que tais resultados irão orientar esquemas de retrocruzamento visando à conversão de germoplasma sensíveis às condições de fotoperíodo.

Moreau et al. (2004) avaliaram 300 linhagens $F_{3:4}$ de milho, derivadas do cruzamento de duas linhagens endogâmicas, em *topcrosses* realizados numa ampla gama de ambientes, representados por 11 locais no norte da França e dois anos de avaliação. Em três destes locais, um experimento adicional foi conduzido de modo a simular um ambiente desfavorável: ausência de irrigação e baixo nível de adubação, tendo no total 14 ambientes distintos no ano de 1995. No ano de 1996, mais seis experimentos foram conduzidos em partes dos locais utilizados no ano anterior, com as mesmas condições. O objetivo dos autores foi verificar a magnitude da interação genótipo x ambiente e a estabilidade dos efeitos dos QTLs para produtividade de grãos e caracteres relacionados, como componentes de produção e precocidade. Várias características agrônômicas foram medidas, como produtividade de grãos, peso das sementes, número médio de sementes por planta, data de florescimento e umidade do grão na colheita. Para a detecção de QTLs os experimentos foram divididos em grupos, sendo o primeiro referente aos anos (1995 e 1996) e o segundo relacionado a presença ou ausência de irrigação nos ensaios plantados no ano de 1995. Cerca de nove a 15 QTLs foram detectados para as características, sendo o efeito da interação genótipo x ambiente acentuado para todas elas, principalmente para a produtividade de grãos. Os autores encontraram uma região no cromossomo 8 que parece desempenhar um papel importante quanto à estabilidade da produção de grãos.

3 MATERIAL E MÉTODOS

Os dados utilizados neste estudo foram gerados pelo departamento de pesquisa e desenvolvimento da empresa *Garst Seeds*, com base em Slater, Iowa, EUA, nos anos agrícolas de 1996 e 1997.

3.1 Material

As linhagens escolhidas para gerar a população segregante, B₁₄ e B₃₇, pertencem ao grupo heterótico *Stiff Stalk Synthetic* (ISSS) e diferem entre si quanto aos seguintes caracteres: produtividade de grãos, precocidade e qualidade de raiz (resistência ao acamamento de plantas). Apresentam também boa capacidade de combinação com linhagens pertencentes ao grupo heterótico *Lancaster Sure Crop* (LSC). O objetivo do cruzamento entre B₁₄ e B₃₇ foi o de gerar e selecionar linhagens que mantivessem a elevada produtividade de grãos e o ciclo precoce atribuídos à B₁₄, combinados à boa qualidade de raiz de B₃₇, sem comprometer a capacidade de combinação com linhagens do grupo Lancaster.

Do cruzamento entre as duas linhagens, B₁₄ e B₃₇, foram gerados os indivíduos da geração F₁ que, cruzados ao acaso, originaram a população F₂. Na população F₂, amostraram-se plantas que foram autofecundadas para gerar os descendentes S₁. Essas plantas S₁ foram autofecundadas sem controle genealógico, gerando as linhagens S₂ utilizadas neste estudo.

A genotipagem foi efetuada nas próprias linhagens S_2 , utilizadas nos *topcrosses*. De cada linhagem foram coletadas amostras de dez indivíduos em estágio de duas folhas, para a obtenção de um *bulk* de DNA. Convém reforçar que as plantas S_2 , usadas nos cruzamentos com o testador, não foram as mesmas utilizadas na genotipagem, sendo, no entanto, irmãs de autofecundação destas.

As progêies S_2 foram avaliadas em *topcrosses* representando o genitor feminino, tendo como testador ou genitor masculino quatro linhagens de grupo heterótico contrastante. A base genética de cada uma das quatro linhagens testadoras utilizados neste estudo pode ser visualizada nas Figuras 1, 2, 3 e 4.

Figura 1 - Base genética do testador 1 (T_1): proporção de alelos originários de Lancaster Surecrop: > 75%

Figura 2 - Base genética do testador 2 (T₂): Iodent

Figura 3 - Base genética do testador 3 (T₃): linhagens distintas de SSS, Lancaster, Reid-Krug, Early Butler, CMV₃ e Midland, podendo pertencer ao grupo heterótico Iodent

Figura 4 - Base genética do testador 4 (T_4): proporção de alelos originários de Lancaster Surecrop: 50% < Lancaster < 75%

O cruzamento das linhagens com cada testador diferenciou os grupos de experimentos, que foram instalados em 11 locais com duas repetições por local, nos estados americanos de Iowa, Indiana, Minnesota e Wisconsin. Na Tabela 1 observa-se a relação dos experimentos com os diferentes testadores e seus respectivos locais de avaliação.

O delineamento experimental utilizado foi o de blocos incompletos com tratamentos comuns. Assim, cada bloco conteve na sua formação, híbridos simples comerciais da empresa *Garst Seeds* representando as testemunhas ou tratamentos comuns, além dos *topcrosses* das linhagens S_2 geradas a partir da população segregante. Na Tabela 2 observa-se o número de linhagens e de testemunhas por bloco, para cada conjunto de experimentos.

Tabela 1. Relação de locais de condução dos experimentos

Locais	Estado	Testadores
L ₁	Iowa	T ₁
L ₂	Indiana	T ₁
L ₃	Iowa	T ₁
L ₄	Iowa	T ₁
L ₅	Iowa	T ₄
L ₆	Iowa	T ₄
L ₇	Iowa	T ₄
L ₈	Minnesota	T ₂ + T ₃ + T ₄
L ₉	Minnesota	T ₂ + T ₃
L ₁₀	Wisconsin	T ₂ + T ₃
L ₁₁	Wisconsin	T ₃

Tabela 2. Número de linhagens cruzadas em *topcross* e de testemunhas por experimento

Locais	Testador	Bloco	Tratamentos	Testemunhas	<i>Topcrosses</i> das linhagens
4	T ₁	B ₁	30	6	24
4	T ₁	B ₂	30	6	24
4	T ₁	B ₃	30	6	24
4	T ₁	B ₄	30	5	25
3	T ₂	B ₁	48	9	39
3	T ₂	B ₂	48	9	39
3	T ₂	B ₃	48	9	39
4	T ₃	B ₁	47	7	40
4	T ₃	B ₂	47	7	40
4	T ₃	B ₃	47	7	40
4	T ₃	B ₄	32	9	23
4	T ₄	B ₁	47	7	40
4	T ₄	B ₂	47	7	40
4	T ₄	B ₃	46	7	39

3.2 Métodos

A metodologia adotada pode ser separada em procedimentos de campo, de laboratório e biométrico, como será descrito a seguir.

3.2.1 Procedimentos de campo

Nos anos agrícolas de 1996 e 1997, as linhagens em *topcrosses* foram avaliadas em 11 locais distintos com duas repetições, conforme apresentados nas Tabelas 1 e 2 do item anterior. A densidade de plantio utilizada foi de 24.000 plantas por acre, o que corresponde a 59.300 plantas por hectare, seguindo os padrões da empresa Garst Seeds.

O delineamento experimental utilizado foi o de blocos incompletos com tratamentos comuns (Gomes, 1990). A análise em blocos incompletos possibilitou a comparação entre linhagens presentes nos diferentes blocos, ajustadas pelos valores dos tratamentos comuns ou testemunhas. Possibilitou, também, obter o quadrado médio relativo a linhagens em *topcrosses* ajustadas para o efeito de blocos. Dentre as várias características mensuradas, como produção de grãos, altura de plantas e de espigas, acamamento, quebramento e umidade na colheita, apenas a produção de grãos, medida em kg/ha, foi utilizada nas análises.

A colheita das parcelas foi realizada manualmente e os dados obtidos tabulados e transferidos para uma planilha eletrônica.

3.2.2 Procedimentos de laboratório

Os procedimentos de laboratório foram realizados pelo departamento de pesquisas e desenvolvimento da empresa *Garst Seeds*, com base em Slater, Iowa, EUA, utilizando o protocolo GENTRA, patenteado pela empresa. A genotipagem baseada em RFLPs foi realizada para cada linhagem S_2 . Para a combinação sonda-enzima foram utilizadas as enzimas de restrição *Eco RI* e *Hind III*. As análises de eletroforese foram realizadas em gel de agarose a 1%, em

instrumentação Pharmacia, a 85 V por duas horas, e os *southern blots* feitos imediatamente a seguir, também em equipamento Pharmacia, transferindo-se o DNA para membranas Hybond-N. As sondas foram preparadas com marcação radioativa (^{32}P). A fixação do DNA nas membranas, pré-hibridação, hibridação com as sondas marcadas e revelação foram realizadas segundo os procedimentos propostos em *Current Protocols in Molecular Biology* (Chory *et al.*, 1996). A genotipagem foi efetuada manualmente, atribuindo-se códigos de letras ao polimorfismo detectado pelos 166 locos RFLPs, dos quais apenas 163 mostraram-se polimórficos. Os dados foram então transferidos a uma base de dados para que, unidos aos dados fenotípicos, fossem executados os cálculos relativos à análise genética.

3.2.3 Procedimentos biométricos

A seguir será apresentada a abordagem biométrica para as diferentes fases da análise dos dados gerados.

3.2.3.1 Análises preliminares

Para a obtenção dos dados fenotípicos foram utilizadas linhagens S_2 em *topcrosses*, conforme já apresentado. Dado que as linhagens foram testadas em cruzamento com quatro diferentes testadores, os passos descritos foram executados para cada conjunto de experimentos, envolvendo um testador específico.

A partir dos valores de produção de grãos coletados por parcela, em kg/ha, foram executadas as análises de variância por local, visando à obtenção das médias ajustadas das linhagens. Os procedimentos computacionais foram realizados por meio do aplicativo SAS (SAS Institute, 1992). Em cada um dos experimentos, a soma de quadrados de tratamentos foi desdobrada para isolar a variação entre linhagens, conforme segue:

As médias ajustadas das linhagens, obtidas em cada local, foram utilizadas para a realização da análise de variância conjunta. Devido ao uso dos valores ajustados das médias na análise conjunta, foi necessário calcular o erro efetivo referente às análises por local. Com os valores do erro efetivo por local foi computada a média ponderada dos erros, utilizada na análise conjunta para a realização do teste F, no lugar do quadrado médio do resíduo. As fórmulas para cálculo do erro efetivo por local e da média ponderada dos erros são apresentadas abaixo.

$$QM(\text{Erro efetivo}) = QM_{res} \left[1 + \frac{L(B-1)^2}{BT(BL-1)} \right], \text{ sendo:}$$

L = linhagens por bloco;

B = blocos;

T = testemunhas por bloco.

$$\overline{QM}(\text{Erro efetivo}) = \frac{\sum_i QM(\text{Erro efetivo})_i GL_i}{\sum GL_i},$$

em que o somatório é em relação a locais.

Das análises conjuntas foram obtidos quadrados médios dos efeitos das linhagens e da interação linhagens x locais. Os valores ajustados das médias das linhagens, obtidos por local e na análise conjunta, foram utilizados nas análises de regressão para seleção das regiões cromossômicas associadas ao caráter produção de grãos.

Na análise conjunta sobre locais, baseada nas médias ajustadas dos *topcrosses* das linhagens, tomou-se como medida do erro experimental o quadrado médio $\overline{QM} (Erro\ efetivo) / R$, sendo R o número de repetições por local.

3.2.3.2 Cobertura do genoma pelas marcas utilizadas

Os marcadores utilizados possibilitaram uma boa cobertura do genoma do milho. A distância entre marcas variou de 11,12 cM a 28,61 cM nos dez cromossomos do milho, com média de 15,30 cM (Rumin, 2000).

Segundo Falconer & MacKay (1996), um espaçamento de aproximadamente 20 cM entre os marcadores é necessário para uma boa cobertura do genoma, tendo em vista o uso da informação em programas de melhoramento. Essa distância mínima foi, de forma geral, respeitada nos cromossomos.

3.2.3.3 Seleção de marcas associadas à produção de grãos

Dada a indisponibilidade dos genótipos das linhagens utilizadas na geração da população segregante, considerando os marcadores empregados na genotipagem das linhagens S_2 , não foi possível realizar o mapeamento dos QTLs. Assim, para efetuar a seleção das marcas associadas à produtividade de grãos, utilizou-se o procedimento de regressão múltipla *stepwise*.

Métodos de regressão múltipla são menos precisos e sensíveis na identificação de QTLs quando comparados com os métodos convencionais de mapeamento. Desta forma, apenas as marcas associadas com regiões cromossômicas de efeitos pronunciados são geralmente detectadas por estes

procedimentos. Com o objetivo de favorecer a seleção de um maior número de regiões cromossômicas associadas à produtividade de grãos, optou-se por níveis mais brandos de significância estatística, definidos para determinar a entrada e a permanência de marcas no modelo. Os valores utilizados para entrada e permanência no modelo foram de 0,15 e 0,10 respectivamente.

As análises de regressão foram processadas com as médias ajustadas das linhagens, extraídas das análises de variância, em conjunto com os dados oriundos da genotipagem das marcas, objetivando encontrar o melhor subconjunto de marcas associadas à expressão do caráter avaliado.

Com o intuito de verificar a melhor alternativa de seleção de marcas por meio do modelo de regressão, foram testadas duas abordagens: (1) *stepwise* para o conjunto de genótipos de marcas, sem considerar os grupos de ligação e (2) *stepwise* por cromossomo separadamente, seguido de nova análise de regressão com o conjunto das marcas selecionadas no primeiro passo.

As análises de regressão foram executadas para cada ambiente, físico ou genético, e na média dos locais. Os passos envolvidos na execução das análises de regressão são descritos nos próximos itens.

3.2.3.3.1 Definição dos valores fenotípicos dos homozigotos

Após a obtenção das médias ajustadas, para cada local e para a análise conjunta, os valores foram inseridos numa planilha eletrônica para a definição dos valores fenotípicos do caráter produtividade de grãos associados aos genótipos homozigóticos. Esse procedimento foi realizado para cada marcador separadamente, dentro de cada local ou análise conjunta. Dessa forma, foi possível obter, para cada uma das linhagens, o valor fenotípico da produtividade de grãos associado ao genótipo do marcador.

Um exemplo hipotético considerando nove linhagens e um marcador é apresentado na Tabela 3. Desta Tabela obtém-se:

Média de $A_1A_1 = (9.536,5 + 9.778,3 + 8.954,7)/3 = 9.423,2$ e

Média de $A_2A_2 = (7.236,5 + 7.432,1 + 7.355,5)/3 = 7.341,4$,

que representam os valores a serem utilizados nas análises subsequentes para a definição do alelo favorável do marcador e de seu valor fenotípico.

Tabela 3. Definição dos valores fenotípicos dos genótipos homozigóticos. Exemplo hipotético com nove linhagens e um marcador

Linhagens	Genótipo do marcador	Produtividade de grãos dos <i>topcrosses</i>
1	A_1A_1	9.536,5
2	A_1A_1	9.778,3
3	A_1A_1	8.954,7
4	A_2A_2	7.236,5
5	A_2A_2	7.432,1
6	A_1A_2	8.565,3
7	A_1A_2	8.956,8
8	A_1A_2	9.002,5
9	A_2A_2	7.355,5

Tais análises foram executadas para cada combinação de local/testador e na análise conjunta, de modo que os valores dos homozigotos para cada marcador foram definidos levando-se em consideração os dados de cada ambiente.

3.2.3.3.2 Definição dos alelos favoráveis dos marcadores

Definida a média, em kg/ha, dos indivíduos homozigóticos para as marcas RFLP, passou-se à identificação dos homozigotos favoráveis. Para isso, foi efetuado o contraste entre as médias dos homozigotos, conforme a definição de Falconer & MacKay (1996).

Considerando o loco A, com dois alelos marcadores A_1 e A_2 , o desvio genotípico é representado por:

$$"a" = \frac{(\bar{Y}_{A_1A_1} - \bar{Y}_{A_2A_2})}{2}, \text{ sendo}$$

"a" = desvio genotípico para o loco marcador em questão;

$\bar{Y}_{A_1A_1}$ = média ajustada dos indivíduos com o genótipo marcador A_1A_1 ;

$\bar{Y}_{A_2A_2}$ = média ajustada dos indivíduos com o genótipo marcador A_2A_2 .

Quando o valor médio dos homozigotos apresentou um valor "a" positivo, este foi considerado favorável. No caso de apresentar valor "a" negativo, o homozigoto foi classificado como desfavorável. Após a definição dos homozigotos favoráveis e desfavoráveis, para cada marca utilizada na genotipagem, o loco correspondente foi codificado para possibilitar a realização das análises de regressão. A codificação de cada loco seguiu o seguinte princípio: ao homozigoto favorável atribuiu-se o valor 1, enquanto o homozigoto desfavorável recebeu o valor -1. Quando o genótipo apresentava apenas uma cópia do alelo favorável o loco recebeu o valor 0.

O cálculo dos valores genotípicos foi executado conforme descrito anteriormente nos locos portadores de apenas dois alelos, considerando-se como alelo favorável aquele cujo homozigoto apresentava um valor "a" positivo. Convém destacar, entretanto, que cerca de 30% dos locos apresentavam alelos múltiplos,

havendo desta forma mais de duas classes de homozigotos. Nestes casos, foi considerado como favorável o homozigoto que apresentou o maior valor, em kg/ha, em contraste com os demais, recebendo o valor 1. Quando apenas uma cópia do alelo considerado como favorável estava presente num loco, este foi considerado heterozigoto para o alelo favorável e recebeu o valor 0. Os locos que não possuíam nenhuma cópia do alelo favorável receberam valor -1. Essa abordagem tornou possível a utilização dos dados fornecidos por todos os locos nas análises de regressão, sem que fosse necessário o descarte de locos que poderiam conter informações relevantes com relação ao caráter avaliado.

Os passos descritos neste item foram repetidos para todos os 163 locos RFLP utilizados neste estudo, em cada ambiente separadamente.

3.2.3.3.3 Montagem dos arquivos de regressão

Nas análises de regressão, os arquivos utilizados foram construídos conforme apresentado na Tabela 4, em planilha eletrônica do aplicativo Excell.

Após a montagem dos arquivos, para cada local e análises conjuntas, o método de regressão múltipla *stepwise* foi aplicado para cada conjunto de dados por meio do aplicativo SAS (SAS Institute, 1992). Os comandos de programação são apresentados na Figura 5. Para facilitar a exposição do programa, foi considerado um exemplo hipotético contendo cinco marcadores (variável X) e n linhagens (variável Y).

Tabela 4. Formato do arquivo de dados utilizado na análise de regressão incluindo os genótipos das marcas e os dados fenotípicos de cada linhagem em *topcross*

Marca 1	Marca 2	Marca 3	...	Marca m	Produtividade de grãos
1	-1	-1	...	0	9.502,2
-1	0	1	...	1	8.867,0
0	1	1	...	1	9.900,5
...	...	...	...	...	...
...	...	...	...	...	...
...	...	...	...	...	...
...	...	...	...	...	...
1	-1	0	...	-1	8.567,4

```

OPTIONS NODATE NONUMBER;
TITLE "Análise de regressão múltipla";
DATA exemplo; INPUT M1 M2 M3 M4 M5 Prod; OUTPUT;
CARDS;
0 1 -1 -1 1 8.526,3
1 0 1 0 -1 9.665,2
-1 -1 1 1 1 8.757,5
1 0 1 -1 0 1 9.006,4
0 1 -1 -1 1 8.727,5
1 0 1 0 -1 9.684,2
-1 -1 1 1 1 8.632,5
1 0 1 -1 0 1 7.996,5
1 1 -1 -1 0 8.623,9
0 -1 0 -1 1 7.632,1
;
RUN;
PROC REG DATA= exemplo;
MODEL Prod=M1 M2 M3 M4 M5/SELECTION=STEPWISE SLENTRY=0,15 SLSTAY=0,10;
RUN;

```

Figura 5 – Sequência de comandos no aplicativo SAS utilizados nas análises de regressão múltipla (*stepwise*)

3.2.3.4 Cálculo do valor $\hat{p}$

Para quantificar a proporção da variação explicada pelos marcadores moleculares, calculou-se o valor $\hat{p}$, conforme proposto por Bearzoti e Vencovsky (1998). A composição do parâmetro p pode ser vista a seguir:

$$\hat{p} = \frac{\sigma_m^2}{\sigma_g^2} = \frac{\sigma_m^2}{\sigma_m^2 + \sigma_h^2} \quad \text{sendo,}$$

$\hat{p}$ = proporção da variância genética explicada pelos marcadores;

σ_g^2 = variância genética entre as progênes;

σ_m^2 = variância genética explicada pelos marcadores;

σ_h^2 = variância genética não explicada pelos marcadores.

A estimativa $\hat{p}$ foi calculada a partir dos quadrados médios de regressão e dos desvios, oriundos das análises de regressão múltipla, juntamente com os valores dos quadrados médios de linhagens e resíduo, obtidos da análise de variância por local. Na Tabela 5 são apresentadas as esperanças dos quadrados médios utilizadas no cálculo de $\hat{p}$ para cada local. As estimativas das componentes σ^2 , σ_m^2 e σ_h^2 foram obtidas a partir dos quadrados médios respectivos, conforme os valores de E(QM) da Tabela 5, empregando-se o método dos momentos.

Tabela 5. Esquema da análise de variância e esperanças dos quadrados médios relacionados ao cálculo do valor $\hat{p}$. Análise por local.

FV	GL	E(QM)	QM
Linhagens	(t - 1)	$\sigma^2 + r(\sigma_h^2 + \sigma_m^2)$	QM _{linhagens}
Regressão	k	$\sigma^2 + r\sigma_h^2 + [r(t-1)/k]\sigma_m^2$	QM _{regressão}
Desvios	(t - k - 1)	$\sigma^2 + r\sigma_h^2$	QM _{desvios}
Erro	t(r - 1)	σ^2	QM _{erro}
Total	tr - 1		

t = número de linhagens;

k = número de marcadores;

r = número de repetições.

Enquanto os valores das soma de quadrados de linhagens ($SQ_{linhagens}$) e da soma de quadrados do erro (SQ_{erro}) provém da análise de variância por local, as quantidades $SQ_{regressão}$ e $SQ_{desvios}$ são obtidas pela associação dos valores de $SQ_{linhagens}$ e do R^2 , obtidos da análise de variância por local e da análise de regressão múltipla, respectivamente. Assim, temos:

$SQ_{regressão} = SQ_{linhagens} (R^2)$, com k graus de liberdade, e

$SQ_{desvios} = SQ_{linhagens} (1 - R^2)$ com (t - k - 1) graus de liberdade.

De posse dos valores de $QM_{regressão}$ e $QM_{desvios}$, obtidos a partir de $SQ_{regressão}$ e $SQ_{desvios}$, foi possível estimar as quantidades σ_m^2 , σ_h^2 , conforme exposto a seguir, com as quais se calculou o valor $\hat{p}$.

$$\sigma_m^2 = \frac{(QM_{regress\tilde{a}} - QM_{desvios})}{\frac{r(t-1)}{k}};$$

$$\sigma_h^2 = \frac{QM_{desvios} - Q_{Merro}}{r}.$$

Na análise conjunta dos locais, foi calculado um valor aproximado de $\hat{p}$ para estimar a proporção da variância explicada pelas marcas, de acordo com o exposto em Rumin (2000) e Silva (2001).

Após a identificação das marcas associadas ao caráter produção de grãos, os valores do coeficiente parcial de regressão (b_j), obtidos do *stepwise*, foram utilizados nos cálculos do índice de seleção.

3.2.3.5 Cálculo do índice de seleção de linhagens

As marcas selecionadas pelo procedimento anterior foram utilizadas nos cálculos do índice de seleção de linhagens, com o objetivo de identificar as linhagens mais promissoras, com relação à produção de grãos, em cada ambiente avaliado.

Foi utilizado o índice proposto por Rumin & Vencovsky (2001). A composição do índice de seleção baseia-se nos coeficientes b_j oriundos da análise de regressão múltipla e na constituição genotípica das linhagens, com relação às marcas selecionadas. O índice considera o comportamento próprio das linhagens, em cruzamento com o testador específico de cada experimento, bem como uma medida da complementaridade genotípica de cada linhagem com as demais.

Na regressão múltipla foi empregado o modelo linear usual, ou seja,

$$Y_i = \mu + b_1 x_{i1} + b_2 x_{i2} + \dots + b_j x_{ij} + \dots + b_m x_{im} + \overline{d_i}, \text{ onde:}$$

Y_i = média da produtividade de grãos da linhagem i em *topcross* ($i = 1, 2, \dots, n$);

μ = intercepto;

b_j = efeito genotípico associado ao loco marcador j ($j = 1, 2, \dots, m$), cuja participação no modelo foi decidida anteriormente pelo processo *stepwise* de regressão, aplicado por cromossomo, conforme já exposto;

x_{ij} = variável matemática indicativa do estado genotípico da linhagem i , no loco marcador j , valendo 1, 0 ou -1. Como já mencionado, x_{ij} valerá 1 se a linhagem for homozigótica na marca j e estiver associada a efeitos favoráveis; será -1 para os homozigotos associados a efeitos desfavoráveis e será 0 se a linhagem for heterozigótica nesse loco marcador j ;

d_{ij} = desvio em relação ao modelo e engloba o erro experimental ocorrido na observação Y_i bem como qualquer insuficiência paramétrica do modelo.

Observa-se, nesse modelo, que os coeficientes b_j são equivalentes a efeitos aditivos ponderados por termo dependente da ligação, associados às marcas. No caso, por exemplo, de um só QTL ($Q; q$) ligado à marca M (M_1, M_2) em que os efeitos genotípicos são dados por: $QQ: \mu + a$; $Qq: \mu + d$ e $qq: \mu - a$ e a fração de recombinação entre Q e M é c , tem-se que $b = a(1 - 2c)$, se as frequências alélicas forem 0,5 e a população for uma geração F_2 . Percebe-se que, nestas condições, há correspondência entre b e o desvio genotípico " a ", mostrado anteriormente.

Para um par de linhagens i e i' , o índice utilizado é dado por:

$$I_{ii'} = L_{ii'} + D_{ii'}, \text{ onde}$$

$I_{ii'}$ = valor atribuído às linhagens i e i' , referente às marcas selecionadas;

$L_{ii'}$ = valor médio das linhagens i e i' , em cruzamento com o testador, para as marcas utilizadas;

$D_{ii'}$ = medida da complementaridade genotípica entre as linhagens i e i' , para as marcas utilizadas.

O parâmetro $L_{ii'}$ é dado por $L_{ii'} = (L_i + L_{i'})/2$ onde:

$$L_i = \frac{L'_i}{L_{\max}},$$

$$L'_i = \frac{\sum_j b_j x_j}{m},$$

$$L_{\max} = \frac{\sum_j |b_j|}{m}.$$

Na expressão de L'_i , o valor de x_j é igual a 1, 0 ou -1, conforme esteja associado a um efeito positivo ou negativo da marca, conforme já exposto.

O parâmetro $L_{\max}$ é uma medida do comportamento de uma linhagem hipotética e superior em todos os m locos considerados, ou seja, aquela em que todos os valores x_j são iguais a 1. Por sua vez, o parâmetro L_i mede o afastamento da linhagem i em relação ao valor máximo hipotético $L_{\max}$, que

representa o genótipo ideal. O valor do parâmetro L_i é dado por $L_i = L_i' / L_{\max}$, como já exposto.

As definições apresentadas acima valem também para a outra linhagem do par, i' , sendo que $L_{i'} = L_{i'}' / L_{\max}$.

O segundo componente do índice de seleção, $D_{ii'}$, mede a complementaridade genotípica entre os locos das marcas selecionadas para cada par de linhagens i e i' , sendo composto por $D_{ii'} = D_{ii'}' / D_{\max}$, onde:

$$D_{ii'}' = \sqrt{\sum_j \left[b_j (x_{ij} - x_{i'j}) \right]^2 / m}$$

$$D_{\max} = \sqrt{\frac{\sum_j b_j^2 [1 - (-1)]^2}{m}} = 2 \sqrt{\frac{\sum_j b_j^2}{m}}$$

A quantidade $D_{ii'}'$ representa a medida da distância euclidiana entre qualquer par de linhagens i e i' . Da mesma forma que o componente anterior, é baseado nos coeficientes b_j , oriundos da análise de regressão múltipla e na constituição genotípica das linhagens, com relação às marcas selecionadas.

Por sua vez, a medida $D_{\max}$ mede a distância máxima teórica entre duas linhagens i e i' , sendo i a linhagem ideal apresentada anteriormente e i' uma linhagem contrastante, inferior em todos os m locos considerados, ou seja, onde os valores x_j para todos os locos considerados são iguais a -1.

De forma análoga à exposta para o parâmetro L_i , $D_{ii'}'$ foi calculado para os pares de linhagens sendo em seguida dividido pelo valor $D_{\max}$. Assim, $D_{ii'}$ representa a distância entre duas linhagens i e i' com relação à distância máxima possível entre um par de linhagens.

O índice de seleção foi calculado para todos os pares de linhagens em cada um dos experimentos e na análise conjunta dos locais, utilizando os recursos do aplicativo Excell. Os arquivos de dados para o cálculo do índice de seleção foram gerados em planilha eletrônica, conforme exemplo hipotético apresentado na Tabela 6. Neste exemplo, por facilidade de exposição, foram consideradas cinco marcas associadas ao caráter e 10 linhagens. Os parâmetros do índice foram estimados por meio das fórmulas inseridas no aplicativo utilizado.

Tabela 6. Formato do arquivo gerado para cálculo do índice de seleção. Valores hipotéticos do coeficiente b_j da regressão múltipla para as marcas selecionadas.

Linhagens	Marca 1	Marca 2	Marca 3	Marca 4	Marca 5
1	123,4	-250,8	187,7	323,0	0
2	123,4	0	0	323,0	0
3	-123,4	250,8	0	-323,0	-138,7
...	...	...	...	...	...
10	0	250,8	-187,7	323,0	138,7

Assim, para cada par de linhagens i e i' , foram obtidos os valores de $I_{ii'}$, mostrados a seguir na Tabela 7. Visando a facilidade de exposição, foi utilizado novamente um exemplo hipotético com 10 linhagens.

Tabela 7. Formato de arquivo de dados obtido após a aplicação do índice de seleção.

Valores dos componentes $L_{ii'}$, $D_{ii'}$ e do índice, $I_{ii'}$, para os pares de linhagens. Exemplo hipotéticos com 10 linhagens

Pares de linhagens	$L_{ii'}$	$D_{ii'}$	$I_{ii'}$
1 e 2	1,3	0,6	1,9
1 e 3	1,1	0,5	1,6
...			
1 e 10	0,9	0,9	1,8
2 e 3	1,5	0,7	2,2
2 e 4	1,9	0,5	2,4
...			
8 e 9	1,1	0,5	1,6
8 e 10	1,6	0,9	2,5
9 e 10	1,3	0,4	1,7

3.2.3.6 Atribuição dos valores obtidos pelo índice para cada linhagem separadamente

Conforme foi abordado, o índice de seleção utilizado é calculado para cada par de linhagens, i e i' , em um determinado ambiente. Assim, para a atribuição de valores separados por linhagem, foi necessário organizar os valores calculados de $I_{ii'}$ numa tabela de dupla entrada construída para a obtenção dos valores de I_i .

A medida I_i representa o valor de cada linhagem i em relação a todas as outras. Com o objetivo de possibilitar a comparação dos valores atribuídos às linhagens pelo índice de seleção, com aqueles obtidos a partir dos experimentos de campo, foi calculado o valor médio $\overline{I_i}$, dividindo o componente I_i pelo número

de linhagens presentes no experimento. A Tabela 8 apresenta um modelo de arquivo utilizado na obtenção das medidas $\overline{I}_i$ a partir de $I_{ii'}$.

Tabela 8. Valores de $I_{ii'}$ para cada par de linhagens. Formato do arquivo para a obtenção das medidas $\overline{I}_i$.

Linhagens	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	$I_{ii'}$	$\overline{I}_i$
1	*	1,9	1,6	1,5	1,8	2,2	2,4	1,7	1,6	2,5	17,2	1,9
2	1,9	*										
3	1,6		*									
4	1,5			*								
5	1,8				*							
6	2,2					*						
7	2,4						*					
8	1,7							*				
9	1,6								*			
10	2,5									*		

Como pode ser observado, o índice calculado para cada par de linhagens incluiu o comportamento próprio de cada uma delas em cruzamento com o testador específico de cada experimento, bem como uma medida da complementaridade genotípica de cada linhagem com as demais. Portanto, assemelha-se ao que é sugerido pelo modelo representativo de comportamento de um híbrido entre duas linhagens, ou seja, $\overline{F}_1 = MP + h$, em que MP é a média dos genitores e h representa a heterose, para o carácter estudado. Observa-se que a distância $D_{ii'}$, como medida de complementaridade genotípica entre as linhagens i e i' , leva em conta todos os tipos de locos, independentemente do grau de dominância apresentado pelos marcadores. Nesse aspecto, a complementaridade genotípica medida pela quantidade $D_{ii'}$ tende a ser superior à medida da heterose ou da capacidade específica de combinação, obtidas pelos métodos convencionais de melhoramento, as quais só detectam complementaridade nos locos com algum grau de dominância.

Por outro lado, D_{ij} tem como desvantagem óbvia o fato de ter sensibilidade ou eficiência apenas naqueles locos (de marcadores e QTLs) em que há segregação, no conjunto de linhagens sob estudo. O mesmo vale para as medidas L_i e, conseqüentemente, para os valores finais do índice de seleção (Rumin & Vencovsky, 2001).

3.2.3.7 Comparação entre o índice de seleção e os dados de campo na classificação de linhagens

Os valores obtidos da estimativa do parâmetro $\bar{I}_{i.}$, que se assemelha à capacidade geral de combinação, foram ordenados de forma decrescente, selecionando-se como linhagens superiores aquelas com maior valor. Para fins de comparação, as linhagens também foram selecionadas com base nas médias de produtividade obtidas dos ensaios das linhagens em *topcross*.

Convém destacar que a ordenação das linhagens feitas pelo índice de seleção, que leva em conta as distâncias genéticas entre os indivíduos, é diferente daquela estabelecida pelo *topcross*, onde são tomados por base apenas os valores obtidos de produtividade de grãos das linhagens. Na tabela 9 expõe-se o modelo de comparação das linhagens selecionadas pelos dois parâmetros.

As comparações entre as linhagens selecionadas pelas duas abordagens foram realizadas por local e na análise conjunta dos locais, o que foi repetido para todos os testadores. Nestas comparações, foi dado enfoque às linhagens superiores segundo os dois critérios de comparação, ou seja, as primeiras colocadas segundo cada classificação. Com o intuito de abranger as 10% superiores segundo os dois critérios, em todos os locais e na análise conjunta, foram comparadas as 15 linhagens superiores em cada caso. Foi verificado, dentro de cada comparação, o número de linhagens coincidentes selecionadas pelos dois critérios e a ocorrência de linhagens específicas de um local ou de um testador, como mostra o exemplo hipotético da Tabela 9. Isso foi feito para verificar o efeito da interação genótipos x ambientes sobre a seleção das linhagens.

Tabela 9. Comparação entre linhagens superiores com base no índice de seleção e na média dos experimentos de campo. Exemplo hipotético com 10 linhagens

Classificação pelo índice de seleção		Classificação pelos dados de campo	
Linhagem	$\bar{I}_{i.}$	Linhagem	Produção (kg/ha)
9	2,5	2	9.778,3
6	2,4	1	9.536,5
5	2,2	10	9.123,2
1	1,9	8	9.002,5
4	1,8	7	8.956,8
10	1,7	3	8.954,7
2	1,6	6	8.565,3
7	1,6	5	7.432,1
8	1,6	9	7.355,5
3	1,5	4	7.236,5

Verificou-se, também, a ocorrência de linhagens de seleção específica para um testador ou local. Para tal comparação foram organizadas tabelas com as primeiras 15 linhagens selecionadas pelo índice de seleção, reunindo os dados dos diferentes locais dentro de cada testador. Em seguida, foi repetido o procedimento comparando as linhagens selecionadas num mesmo local ao se variar os testadores, de maneira análoga à utilizada na análise da seleção das marcas. Na Tabela 10 observa-se um exemplo hipotético para o procedimento descrito, considerando um testador e quatro locais.

Tabela 10. Tabela para a análise dos resultados da aplicação do índice de seleção. Número das linhagens posicionadas segundo ordem decrescente com base nos valores do índice. Exemplo hipotético com 15 linhagens, quatro locais e análise conjunta dos locais

Posicionamento das linhagens	Local 1	Local 2	Local 3	Local 4	Análise conjunta
1	49	130	130	91	129
2	91	135	129	42	130
3	5	129	135	79	135
4	146	62	111	134	13
5	107	1	83	13	134
6	132	134	13	32	53
7	36	85	128	114	114
8	69	5	73	53	128
9	100	127	67	62	42
10	147	126	53	70	73
11	30	144	68	69	79
12	135	69	86	34	111
13	19	83	81	106	69
14	134	13	42	35	30
15	128	90	109	128	105

Verificou-se, dentre as linhagens selecionadas em cada local e na análise conjunta dos locais para um mesmo testador, quais eram consideradas superiores em pelo menos dois locais ou num local e na conjunta. Tais linhagens foram consideradas comuns entre os locais e as demais ambiente-específicas. O efeito da interação genótipo x ambiente foi avaliado pela proporção de linhagens comuns com relação às ambiente-específicas.

No intuito de verificar o efeito da interação genótipo x ambiente na seleção convencional, baseada nas médias dos *topcrosses* das linhagens, o mesmo procedimento foi repetido considerando, na coluna referente ao posicionamento das linhagens, a ordem de produtividade de grãos em kg/ha obtidas dos experimentos de campo. As linhagens comuns entre os locais dentro de testador, segundo este critério, foram comparadas às linhagens comuns correspondentes, selecionadas pelo índice.

Ainda no intuito de verificar o efeito da interação genótipo x ambiente, foram calculados os valores $f(p)$, referentes à frequência do alelo do marcador associado favoravelmente à produtividade de grãos. Como as marcas selecionadas por local e nas análises conjuntas dos locais não foram necessariamente as mesmas, para fins de comparação utilizou-se em cada caso um valor médio de $f(p)$ entre as marcas, ou $\bar{f}(p)$.

Os valores de $\bar{f}(p)$ obtidos da análise conjunta dos locais foram comparados com a média dos valores de $\bar{f}(p)$, obtidos em cada local separadamente.

4 RESULTADOS E DISCUSSÃO

A seguir, são apresentados os resultados das análises de variância, realizadas para os diferentes locais e na média destes.

4.1 Análises de variância

Como pode ser visto nas análises da variância, dadas nas Tabelas 11 a 29, os experimentos foram de muito boa precisão, com CVs variando de 7,0% a 12,6%. Na grande maioria dos casos houve significância do efeito de linhagens. A interação genótipos x ambientes manifestou-se em todas as análises conjuntas, conforme pode ser visto pela significância dos respectivos testes F.

Tabela 11. Análise da variância da produtividade de grãos em milho. Linhagens cruzadas com o testador T₁. Local 1, Oskaloosa, Iowa, EUA. 1996

FV	GL	SQ	QM	F
Repetições	1	97.823,2	97.823,2	0,17 ns
Bloco (rep)	6	22.914.091,2	3.819.015,2	6,61 **
Linhagens	96	88.798.907,0	924.989,0	1,60 **
Testemunhas	5	5.765.727,0	1.153.146,0	2,00 ns
Linh. vs Test.	1	44.718.862,8	44.718.862,8	77,38 **
Resíduo	130	75.129.425,0	577.918,7	
Total	239	288.501.298,1		
CV	10,6%			
Média (kg/ha)	7.162,2			

Tabela 12. Análise da variância da produtividade de grãos em milho. Linhagens cruzadas com o testador T₁. Local 2, Shelbyville, Indiana, EUA. 1996

FV	GL	SQ	QM	F
Repetições	1	2.084.058,3	2.084.058,3	2,17 ns
Bloco (rep)	6	26.060.683,4	4.343.447,2	4,53 **
Linhagens	96	95.191.997,0	991.583,0	1,03 ns
Testemunhas	5	9.917.661,0	1.983.532,0	2,07 ns
Linh. vs Test.	1	21.235.698,5	21.235.698,5	22,16 **
Resíduo	130	124.593.121,2	958.408,6	
Total	239	294.205.253,2		
CV	12,6%			
Média (kg/ha)	7.795,2			

Tabela 13. Análise da variância da produtividade de grãos em milho. Linhagens cruzadas com o testador T₁. Local 3, Grinnell, Iowa, EUA. 1996

FV	GL	SQ	QM	F
Repetições	1	22.026,5	22.026,5	0,04 ns
Bloco (rep)	6	1.964.280,4	327.380,1	0,57 ns
Linhagens	96	104.671.522,0	1.090.328,0	1,90 **
Testemunhas	5	3.615.042,0	723.008,0	1,26 ns
Linh. vs Test.	1	18.642.668,3	18.642.668,3	32,51 **
Resíduo	129	73.969.224,2	573.404,8	
Total	238	204.774.813,7		
CV	8,5%			
Média (kg/ha)	8.920,5			

Tabela 14. Análise da variância da produtividade de grãos em milho. Linhagens cruzadas com o testador T₁. Local 4, Slater, Iowa, EUA. 1996

FV	GL	SQ	QM	F
Repetições	1	48.448,4	48.448,4	0,11 ns
Bloco (rep)	6	3.765.075,9	627.512,7	1,47 ns
Linhagens	96	57.396.787,0	597.883,0	1,40 *
Testemunhas	5	6.810.952,0	1.362.190,0	3,19 **
Linh. vs Test.	1	24.733.801,1	24.733.801,1	58,01 **
Resíduo	127	54.152.058,6	426.394,2	
Total	236	144.806.072,5		
CV	7,0%			
Média (kg/ha)	9.327,5			

Tabela 15. Análise da variância da produtividade de grãos em milho. Linhagens cruzadas com o testador T₁. Análise conjunta dos locais. 1996

FV	GL	QM	F
Locais (A)	3	101.389.198,2	277,43 **
Linhagens (L)	96	944.202,5	2,58 **
LxA	288	365.463,5	1,25 *
Erro Efetivo	516	290.338,4	
Média (kg/ha)	8.141,1		

Tabela 16. Análise da variância da produtividade de grãos em milho. Linhagens cruzadas com o testador T₂. Local 8, Garden City, Minnesota, EUA. 1997

FV	GL	SQ	QM	F
Repetições	1	78.522,4	78.522,4	0,17 ns
Bloco (rep)	4	5.494.623,3	1.373.655,8	2,95 *
Linhagens	112	188.566.632,0	1.683.631,0	3,61 **
Testemunhas	8	38.552.951,0	4.819.119,0	10,34 **
Linh. vs Test.	1	46.858.747,9	46.858.747,9	100,56 **
Resíduo	148	68.966.071,4	465.987,0	
Total	274	346.796.466,5		
CV	8,4%			
Média (kg/ha)	8.120,4			

Tabela 17. Análise da variância da produtividade de grãos em milho. Linhagens cruzadas com o testador T₂. Local 9, Hastings, Minnesota, EUA. 1997

FV	GL	SQ	QM	F
Repetições	1	2.567.526,7	2.567.526,7	4,55 *
Bloco (rep)	4	4.734.797,3	1.183.699,3	2,10 ns
Linhagens	115	113.003.795,0	982.642,0	1,74 **
Testemunhas	8	16.846.603,0	2.105.825,0	3,73 **
Linh. vs Test.	1	14.803.638,2	14.803.638,2	26,25 **
Resíduo	144	81.206.842,0	563.936,4	
Total	273	231.267.999,3		
CV	7,8%			
Média (kg/ha)	9.647,5			

Tabela 18. Análise da variância da produtividade de grãos em milho. Linhagens cruzadas com o testador T₂. Local 10, Cottage Grove, Wisconsin, EUA. 1997

FV	GL	SQ	QM	F
Repetições	1	19.481.726,0	19.481.726,0	24,80 **
Bloco (rep)	4	134.315.245,9	33.578.811,5	42,74 **
Linhagens	98	78.278.020,0	798.755,0	1,02 ns
Testemunhas	8	2.117.477,0	264.685,0	0,34 ns
Linh. vs Test.	1	4.613.767,5	4.613.767,5	5,87 *
Resíduo	111	87.200.608,5	785.591,1	
Total	223	388.040.903,7		
CV	12,5%			
Média (kg/ha)	7.108,0			

Tabela 19. Análise da variância da produtividade de grãos em milho. Linhagens cruzadas com o testador T₂. Análise conjunta dos locais. 1997

FV	GL	QM	F
Locais (A)	2	167.267.674,0	416,88 **
Linhagens (L)	115	1.158.787,4	2,89 **
LxA	210	401.238,4	1,30 *
Erro Efetivo	403	309.174,6	
Média (kg/ha)	8.231,8		

Tabela 20. Análise da variância da produtividade de grãos em milho. Linhagens cruzadas com o testador T₃. Local 8, Garden City, Minnesota, EUA. 1997

FV	GL	SQ	QM	F
Repetições	1	386.096,0	386.096,0	0,76 ns
Bloco (rep)	6	2.471.641,6	411.940,3	0,81 ns
Linhagens	142	149.931.763,0	1.055.857,0	2,07 **
Testemunhas	10	97.085.724,0	9.708.572,0	19,07 **
Linh. Vs Test.	1	692.406,6	692.406,6	1,36 ns
Resíduo	199	101.329.616,2	509.194,1	
Total	359	351.493.575,9		
CV	7,8%			
Média (kg/ha)	9.137,9			

Tabela 21. Análise da variância da produtividade de grãos em milho. Linhagens cruzadas com o testador T₃. Local 9, Hastings, Minnesota, EUA. 1997

FV	GL	SQ	QM	F
Repetições	1	5.328.169,0	5.328.169,0	10,37 **
Bloco (rep)	2	948.562,2	474.281,1	0,92 ns
Linhagens	68	65.894.656,0	969.039	1,89 **
Testemunhas	8	41.637.270,0	5.204.659,0	10,13 **
Linh. vs Test.	1	651.788,7	651.788,7	1,27 ns
Resíduo	80	41.116.8889,3	513.961,1	
Total	160	152.862.574,5		
CV	7,8%			
Média (kg/ha)	9.150,4			

Tabela 22. Análise da variância da produtividade de grãos em milho. Linhagens cruzadas com o testador T₃. Local 10, Cottage Grove, Wisconsin, EUA. 1997

FV	GL	SQ	QM	F
Repetições	1	6.908.089,0	6.908.089,0	8,65 **
Bloco (rep)	6	34.019.863,3	5.669.977,2	7,10 **
Linhagens	134	197.661.229,0	1.475.084,0	1,85 **
Testemunhas	10	37.465.543,0	3.746.554,0	4,69 **
Linh. vs Test.	1	2.918.707,5	2.918.707,5	3,66 ns
Resíduo	158	126.162.358,7	798.495,9	
Total	310	518.161.237,7		
CV	10,4%			
Média (kg/ha)	8.564,9			

Tabela 23. Análise da variância da produtividade de grãos em milho. Linhagens cruzadas com o testador T₃. Local 11, Bangor, Wisconsin, EUA. 1997

FV	GL	SQ	QM	F
Repetições	1	25.720,6	25.720,6	0,05 ns
Bloco (rep)	6	2.703.291,2	450.548,5	0,89 ns
Linhagens	140	189.337.100,0	1.352.408,0	2,68 **
Testemunhas	10	67.153.839,0	6.715.384,0	13,31 **
Linh. vs Test.	1	3.506.341,2	3.506.341,2	6,95 **
Resíduo	198	99.910.204,7	504.597,0	
Total	356	365.275.293,9		
CV	8,1%			
Média (kg/ha)	8.773,1			

Tabela 24. Análise da variância da produtividade de grãos em milho. Linhagens cruzadas com o testador T₃. Análise conjunta dos locais. 1997

FV	GL	QM	F
Locais (A)	3	9.545.511,5	19,23 **
Linhagens (L)	142	1.151.817,5	2,32 **
LxA	342	496.360,0	1,58 **
Erro Efetivo	635	313.618,4	
Média (kg/ha)	8.841,0		

Tabela 25. Análise da variância da produtividade de grãos em milho. Linhagens cruzadas com o testador T₄. Local 5, Slater, Iowa, EUA. 1997

FV	GL	SQ	QM	F
Repetições	1	566.070,3	566.070,3	0,82 ns
Bloco (rep)	4	15.979.215,2	3.994.803,8	5,78 **
Linhagens	117	134.423.918,0	1.148.922,0	1,66 *
Testemunhas	10	14.662.046,0	1.466.205,0	2,12 *
Linh. vs Test.	1	11.288265,4	11.288265,4	16,32 **
Resíduo	156	107.878.193,9	691.526,9	
Total	289	304.429.013,0		
CV	8,3%			
Média (kg/ha)	10.032,9			

Tabela 26. Análise da variância da produtividade de grãos em milho. Linhagens cruzadas com o testador T₄. Local 6, Stanwood, Iowa, EUA. 1997

FV	GL	SQ	QM	F
Repetições	1	246.348,3	246.348,3	0,32 ns
Bloco (rep)	4	30.788.456,2	7.697.114,1	9,90 **
Linhagens	109	175.737.020,0	1.612.266,0	2,07 **
Testemunhas	12	18.765.912,0	1.563.826,0	2,01 *
Linh. vs Test.	1	8.389.767,2	8.389.767,2	10,79 **
Resíduo	125	97.217.835,0	777.742,7	
Total	252	481.721.223,1		
CV	9,7%			
Média (kg/ha)	9.081,5			

Tabela 27. Análise da variância da produtividade de grãos em milho. Linhagens cruzadas com o testador T₄. Local 7, Glidden, Iowa, EUA. 1997

FV	GL	SQ	QM	F
Repetições	1	1.779.272,2	1.779.272,2	3,27 ns
Bloco (rep)	4	8.742.391,3	2.185.597,8	4,02 **
Linhagens	115	183.475.193,0	1.595.436,0	2,94 **
Testemunhas	10	31.750.677,0	3.175.068,0	5,84 **
Linh. vs Test.	1	30.735.660,9	30.735.660,9	56,55 **
Resíduo	109	59.239.503,2	543.481,7	
Total	240	359.851.386,3		
CV	8,2%			
Média (kg/ha)	8.992,2			

Tabela 28. Análise da variância da produtividade de grãos em milho. Linhagens cruzadas com o testador T₄. Local 8, Garden City, Minnesota, EUA. 1997

FV	GL	SQ	QM	F
Repetições	1	1.001.170,9	1.001.170,9	1,98 ns
Bloco (rep)	4	4.905.681,42	1.226.420,4	2,40 ns
Linhagens	110	77.308.362,0	702.803,0	1,37 *
Testemunhas	11	7.641.693,0	694.699,0	1,36 ns
Linh. vs Test.	1	5.957.904,51	5.957.904,51	11,64 **
Resíduo	136	69.596.816,2	511.741,3	
Total	263	166.866.891,8		
CV	8,2%			
Média (kg/ha)	8.742,1			

Tabela 29. Análise da variância da produtividade de grãos em milho. Linhagens cruzadas com o testador T₄. Análise conjunta dos locais. 1997

FV	GL	QM	F
Locais (A)	3	42.188.344,2	67,75 **
Linhagens (L)	117	1.217.594,7	1,96 **
LxA	331	622.750,1	1,84 **
Erro Efetivo	526	337.741,5	
Média (kg/ha)	9.072,9		

4.2. Seleção de marcas associadas ao caráter produtividade de grãos

Os resultados referentes às duas abordagens utilizadas na seleção de marcas associadas ao caráter produtividade de grãos em milho são mostrados a seguir.

4.2.1 Análise como todas as marcas simultaneamente

Nas Tabelas 30 a 33 são apresentadas as marcas selecionadas por local, com resultados agrupados pelos testadores T_1 , T_2 , T_3 e T_4 , respectivamente. A letra E indica marcas sem grupo de ligação definido.

Tabela 30. Resumo das marcas selecionadas por local e pela análise conjunta.
Resultados referentes às linhagens cruzadas com o testador T_1

Cromossomo	Marca	Local 1	Local 2	Local 3	Local 4	(total)	Conjunta
1	1		*			1	
1	2		*			1	
1	6			*		1	
1	8					0	*
1	15	*				1	
1	21			*		1	
2	27					0	*
2	28	*				1	*
2	29					0	*
2	34			*		1	*
2	35			*	*	2	
2	37	*				1	
2	39			*		1	
3	51	*			*	2	
4	63					0	*
4	65	*				1	
4	66			*		1	
5	84					0	*
5	87	*				1	*
5	91	*				1	
5	95			*		1	
6	101					0	*
6	106					0	*
6	111		*			1	
7	116	*				1	
7	118			*		1	
7	121				*	1	
8	126		*			1	
8	128					0	*
9	145			*	*	2	
9	146	*			*	2	*
9	148	*				1	*
E	160	*	*			2	
E	163			*		1	
E	164				*	1	

Total de marcas selecionadas: 35

Marcas de ocorrência ampla: 8

Marcas específicas de um ambiente: 27

Tabela 31. Resumo das marcas selecionadas por local e pela análise conjunta.
Resultados referentes às linhagens cruzadas com o testador T₂

Cromossomo	Marca	Local 8	Local 9	Local 10	(total)	Conjunta
1	5			*	1	
1	7			*	1	*
1	9			*	1	
1	10			*	1	
1	14	*			1	
1	15		*		1	
1	17			*	1	
1	20		*		1	
2	28		*		1	
2	32		*		1	
2	35			*	1	
3	52		*	*	2	*
3	54	*			1	
3	57		*		1	
4	62		*		1	
4	74		*		1	*
4	77			*	1	
5	92			*	1	
6	103			*	1	
7	116	*	*		2	*
7	123	*			1	*
8	128	*			1	
8	129		*		1	*
8	131			*	1	
8	132		*		1	*
8	135		*		1	
9	149	*			1	*

Total de marcas selecionadas: 27

Marcas de ocorrência ampla: 8

Marcas específicas de um ambiente: 19

Tabela 32. Resumo das marcas selecionadas por local e pela análise conjunta.
Resultados referentes às linhagens cruzadas com o testador T₃

Cromossomo	Marca	Local 8	Local 9	Local 10	Local 11	(total)	Conjunta
1	3	*			*	2	
1	9	*				1	
1	12				*	1	
1	20					0	*
2	28	*		*		2	
2	30	*				1	
2	33				*	1	
2	35				*	1	
2	38		*			1	
3	41		*			1	
3	43			*		1	
3	51	*				1	
3	60			*		1	
3	61		*			1	*
4	67		*			1	
4	68	*			*	2	
4	72			*		1	
4	78			*		1	
5	81			*		1	
5	85			*		1	
5	91				*	1	
5	95				*	1	
5	97	*				1	
6	101			*		1	*
6	102	*				1	
6	105	*				1	
6	113	*				1	
7	114		*			1	
7	115	*	*			2	
7	118			*	*	2	
7	122					0	*
8	129	*				1	
8	135					0	*
9	142	*				1	
9	147		*			1	
10	154			*		1	
10	155		*		*	2	
10	156					0	*
10	158	*				1	
E	162				*	1	*
E	163		*			1	
E	164					0	*

Total de marcas selecionadas: 42

Marcas de ocorrência ampla: 9

Marcas específicas de um ambiente: 33

Tabela 33. Resumo das marcas selecionadas por local e pela análise conjunta.

Resultados referentes às linhagens cruzadas com o testador T₄

Cromossomo	Marca	Local 5	Local 6	Local 7	Local 8	(total)	Conjunta
1	1					0	*
1	2		*			1	
1	4		*	*		2	*
1	5					0	*
1	8			*		1	
1	10					0	*
1	14	*				1	
1	15		*			1	
1	20		*			1	
1	22	*				1	
2	27		*			1	
2	28		*			1	
2	29					0	*
2	38					0	*
2	39	*				1	
3	40			*		1	
3	43			*		1	*
3	44		*			1	
3	46			*		1	
3	47		*			1	
3	51			*		1	
3	52		*			1	*
3	59					0	*
4	63		*			1	
4	65		*			1	
4	67			*		1	
4	68					0	*
4	74		*			1	
4	79			*		1	*
5	81	*				1	
5	82	*				1	
5	83		*			1	*
5	84		*			1	
5	87		*			1	
5	90			*		1	
5	91	*				1	
5	95				*	1	
5	96		*			1	
5	97			*		1	
5	99		*			1	
5	100		*			1	
6	103		*			1	
6	104			*		1	
7	115					0	*
7	121		*			1	
7	122		*			1	
7	124					0	*
8	131					0	*
8	136					0	*
9	139		*			1	
9	140		*			1	
9	147					0	*
9	153				*	1	
10	154	*				1	*
10	155			*		1	
10	157			*		1	
E	160		*			1	
E	165				*	1	

Total de marcas selecionadas: 58

Marcas de ocorrência ampla: 5

Marcas específicas de um ambiente: 53

Na interpretação dos resultados, considerou-se a divisão entre marcas de ocorrência única, ou seja, específicas de um determinado ambiente e marcas de ocorrência ampla, que se referem às selecionadas em pelo menos dois locais. Utilizou-se aqui abordagem semelhante à de Prasad et al. (2003), que considerou como informativas marcas detectadas apenas na análise conjunta, mesmo sem seleção das mesmas em nenhum dos ambientes. Os autores consideraram as marcas selecionadas simultaneamente num local e na análise conjunta como de ocorrência ampla, de maneira semelhante àquelas detectadas em dois ou mais locais.

A análise dos dados apresentados nas Tabelas 30 a 33 revela marcas selecionadas na análise conjunta, porém não detectadas nas análises por local. Tal situação é observada para os testadores T_1 , T_3 e T_4 , não ocorrendo no caso do T_2 . O número de marcas selecionadas apenas na análise conjunta, em relação ao total de marcas na referida análise foi de oito em 13, cinco em oito e 11 em 18, respectivamente, para os testadores T_1 , T_3 e T_4 .

Como a análise conjunta representa a média dos locais, é de se supor que uma marca detectada na análise conjunta dos locais também o seja em pelo menos um dos locais de avaliação. Essa discrepância pode ter ocorrido devido à limitação inerente ao método utilizado para seleção das marcas. De uma maneira geral, o método de regressão múltipla apresenta menor poder de detecção quando comparado aos procedimentos convencionais de mapeamento de QTLs. Assim, ao se utilizar o *stepwise* para seleção das marcas associadas à produtividade de grãos em milho, foram identificadas apenas as de efeito mais pronunciado, com relação a esse caráter.

Outra sugestão possível para o ocorrido são os limites de significância estabelecidos, 0,15 e 0,10 para entrada e permanência de marcas no modelo, respectivamente. Dessa forma, uma marca que tenha atingido valor próximo aos limites definidos pode não ter sido incluída na seleção por local, o sendo, posteriormente, na análise conjunta devido a melhor estimativa do modelo.

Pillen et al. (2003), após utilizar análise de marca simples na detecção de QTLs em cevada, devido à baixa cobertura do genoma, destacam que no uso de tal método é preciso levar em consideração que efeitos de QTLs

detectados por marcas adjacentes representam, provavelmente, um único QTL. Essa afirmação pode ser confirmada pela análise dos dados das Tabelas 30 a 33. Na Tabela 30 observa-se que as marcas 27, 28 e 29, localizadas no cromossomo 2 em posições adjacentes, foram selecionadas na análise conjunta, no local 1 e no local 3, respectivamente. Esse resultado é indicativo de que tais marcas localizam-se em região cromossômica fortemente relacionada à produtividade de grãos em milho. Porém, a pouca sensibilidade do método de regressão identificou a região, não sendo capaz, no entanto, de identificar a posição exata do QTL. Assim, a mesma região é selecionada ao longo dos locais e na análise conjunta, não correspondendo exatamente à mesma marca.

De maneira análoga, na Tabela 31 verificam-se as marcas adjacentes de número 128, 129, 131 e 132, selecionadas no local 8, local 9, local 10, local 9, respectivamente. As de número 129 e 132 também foram detectadas na análise conjunta. As marcas citadas estão localizadas no cromossomo 8.

Na Tabela 32 verifica-se caso semelhante para marcas adjacentes localizadas no cromossomo 7 (113, 114 e 115) e no cromossomo 10 (154, 155 e 156). As marcas do cromossomo 7 foram selecionadas nos locais 8 (113), 9 (114) e nos locais 8 e 9 (115), enquanto as do cromossomo 10 foram detectadas no local 10 (154), nos locais 9 e 11 (155) e na análise conjunta (156).

Finalmente, na Tabela 33, observa-se a mesma situação para várias regiões cromossômicas como no cromossomo 2 (marcas 27, 28 e 29), cromossomo 5 (marcas 95, 96 e 97) e no cromossomo 10 (marcas 153, 154 e 155). As marcas do cromossomo 10 (153, 154 e 155) foram selecionadas nos locais 8, 5 e 7, respectivamente.

Na tabela 34 é apresentado um resumo das marcas selecionadas em mais de um local, considerando todos os testadores envolvidos nos *topcrosses*. No caso do resumo dos dados, só foram incluídas as marcas selecionadas em pelo menos dois locais, sem considerar a seleção na análise conjunta. Convém destacar que a seleção pode ter ocorrido por testadores diferentes. Tais marcas foram consideradas como de ocorrência ampla, enquanto que as selecionadas em um único ambiente foram consideradas como de ocorrência única. Considerando todos os locais e testadores utilizados, foram selecionadas 129 marcas do total de 163

locos RFLP utilizados. Destas 129, 34 representaram marcas de ocorrência ampla, detectadas em pelo menos dois locais, enquanto 95 foram identificadas em apenas um local. Esses números representam 26,4% e 73,6% de marcas de ocorrência ampla e única, respectivamente, considerando as 129 selecionadas no conjunto de ambientes, físicos e genéticos.

Tabela 34. Resumo das marcas selecionadas em mais de um ambiente. Resultados referentes a todos os locais e testadores

Crom.	Marca	UP81	FK07	GJ95	LB28	(Testadores)	Conjuntas	Total
1	2	1	-	-	1	2	-	2
1	3	-	-	2	-	2	-	2
1	4	-	-	-	2	2	1	3
1	9	-	1	1	-	2	-	2
1	14	-	1	-	1	2	-	2
1	15	1	1	-	1	3	-	3
1	20	-	1	-	1	2	-	2
2	28	1	1	2	1	5	1	6
2	35	2	1	1	-	4	-	4
2	39	1	-	-	1	2	-	2
3	43	-	-	1	1	2	1	3
3	51	2	-	1	1	4	-	4
3	52	-	2	-	1	3	1	4
4	65	1	-	-	1	2	-	2
4	67	-	-	1	1	2	-	2
4	68	-	-	2	-	2	1	3
4	74	-	1	-	1	2	1	3
5	81	-	-	1	1	2	-	2
5	87	1	-	-	1	2	1	3
5	91	1	-	1	1	3	-	3
5	95	1	-	1	1	3	-	3
5	97	-	-	1	1	2	-	2
6	103	-	1	-	1	2	-	2
7	115	-	-	2	-	2	1	3
7	116	1	2	-	-	3	1	4
7	118	1	-	2	-	3	-	3
7	121	1	-	-	1	2	-	2
8	129	-	1	1	-	2	1	3
9	145	2	-	-	-	2	-	2
9	146	2	-	-	-	2	1	3
10	154	-	-	1	1	2	1	3
10	155	-	-	2	1	3	-	3
E	160	2	-	-	1	3	-	3
E	163	1	-	1	-	2	-	2

Total de marcas de ocorrência ampla: 34

Os resultados gerais indicam a presença de forte interação genótipo x ambiente para o caráter produtividade de grãos em milho, sugerindo que poucos são os locos que se mantêm estáveis com a variação dos ambientes, sejam eles localidades ou a base genética. A maior parte dos locos se mostrou bastante sensível à variação ambiental.

Porém, considerando as marcas de ocorrência ampla, observa-se que das 34 selecionadas seis foram detectadas apenas num testador, o que equivale a 17,6% do total. Para as demais marcas, tem-se que 22 foram selecionadas em dois testadores, cinco em três testadores e uma delas, a de número 28, foi selecionada em todos os testadores. A seleção em dois, três e quatro testadores representou, em porcentagem, 64,7%, 14,7% e 2,9%, respectivamente. Um resumo das marcas de ocorrência ampla em contraste com as de ocorrência única dentro de cada testador utilizado é apresentado na Tabela 35.

Tabela 35. Comparação entre o número de marcas de ocorrência ampla e única. Produtividade de grãos de milho. Resultados dos testadores T₁, T₂, T₃ e T₄ e total

Número de marcas selecionadas	T ₁	T ₂	T ₃	T ₄	Total
Total	35	27	42	58	129
Únicas	27	19	33	54	95
Amplas	8	8	9	5	34
Únicas %	77,1	70,4	78,6	91,4	73,6
Amplas %	22,9	29,6	21,4	8,6	26,4

Com relação à seleção de marcas dentro de testadores, conforme apresentado na Tabela 35, foram consideradas como de ocorrência ampla as marcas identificadas em pelo menos dois locais ou num local e na conjunta dos locais. Isso foi considerado devido ao menor número de ambientes dentro de testador, em comparação ao número total de ambientes. Os dados referentes aos testadores repetem o observado no total, indicando forte presença da interação genótipo x ambiente. Com exceção do testador LB28, cuja porcentagem de marcas

amplas foi de 8,6%, os demais valores variaram de 21,4% a 29,6% e estiveram próximos do valor geral, 26,4%.

Procurou-se abordar, também, a coincidência de marcas ao se manter fixo o ambiente físico e se variar a base genética, representada pelos diferentes testadores utilizados nos *topcrosses*. No local 8 as linhagens foram avaliadas em *topcrosses* com os testadores T_2 , T_3 e T_4 , enquanto nos locais 9 e 10 as linhagens foram avaliadas em *topcrosses* com os testadores T_2 e T_3 . Verificou-se uma grande variação de marcas entre os testadores e não foi possível estabelecer um grupo de marcas específicas de um local, como feito anteriormente para os testadores. Isso é esperado tendo em vista que a detecção de marcas associadas aos QTLs depende da estrutura genética de cada testador. Os dados podem ser observados com maiores detalhes nas Tabelas 36, 37 e 38.

Tabela 36. Resumo das marcas selecionadas pelos testadores T_2 , T_3 e T_4 em Garden City (local 8), Minnesota, EUA. 1997

Cromossomo	Marca	T_2	T_3	T_4
1	3		*	
1	9		*	
1	14	*		
2	28		*	
2	30		*	
3	51		*	
3	54	*		
4	68		*	
5	95			*
5	97		*	
6	102		*	
6	105		*	
6	113		*	
7	115		*	
7	116	*		
7	123	*		
8	128	*		
8	129		*	
9	142		*	
9	149	*		
9	153			*
10	158		*	
E	165			*

Tabela 37. Resumo das marcas selecionadas pelos testadores T₂ e T₃ em Hastings
(local 9), Minnesota, EUA. 1997

Cromossomo	Marca	T ₂	T ₃
1	15	*	
1	20	*	
2	28	*	*
2	32	*	
3	41		*
3	52	*	
3	57	*	
3	61		*
4	67		*
7	114		*
7	115		*
7	116	*	
7	123	*	
8	128	*	
9	147		*
9	149	*	
10	155		*
E	163		*

Tabela 38. Resumo das marcas selecionadas pelos testadores T₂ e T₃ em Cottage
Grove (local 10), Wisconsin, EUA. 1997

Cromossomo	Marca	T ₂	T ₃
1	5	*	
1	7	*	
1	9	*	
1	10	*	
1	17	*	
2	28		*
2	35	*	
3	43		*
3	52	*	
3	60		*
4	72		*
4	77	*	
4	78		*
5	81		*
5	85		*
5	92	*	
6	101		*
6	103	*	
7	118		*
8	131	*	
9	154		*

Da Tabela 36 tem-se que, das 23 marcas selecionadas no local oito, nenhuma delas foi coincidente entre os testadores avaliados. O mesmo ocorre no local 10, Tabela 38, onde nenhuma das 21 marcas selecionadas coincidiu entre os testadores utilizados. A única marca coincidente entre os testadores é a de número 28, para os experimentos realizados no local 9, sendo apenas uma de um total de 18. Os dados referentes ao local 9 podem ser observados na Tabela 37.

Esses resultados indicam que a interação genótipo x ambiente tende a ser muito mais evidente ao se variar a base genética, em contraste com os ambientes físicos. Segundo Ajmone Marsan et al. (2001), essa inconsistência pode ser explicada pelos efeitos dos alelos do testador na detecção dos QTLs, o que sugere que a expressão dos mesmos é testador-específica, pois que depende das frequências alélicas do testador. Portanto, como já enfatizado, a escolha do testador é fator crítico na detecção de QTLs e conseqüentemente no seu uso em programas de seleção assistida.

4.2.2 Análise por cromossomo

A seleção inicial por grupo de ligação, seguida de nova análise de regressão, levou a uma maior coincidência na seleção de regiões cromossômicas, em comparação com a aplicação do método sem considerar os diferentes grupos de ligação.

Assim como observado no item anterior, os resultados indicam a presença de forte interação QTL x ambiente. Porém, ao se selecionar marcas inicialmente por cromossomo, realizando a seguir nova estimativa do modelo com as marcas previamente selecionadas, os resultados são mais coerentes e observa-se maior coincidência de marcas ao longo dos diferentes ambientes. Além disso, ao se realizar uma nova estimativa do modelo, obtém-se maior segurança nos resultados.

Ao selecionar marcas sem considerar o grupo de ligação, foi observado que apenas aquelas de grande efeito puderam ser selecionadas, sendo desprezadas outras também relacionadas ao caráter sob estudo. Já ao praticar a seleção inicial por cromossomo, aumenta-se a chance de que marcas de efeito

menos pronunciado e apresentando nível de significância próximo ao limite estabelecido pelo modelo sejam selecionadas e submetidas ao processo de seleção final, levando a melhor estimativa do modelo. Considerando ainda a menor sensibilidade dos métodos de regressão, quando comparados aos procedimentos convencionais de mapeamento de QTLs, a abordagem de seleção por cromossomo torna-se mais apropriada.

Os resultados obtidos segundo esta abordagem podem ser observados nas tabelas de número 39 a 42. De maneira análoga ao verificado no item anterior, a maior parte das marcas selecionadas é específica de um determinado ambiente, pois das 93 marcas selecionadas 25 foram de ocorrência ampla enquanto 68 foram específicas de determinados ambientes. Porém, dentre as de ocorrência ampla, observa-se maior consistência entre locais em comparação com a seleção realizada com o total das marcas. Apesar da ausência de regiões cromossômicas de manifestação constante em todos os ambientes, dentre as mostradas na Tabela 43, verifica-se que dentre as 25 marcas de ocorrência ampla cinco foram detectadas em mais de um local, com três testadores diferentes. Utilizando o mesmo raciocínio para as demais, observa-se que 16 foram detectadas ao longo de dois testadores diferentes, enquanto apenas quatro delas foram de seleção específica de um testador. Considerando a baixa herdabilidade do caráter produtividade de grãos e a pouca sensibilidade do método de seleção aqui utilizado, essa coincidência é considerável e indica que algumas regiões relacionadas ao caráter manifestam-se sem sofrer muita influência dos fatores ambientais.

Tabela 39. Resumo das marcas selecionadas por local e pela análise conjunta.
Resultados referentes às linhagens cruzadas com o testador T₁. Análise por cromossomo

Cromossomo	Marca	Local 1	Local 2	Local 3	Local 4	(total)	Conjunta
1	1		*			1	
1	2		*			1	
1	5				*	1	*
1	7			*		1	
1	18		*			1	
2	26		*			1	
2	28	*			*	2	*
2	34			*	*	2	*
2	36			*		1	
2	39			*		1	
3	41				*	1	*
3	49				*	1	
3	51	*			*	2	*
3	52		*			1	
3	57	*				1	
5	83			*		1	
5	87	*				1	
5	92				*	1	
6	106			*		1	
6	107			*		1	
6	111		*			1	
7	118				*	1	*
7	120			*		1	
7	123	*				1	
7	124	*				1	
8	126		*			1	
8	128	*				1	
9	144			*		1	
9	146	*				1	
9	148	*				1	
9	149	*				1	
9	150				*	1	
E	160		*			1	
E	164				*	1	*

Total de marcas selecionadas: 35

Marcas de ocorrência ampla: 7

Marcas específicas de um ambiente: 28

Tabela 40. Resumo das marcas selecionadas por local e pela análise conjunta.
Resultados referentes às linhagens cruzadas com o testador T₂. Análise por cromossomo

Cromossomo	Marca	Local 8	Local 9	Local 10	(total)	Conjunta
1	1				0	*
1	2				0	*
1	5			*	1	
1	7			*	1	*
1	14	*			1	
2	28		*		1	
2	32				0	*
2	35			*	1	
3	44			*	1	
3	52				0	*
3	56		*		1	
4	74		*		1	
5	83	*			1	*
5	85	*			1	
5	92			*	1	
5	96	*			1	
6	111		*		1	
7	116				0	*
7	123	*			1	*
8	131			*	1	
8	132		*		1	
9	142		*		1	
9	149	*	*		2	*
10	159		*		1	

Total de marcas selecionadas: 24

Marcas de ocorrência ampla: 4

Marcas específicas de um ambiente: 20

Tabela 41. Resumo das marcas selecionadas por local e pela análise conjunta.
Resultados referentes às linhagens cruzadas com o testador T₃. Análise por cromossomo

Cromossomo	Marca	Local 8	Local 9	Local 10	Local 11	(total)	Conjunta
1	5	*			*	2	*
1	7		*			1	
1	9	*				1	
1	12					0	*
1	13			*		1	
1	15			*		1	
2	25		*			1	
2	33				*	1	
2	35				*	1	
3	40					0	*
3	43			*		1	*
3	51	*				1	
3	60			*		1	
3	61		*			1	
4	64				*	1	
4	72			*		1	
4	78			*		1	
4	79	*				1	
5	81			*		1	
5	91				*	1	
6	101			*		1	*
6	102	*				1	
6	105	*				1	
6	107	*				1	
6	108	*				1	
6	113	*				1	
7	114		*			1	
7	115		*			1	
7	118				*	1	*
8	129	*				1	
8	134	*				1	
9	140	*				1	
9	143				*	1	
10	154	*		*		2	
10	155		*		*	2	*
E	162				*	1	
E	166				*	1	*

Total de marcas selecionadas: 37

Marcas de ocorrência ampla: 6

Marcas específicas de um ambiente: 31

Tabela 42. Resumo das marcas selecionadas por local e pela análise conjunta.
Resultados referentes às linhagens cruzadas com o testador T₄. Análise
por cromossomo

Cromossomo	Marca	Local 5	Local 6	Local 7	Local 8	(total)	Conjunta
1	1					0	*
1	4		*	*		2	*
1	8		*			1	
1	10				*	1	
1	14	*				1	
1	15				*	1	*
1	16	*				1	
1	19				*	1	
1	21		*			1	
1	22	*		*	*	3	
2	28		*			1	
2	29		*			1	
2	33					0	*
2	35					0	*
3	40			*		1	
3	43			*		1	
3	51			*		1	*
4	62			*	*	2	
4	73				*	1	
5	81	*				1	
5	83					0	*
5	89			*		1	
5	90					0	*
5	91	*				1	
5	95				*	1	
6	107			*		1	
6	110				*	1	
7	117				*	1	
8	121					0	*
8	128					0	*
8	129			*		1	
9	143				*	1	
9	147					0	*
10	154	*				1	
10	155			*		1	
E	161	*				1	

Total de marcas selecionadas: 36

Marcas de ocorrência ampla: 5

Marcas específicas de um ambiente: 31

Na Tabela 43 estão incluídas as marcas de ocorrência ampla, considerando todos os testadores.

Tabela 43. Marcas selecionadas em pelo menos dois locais. Seleção por cromossomo seguida de nova estimativa. Resultados dos testadores T₁, T₂, T₃ e T₄ e total

Marca	T ₁	T ₂	T ₃	T ₄	(Testadores)	Conjuntas	Total
4	-	-	-	2	2	1	3
5	1	1	2	-	4	2	6
7	1	1	1	-	3	1	4
14	-	1	-	1	2	-	2
15	-	-	1	1	2	1	3
22	-	-	-	3	3	-	3
28	2	1	-	1	4	1	5
34	2	-	-	-	2	1	3
35	-	1	1	-	2	1	3
43	-	-	1	1	2	1	3
51	2	-	1	1	4	2	6
62	-	-	-	2	2	-	2
81	-	-	1	1	2	-	2
83	1	1	-	-	2	2	4
91	-	-	1	1	2	-	2
92	1	1	-	-	2	-	2
107	1	-	1	1	3	-	3
111	1	1	-	-	2	-	2
118	1	-	1	-	2	2	4
123	1	1	-	-	2	1	3
129	-	-	1	1	2	-	2
143	-	-	1	1	2	-	2
149	1	2	-	-	3	2	5
154	-	-	2	1	3	-	3
155	-	-	2	1	3	1	4

Total de marcas de ocorrência ampla= 25

Observou-se que nenhuma região cromossômica detectada pelo método escolhido é consistente em todos os testadores e locais, o que é coerente com o caráter avaliado. Estudos com milho e outras culturas, envolvendo QTLs associados à produtividade de grãos, indicam que os mesmos são bastante afetados com a variação ambiental. Ajmone Marsan *et al.* (2001), ao verificar a presença de interação QTL x ambiente na produção de grãos em milho, encontraram boa coincidência entre os dois locais avaliados, mas o mesmo não ocorreu ao se variar a base genética, o que pode ser explicado pelos efeitos dos

alelos do testador na detecção dos QTLs. Já Groos *et al.* (2003), ao verificar a presença de interação genótipo x ambiente para a produção de grãos em trigo, encontraram apenas uma única região cromossômica consistente ao longo dos locais avaliados. Ainda na cultura do arroz, Li *et al.* (2003) encontraram forte interação genótipo x ambiente tanto para a produção de grãos como para outros caracteres, sabidamente de herdabilidade alta, como a altura de planta e o florescimento.

Na Tabela 44 observa-se a proporção de marcas de ocorrência ampla e única, selecionadas por testador e no total dos dados.

Tabela 44. Comparação entre o número de marcas de ocorrência ampla e única. Produtividade de grãos de milho. Resultados dos testadores T₁, T₂, T₃, T₄ e no total. Seleção de marcas por cromossomo

Número de marcas selecionadas	T ₁	T ₂	T ₃	T ₄	Total
Total	35	24	37	36	93
Únicas	28	20	31	31	68
Amplas	7	4	6	5	25
Únicas %	80,0	83,3	83,8	86,1	73,1
Amplas %	20,0	16,7	16,2	13,9	26,9

É interessante observar que, embora tenha ocorrido um maior número de seleções de marcas de ocorrência ampla, a proporção destas marcas com relação ao total selecionado foi menor que a obtida pelo procedimento de seleção anterior. Isso pode ser explicado pelo fato de que, ao se executar uma nova estimativa do modelo de regressão, certas marcas são excluídas do modelo. Assim, embora inicialmente o número de marcas selecionadas seja maior, ocorre maior rigor pela nova estimativa do modelo.

Com relação à seleção de marcas num mesmo local, variando-se a base genética, os resultados observados são similares ao verificado no item anterior, não sendo identificada nenhuma marca comum entre os testadores avaliados no mesmo local. Os resultados são apresentados nas Tabelas 45 a 47.

Tabela 45. Resumo das marcas selecionadas pelos testadores T₂, T₃ e T₄ em Garden City (local 8), Minnesota, EUA. 1997. Seleção de marcas por cromossomo

Cromossomo	Marca	T ₂	T ₃	T ₄
1	5		*	
1	9		*	
1	10			*
1	14	*		
1	15			*
1	19			*
1	22			*
3	51		*	
4	62			*
4	73			*
4	79		*	
5	83	*		
5	85	*		
5	95			*
5	96	*		
6	102		*	
6	105		*	
6	107		*	
6	108		*	
6	110			*
6	113		*	
7	117			*
8	129		*	
8	134		*	
9	140		*	
9	143			*
9	149	*		
10	154		*	

Tabela 46. Resumo das marcas selecionadas pelos testadores T_2 e T_3 em Hastings (local 9), Minnesota, EUA. 1997. Seleção de marcas por cromossomo

Cromossomo	Marca	T_2	T_3
1	7		*
1	25		*
2	28	*	
3	56	*	
3	61		*
4	74	*	
6	111	*	
7	114		*
7	115		*
8	132	*	
9	142	*	
9	149	*	
10	155		*
10	159	*	

Tabela 47. Resumo das marcas selecionadas pelos testadores T_2 e T_3 em Cottage Grove (local 10), Wisconsin, EUA. 1997. Seleção de marcas por cromossomo

Cromossomo	Marca	T_2	T_3
1	5	*	
1	7	*	
1	13		*
1	15		*
1	22		*
2	35	*	
3	43		*
3	44	*	
3	60		*
4	72		*
4	78		*
5	81		*
5	92	*	
6	101		*
8	131	*	
10	154		*
E	164		*

Nas Tabelas 48, 49, 50 e 51 são apresentados os valores de $\hat{b}_j$, obtidos da análise de regressão múltipla e utilizados posteriormente nos cálculos do índice de seleção.

Tabela 48. Estimativas dos valores do coeficiente parcial de regressão b_j . Marcas selecionadas por local e pela análise conjunta. Cruzamentos com o testador T₁. Produtividade de grãos de milho em kg/ha

Cromossomo	Marca	Local 1	Local 2	Local 3	Local 4	Conjunta
1	1		201,35			
1	2		284,05			
1	5				212,85	206,93
1	7			285,28		
1	18		202,78			
2	26		148,46			
2	28	254,01			235,46	167,09
2	29					
2	34			261,72	134,18	153,50
2	36			242,31		
2	39			197,43		
3	41				119,87	100,01
3	49				157,71	
3	51	242,98			233,07	157,82
3	52		178,53			
3	57	247,82				
5	83			261,48		
5	87	248,65				
5	92				207,66	
6	106			142,43		
6	107			239,90		
6	111		230,96			
7	118				130,02	125,24
7	120			194,66		
7	123	332,02				
7	124	221,24				
8	126		185,91			
8	128	221,43				
9	144			165,26		
9	146	246,56				
9	148	684,26				
9	149	-382,69				
9	150				181,98	
E	160		210,22			
E	164				184,15	137,07

Tabela 49. Estimativas dos valores do coeficiente parcial de regressão b_j . Marcas selecionadas por local e pela análise conjunta. Cruzamentos com o testador T_2 . Produtividade de grãos de milho em kg/ha

Cromossomo	Marca	Local 8	Local 9	Local 10	Conjunta
1	1				-122,95
1	2				-236,34
1	5			-363,06	
1	7			513,14	247,78
1	14	249,46			
2	28		263,04		
2	32				168,73
2	35			163,28	
3	44			155,21	
3	52				174,02
3	56		148,60		
4	62				
4	74		192,06		
5	83	298,30			155,32
5	85	349,48			
5	92			273,91	
5	96	-273,32			
6	111		278,54		
7	116				-177,56
7	123	280,98			161,75
8	131			194,24	
8	132		219,75		
9	142		290,92		
9	149	330,27	182,50		180,96
10	159		171,23		

Tabela 50. Estimativas dos valores do coeficiente parcial de regressão b_j . Marcas selecionadas por local e pela análise conjunta. Cruzamentos com o testador T_3 . Produtividade de grãos de milho em kg/ha

Cromossomo	Marca	Local 8	Local 9	Local 10	Local 11	Conjunta
1	5	172,56			148,81	248,91
1	7		-260,36			
1	9	309,84				
1	12					167,33
1	13			205,14		
1	15			343,60		
2	25		210,11			
2	33				285,11	
2	35				259,63	
3	40					124,32
3	43			219,44		140,54
3	51	253,85				
3	60			191,98		
3	61		-305,29			
4	64				223,93	
4	72			301,93		
4	78			195,75		
4	79	128,94				
5	81			205,46		
5	91				191,05	
6	101			214,71		119,23
6	102	220,28				
6	105	217,71				
6	107	-1076,59				
6	108	1308,07				
6	113	151,89				
7	114		558,82			
7	115		-230,67			
7	118				220,57	163,52
8	129	209,89				
8	134	177,16				
9	140	138,46				
9	143				157,43	
10	154	119,66		240,80		
10	155		283,05		335,47	144,48
E	162				254,03	
E	166				202,73	126,69

Tabela 51. Estimativas dos valores do coeficiente parcial de regressão b_j . Marcas selecionadas por local e pela análise conjunta. Cruzamentos com o testador T₄. Produtividade de grãos de milho em kg/ha

Cromossomo	Marca	Local 5	Local 6	Local 7	Local 8	Conjunta
1	1					140,46
1	4		613,61	678,46		293,47
1	8		218,15			
1	10				142,79	
1	14	444,74				
1	15				158,50	114,02
1	16	-201,90				
1	19				169,28	
1	21		214,67			
1	22	190,12		198,64	132,63	
2	25					
2	28		257,23			
2	29		252,30			
2	33					198,13
3	35					-316,80
3	40			315,04		
3	43			307,22		
3	51			398,14		135,18
3	56					
4	62			189,14	153,07	
4	73				225,40	
5	81	218,42				
5	83					-127,72
5	89			385,42		
5	90					325,76
5	91	187,21				
5	95				222,33	
6	107			273,92		
6	110				158,24	
7	117				128,48	
7	121					92,59
8	128					145,75
8	129			306,14		
9	142					
9	143				166,25	
9	147					168,93
9	150					
10	154	326,59				
10	155			301,07		
10	157					
E	161	190,50				

Ao analisar as estimativas de b_j apresentadas nas Tabelas 48 a 51, observam-se valores elevados de produtividade de grãos associados às marcas, que variam de 92,59 kg/ha (Tabela 50) a 1308,70 kg/ha (Tabela 51). Com relação às marcas coincidentes entre ambientes, os valores do coeficiente b_j são semelhantes em alguns casos, como para a marca 28. Tal marca foi selecionada em cinco ambientes e apresentou valores aproximados do b_j , variando de 263,04 (T_2 – local 9) a 167,09 (T_1 – conjunta). Já a marca 51 apresentou amplitudes maiores dos valores de b_j ao longo dos ambientes, variando de 398,14 (T_4 – local 7) a 135,18 (T_4 – conjunta).

Na tabela 53 são mostradas as estimativas da fração da variância genética entre *topcrosses* ($\hat{p}$) que é explicada pelas marcas. Considerando as localidades separadamente, nota-se que, na maioria dos casos, as marcas selecionadas explicaram bastante bem a variância genética. Tal resultado é consequência, em grande parte, do número relativamente elevado de locos de marcadores utilizados e da sua distribuição pelos cromossomos. Nas análises conjuntas, apesar da maior precisão das médias, a parte da variância genética explicada pelas marcas foi, em geral, menor, fato que se deve à interação genótipos x ambientes. Convém lembrar que as estimativas de $\hat{p}$, nas análises conjuntas, calculadas como exposto por Rumin (2000), contém uma simplificação pois baseiam-se na suposição de que σ_{gs}^2/σ_g^2 e σ_{ms}^2/σ_m^2 são iguais. Nestas razões, σ_g^2 e σ_m^2 são as variâncias genética e a parte explicada pelas marcas e σ_{gs}^2 e σ_{ms}^2 as variâncias devidas às respectivas interações por locais. Acredita-se que tais suposições não comprometam substancialmente os resultados.

Tabela 52. Valores de $\hat{p}$ nos ambientes avaliados. Produtividade de grãos de milho, 11 locais, quatro testadores

Locais	Testadores			
	T ₁	T ₂	T ₃	T ₄
1	1,00			
2	1,00			
3	0,81			
4	1,00			
5				0,86
6				0,30
7				0,63
8		0,32	0,68	1,00
9		0,70	0,85	
10		1,00	0,55	
11			0,55	
Conjunta	0,35	0,38	0,40	0,69

A Tabela 53 apresenta o número de marcas e valor do coeficiente R^2 , utilizados nos cálculos dos valores de $\hat{p}$ para os diversos ambiente.

Tabela 53. Valores de R^2 em % e número de marcas selecionadas (m) nos ambientes avaliados. Produtividade de grãos de milho, 11 locais, quatro testadores

Locais	T ₁		T ₂		T ₃		T ₄	
	m	R ²	m	R ²	m	R ²	m	R ²
1	10	47,65						
2	8	38,59						
3	9	44,21						
4	10	50,71						
5							7	38,27
6							5	19,55
7							10	46,66
8			6	27,20	13	41,14	10	45,93
9			8	34,75	6	45,07		
10			6	34,09	9	30,15		
11					10	37,88		
Conjunta	7	29,80	9	33,37	8	32,88	11	49,17

4.3 Aplicação do índice de seleção de linhagens

Os resultados oriundos da aplicação do índice de seleção de linhagens são apresentados nas Tabelas 54 a 57, agrupados por testador. Dentre as linhagens selecionadas em cada um dos locais, considerando o mesmo testador, observa-se que boa parte delas é coincidente, enquanto outras linhagens são específicas do local avaliado. A porcentagem de linhagens coincidentes, com relação ao total de linhagens selecionadas nos locais e na análise conjunta, foi de 66,7%, 80,0%, 48,5% e 64,3% para os testadores T_1 , T_2 , T_3 e T_4 , respectivamente. Considera-se como coincidência a ocorrência de uma linhagem superior em pelo menos dois locais, ou em um local e na análise conjunta dos locais.

Tabela 54. Números indicativos das 15 melhores linhagens selecionadas por local com base no índice de seleção. Locais 1, 2, 3, 4 e análise conjunta dos locais. Testador T_1 . 1996

Posicionamento das linhagens	Local 1	Local 2	Local 3	Local 4	Conjunta
1	30	121	132	9	9
2	107	44	9	13	13
3	112	1	128	80	1
4	26	8	105	133	108
5	53	132	8	54	85
6	9	55	1	59	121
7	105	3	59	21	60
8	99	21	130	106	90
9	13	76	47	105	10
10	11	90	30	28	132
11	132	28	53	29	30
12	149	46	91	81	19
13	123	29	35	130	72
14	8	73	76	121	44
15	85	58	85	52	135

Tabela 55. Números indicativos das 15 melhores linhagens selecionadas por local com base no índice de seleção. Locais 8, 9, 10 e análise conjunta dos locais. Testador T₂. 1997

Posicionamento das linhagens	Local 8	Local 9	Local 10	Conjunta
1	132	107	36	132
2	107	128	49	149
3	134	131	149	107
4	98	30	132	53
5	99	132	97	108
6	53	119	134	49
7	70	123	119	134
8	123	136	25	97
9	7	134	1	123
10	125	1	108	136
11	19	88	30	62
12	149	100	62	25
13	83	138	145	36
14	30	135	106	119
15	148	13	68	18

Tabela 56. Números indicativos das 15 melhores linhagens selecionadas por local com base no índice de seleção. Locais 8, 9, 10, 11 e análise conjunta dos locais. Testador T₃. 1997

Posicionamento das linhagens	Local 8	Local 9	Local 10	Local 11	Conjunta
1	147	16	25	60	25
2	3	109	22	22	81
3	134	108	69	82	60
4	102	122	98	138	12
5	86	1	119	20	119
6	122	21	8	86	86
7	83	86	81	21	52
8	105	119	87	19	146
9	17	25	83	12	84
10	103	110	111	132	132
11	132	12	16	61	22
12	95	121	116	49	8
13	128	3	78	31	51
14	118	11	146	137	1
15	25	99	60	119	108

Tabela 57. Números indicativos das 15 melhores linhagens selecionadas por local com base no índice de seleção. Locais 5, 6, 7, 8 e análise conjunta dos locais. Testador T₄. 1997

Posicionamento das linhagens	Local 5	Local 6	Local 7	Local 8	Conjunta
1	49	130	130	91	129
2	91	135	129	42	130
3	5	129	135	79	135
4	107	62	111	134	13
5	132	1	83	13	134
6	36	134	13	32	53
7	69	85	128	114	114
8	100	5	73	53	128
9	30	127	67	62	42
10	19	126	53	70	73
11	134	144	68	69	79
12	114	69	86	34	111
13	14	83	81	106	69
14	125	13	42	35	30
15	18	90	109	128	105

A coincidência de linhagens selecionadas pelo mesmo testador aponta para a possibilidade de se praticar uma estratégia de seleção generalista, apesar da presença da interação genótipo x ambiente. Porém, ao se fixar o local de avaliação e variar o testador utilizado nos *topcrosses* das linhagens, os resultados são divergentes não sendo encontrado o mesmo nível de coincidência entre as linhagens. Nas Tabelas 58 a 60 são apresentadas as linhagens selecionadas por diferentes testadores nos locais 8, 9 e 10, respectivamente. O número de linhagens coincidentes foi de 10,8% no local 8, 7,7% no local 9 e 7,7% no local 10.

Tabela 58. Números indicativos das 15 melhores linhagens seleccionadas por testador com base no índice de seleção. Local 8. Testadores T_2 , T_3 e T_4 . 1997

Posicionamento das linhagens	T_2	T_3	T_4
1	132	16	91
2	107	109	42
3	134	108	79
4	98	122	134
5	99	1	13
6	53	21	32
7	70	86	114
8	123	119	53
9	7	25	62
10	125	110	70
11	19	12	69
12	149	121	34
13	83	3	106
14	30	11	35
15	148	99	128

Tabela 59. Números indicativos das 15 melhores linhagens seleccionadas por testador com base no índice de seleção. Local 9. Testadores T_2 , e T_3 . 1997

Posicionamento das linhagens	T_2	T_3
1	107	16
2	128	109
3	131	108
4	30	122
5	132	1
6	119	21
7	123	86
8	136	119
9	134	25
10	1	110
11	88	12
12	100	121
13	138	3
14	135	11
15	13	99

Tabela 60. Números indicativos das 15 melhores linhagens selecionadas por testador com base no índice de seleção. Local 10. Testadores T₂, e T₃. 1997

Posicionamento das linhagens	T ₂	T ₃
1	36	25
2	49	22
3	149	69
4	132	98
5	97	119
6	134	8
7	119	81
8	25	87
9	1	83
10	108	111
11	30	16
12	62	116
13	145	78
14	106	146
15	68	60

A coincidência das linhagens selecionadas ao longo dos locais, considerando o mesmo testador, indica que apesar da presença da interação genótipo x ambiente é possível se realizar a seleção de linhagens generalistas, ou seja, de comportamento relativamente estável nos vários ambientes. Tal fato é de conhecimento geral e utilizado pelos melhoristas na seleção convencional, baseada nas médias dos *topcrosses*. Assim, esses resultados mostram que a seleção assistida pelas marcas também foi capaz de selecionar linhagens generalistas ao longo dos locais.

Além de analisar a seleção efetuada pelo índice, foi verificada também a seleção de linhagens segundo a média de produtividade de grãos nos *topcrosses*. De maneira análoga à seleção pelo índice, os dados foram agrupados por testador e são apresentados nas Tabelas 61 a 64. A porcentagem de linhagens coincidentes foi de 69,2%, 66,7%, 54,8% e 54,7% para os testadores T₁, T₂, T₃ e T₄, respectivamente. Assim, observa-se que independentemente do método

utilizado, a interação genótipo x ambiente manifesta-se pela existência de um grupo de linhagens comuns a mais de um ambiente e outro grupo ambiente-específico.

Tabela 61. Números indicativos das 15 melhores linhagens selecionadas por local com base na média dos *topcrosses*. Locais 1, 2, 3, 4 e análise conjunta dos locais. Testador T₁. 1996

Posicionamento das linhagens	Local 1	Local 2	Local 3	Local 4	Conjunta
1	9	21	105	9	9
2	13	135	108	13	13
3	24	44	91	130	108
4	91	132	98	11	8
5	47	13	130	1	21
6	8	29	9	18	47
7	30	30	21	54	30
8	22	112	47	47	19
9	19	19	106	46	24
10	2	59	53	26	91
11	76	121	65	10	59
12	108	28	22	121	121
13	26	109	1	96	1
14	99	115	27	72	26
15	106	58	72	12	22

Tabela 62. Números indicativos das 15 melhores linhagens selecionadas por local com base na média dos *topcrosses*. Locais 8, 9, 10 e análise conjunta dos locais. Testador T₂. 1997

Posicionamento das linhagens	Local 8	Local 9	Local 10	Conjunta
1	53	25	120	138
2	138	132	62	134
3	134	7	138	25
4	25	138	19	36
5	123	119	97	19
6	7	134	68	94
7	19	92	23	23
8	38	36	27	123
9	36	23	30	7
10	99	109	123	132
11	94	13	14	13
12	13	124	2	108
13	108	33	105	120
14	70	114	54	2
15	98	35	149	18

Tabela 63. Números indicativos das 15 melhores linhagens selecionadas por local com base na média dos *topcrosses*. Locais 8, 9, 10, 11 e análise conjunta dos locais. Testador T₃. 1997

Posicionamento das linhagens	Local 8	Local 9	Local 10	Local 11	Conjunta
1	132	25	69	127	132
2	64	109	119	138	78
3	147	108	34	19	127
4	94	20	132	132	25
5	72	36	13	20	20
6	78	21	127	3	36
7	71	99	25	129	119
8	79	95	20	16	16
9	18	19	78	136	19
10	148	121	84	76	138
11	52	105	32	36	148
12	36	86	7	21	72
13	134	16	99	12	64
14	111	106	100	81	71
15	112	110	106	25	106

Tabela 64. Números indicativos das 15 melhores linhagens selecionadas por local com base na média dos *topcrosses*. Locais 5, 6, 7, 8 e análise conjunta dos locais. Testador T₄. 1997

Posicionamento das linhagens	Local 5	Local 6	Local 7	Local 8	Conjunta
1	49	17	129	91	134
2	125	32	130	134	138
3	19	79	138	79	129
4	91	143	13	42	13
5	5	129	111	83	30
6	134	69	107	30	91
7	106	4	42	62	79
8	17	1	134	34	130
9	30	77	114	1	32
10	41	22	122	74	22
11	135	128	127	108	114
12	18	134	83	128	69
13	13	59	136	35	111
14	133	86	145	10	128
15	132	23	68	53	83

Nas Tabelas 65, 66 e 67 os dados apresentados são referentes a diferentes testadores avaliados nos locais 8, 9 e 10, respectivamente. Também nestes casos, o grupo de linhagens coincidentes ao longo dos testadores num mesmo local foi baixo, com valores de 14,7% e 12,5% nos locais 8 e 9. No local 10 não foi selecionada nenhuma linhagem comum aos dois testadores.

Tabela 65. Números indicativos das 15 melhores linhagens seleccionadas por testador com base na média dos *topcrosses*. Local 8. Testadores T₂, T₃ e T₄. 1997

Posicionamento das linhagens	T ₂	T ₃	T ₄
1	53	132	91
2	138	64	134
3	134	147	79
4	25	94	42
5	123	72	83
6	7	78	30
7	19	71	62
8	38	79	34
9	36	18	1
10	99	148	74
11	94	52	108
12	13	36	128
13	108	134	35
14	70	111	10
15	98	112	53

Tabela 66. Números indicativos das 15 melhores linhagens seleccionadas por testador com base na média dos *topcrosses*. Local 9. Testadores T₂, e T₃. 1997

Posicionamento das linhagens	T ₂	T ₃
1	25	25
2	132	109
3	7	108
4	138	20
5	119	36
6	134	21
7	92	99
8	36	95
9	23	19
10	109	121
11	13	105
12	124	86
13	33	16
14	114	106
15	35	110

Tabela 67. Números indicativos das 15 melhores linhagens selecionadas por testador com base na média dos *topcrosses*. Local 10. Testadores T₂, e T₃. 1997

Posicionamento das linhagens	T ₂	T ₃
1	120	69
2	62	119
3	138	34
4	19	132
5	97	13
6	68	127
7	23	25
8	27	20
9	30	78
10	123	84
11	14	32
12	2	7
13	105	99
14	54	100
15	149	106

A comparação das linhagens selecionadas pelo índice e pelo *topcross* mostrou que, apesar dos critérios diferentes na eleição das linhagens superiores, algumas delas são selecionadas por ambas as abordagens. Nesta comparação foram utilizadas apenas as linhagens consistentes ao longo dos locais, segundo os dois critérios. Os resultados da comparação são apresentados na Tabela 68.

Tabela 68. Comparação entre as linhagens consistentes ao longo dos locais selecionadas pelo índice e pelo *topcross*

Testador	Linhagens coincidentes	Comuns aos dois critérios	Comuns aos dois critérios (%)
T ₁	28	8	28,6
T ₂	24	5	20,8
T ₃	29	4	13,8
T ₄	23	13	56,5

Apesar das linhagens mais promissoras serem selecionadas pelos dois critérios de seleção, verifica-se que a coincidência de linhagens é dependente do testador utilizado. Da Tabela 68 tem-se que o testador T_3 apresentou o menor nível de coincidência, 13,8%, enquanto o testador T_4 apresentou 56,5% de coincidência entre linhagens. Observa-se novamente a presença da interação genótipo x ambiente, manifestando-se com relação à base genética do testador.

Deve-se levar em conta, também, que a complementaridade genotípica entre os locos, considerada pelo índice e não pelo *topcross*, pode selecionar linhagens que não estejam bem posicionadas em termos apenas de produtividade de grãos. O assunto já foi abordado com detalhes em Rumin (2000).

Para a avaliação da coincidência de linhagens selecionadas pelos dois critérios em cada ambiente separadamente foi construída a Tabela 69. Observa-se que, de maneira a geral, o nível de coincidência de linhagens ficou em torno de 40,0%, sendo o menor valor 20,0% e o maior 66,7%. Os dados referentes ao posicionamento das linhagens segundo os dois critérios de seleção citados podem ser vistos com detalhes nos Anexos E a W.

Tabela 69. Número de linhagens coincidentes segundo a seleção pelo índice e pelo *topcross*. Todos os ambientes

Locais	Testadores			
	T_1	T_2	T_3	T_4
1	6/15			
2	7/15			
3	7/15			
4	5/15			
5				8/15
6				4/15
7				7/15
8		7/15	3/15	8/15
9		5/15	9/15	
10		5/15	4/15	
11			5/15	
Conjunta	7/15	7/15	3/15	10/15

Na Tabela 70 encontram-se os valores de $f(p)$ calculados para todos os ambientes. Como as marcas utilizadas por ambiente não são necessariamente as mesmas, apresenta-se uma média entre os locais. Os resultados referentes a cada loco podem ser vistos no Anexo Y.

Tabela 70. Valores médios de $f(p)$ para cada ambiente. Dados referentes a 11 locais e quatro testadores

Locais	Testadores			
	T ₁	T ₂	T ₃	T ₄
1	0,51			
2	0,70			
3	0,56			
4	0,65			
5				0,48
6				0,49
7				0,65
8		0,54	0,53	0,56
9		0,62	0,58	
10		0,58	0,56	
11			0,56	
Conjunta	0,53	0,67	0,58	0,46
Média dos locais	0,60	0,58	0,56	0,54

Os valores médios de $f(p)$ foram ligeiramente menores na análise conjunta quando comparados à média dos valores por local, para os testadores T₁ e T₄. Já nos testadores T₂ e T₃ ocorreu o inverso. Essas diferenças são devidas à presença da interação genótipo ambiente.

5 CONCLUSÕES

O emprego de marcadores moleculares permitiu verificar que a interação genótipos x locais foi devida principalmente à inconsistência na manifestação das regiões cromossômicas responsáveis pela produtividade de grãos em milho, ao longo dos locais.

Por ser fortemente dependente da base genética dos testadores a interação genótipos x testadores foi mais pronunciada do que a de genótipos x locais.

A maior parte da variação genética entre os *topcrosses* das linhagens, em cada local, foi bem explicada pelas marcas empregadas, o que reforça a confiabilidade dos marcadores.

A maior parte das regiões cromossômicas com QTLs relacionados à produtividade de grãos em milho e detectadas pelos marcadores utilizados foi ambiente específica, em relação aos locais considerados.

A despeito da grandeza da interação genótipos x locais, o emprego de índice de seleção, baseado em informações moleculares e de campo, permitiu selecionar linhagens superiores e generalistas, para o conjunto dos locais em um dado testador.

O procedimento molecular empregado permite identificar regiões cromossômicas com QTLs mais consistentes nas suas manifestações, o que pode ser útil em programas de melhoramento visando maior estabilidade dos genótipos.

A presença de interação genótipos x locais fez com que a variância genética explicada pelos marcadores fosse ligeiramente diferente na análise conjunta dos locais, em comparação com a média dos valores obtidos em cada local, considerando o mesmo testador.

ANEXOS

ANEXO A

Produtividade de grãos de milho, em kg/ha. Médias ajustadas das linhagens em cruzamento com o testador T₁. Iowa e Indiana, EUA. 1996.

Linhagens	Local 1	Local 2	Local 3	Local 4	Conjunta
1	6827,4	7986,6	9645,4	10139,4	8649,7
2	7983,3	7428,9	8595,1	9463,6	8367,7
3	7063,9	7943,8	9282,4	9133,3	8355,9
4	7297,2	8256,7	7977,3	9498,2	8257,4
5	7172,9	8263,6	8472,4	9281,6	8297,6
8	8245,9	8390,9	9485,1	9672,5	8948,6
9	8809,3	7808,3	9943,0	11115,6	9419,1
10	6810,7	7671,9	8523,7	9774,9	8195,3
11	7615,6	7825,2	7808,7	10454,8	8426,1
12	7546,0	6846,1	8063,8	9684,6	8035,1
13	8645,2	8737,4	8305,5	10692,3	9095,1
14	7076,4	7701,6	8023,8	9356,6	8039,6
15	6841,1	7987,5	8169,5	8901,1	7974,8
16	7571,7	6687,4	8505,1	9527,6	8073,0
17	6910,3	7839,3	8138,0	9344,5	8058,0
18	7236,2	7182,8	9093,5	10078,7	8397,8
19	8074,6	8671,8	9172,8	9657,3	8894,1
20	6435,9	7585,1	8182,2	8678,3	7720,4
21	6996,0	9520,3	9858,4	9345,3	8930,0
22	8144,0	7236,2	9652,8	9269,5	8575,6
23	7290,7	7959,2	8170,4	9226,9	8161,8
25	8543,5	8352,2	9423,0	9159,6	8869,6
26	7791,0	7539,2	9206,5	9784,5	8580,3
27	7505,3	6817,3	9578,0	8703,6	8151,1
28	6300,1	8639,6	8932,9	9433,0	8326,4
29	6849,4	8722,1	8938,6	9114,5	8406,2
30	8205,7	8721,1	9417,7	9338,2	8920,7
34	6668,8	8109,3	8546,2	8822,7	8036,8
35	5532,5	7408,2	7886,5	9419,7	7561,7
37	5864,7	6801,4	8521,2	8817,2	7501,1
38	6207,0	8221,9	9040,0	9532,6	8250,4
40	6523,4	8144,0	7003,8	7620,6	7323,0
41	6516,9	8335,1	7978,8	9470,4	8075,3
43	7038,2	8445,7	8799,4	9068,6	8338,0
44	6555,8	8931,9	8844,7	9144,7	8369,3
45	5353,7	6914,8	7864,5	8462,8	7149,0
46	7184,9	8279,2	8557,6	9791,2	8453,2
47	8259,9	7635,0	9824,8	9966,6	8921,6
48	6524,9	8057,9	7129,4	8806,7	7629,7
50	5867,9	7954,3	7992,0	8533,0	7586,8
51	5935,5	7002,9	8239,8	8746,1	7481,1
52	5531,3	7436,0	8688,3	9048,2	7676,0

Produtividade de grãos de milho, em kg/ha. Médias ajustadas das linhagens em cruzamento com o testador T₁. Iowa e Indiana, EUA. 1996.

Linhagens	Local 1	Local 2	Local 3	Local 4	Conjunta
53	6872,7	7958,7	9775,7	8632,5	8309,9
54	6628,4	7142,8	8804,3	10032,1	8151,9
55	7108,1	8249,7	9211,3	9181,9	8437,8
57	6764,9	7442,6	8375,6	9237,2	7955,1
58	6895,8	8474,0	8501,1	9523,2	8348,5
59	7305,1	8666,7	9476,3	9622,7	8767,7
60	6501,2	6275,0	9121,3	9043,6	7735,3
61	6584,0	7318,1	8124,9	8453,5	7620,1
65	5927,3	6519,9	9713,9	8945,9	7776,8
68	7227,9	6827,6	9062,1	9070,7	8047,1
72	6018,3	7687,5	9532,5	9696,2	8233,6
73	6338,9	6743,8	9057,7	8939,9	7770,1
76	7908,5	8177,1	9177,6	8684,4	8486,9
77	6661,7	7280,5	8589,5	9113,6	7911,3
80	6873,5	6957,6	8318,5	8639,8	7697,4
81	7361,3	7663,6	9374,2	9488,6	8471,9
82	7107,5	6625,8	8945,0	8866,6	7886,2
83	6227,7	8449,0	8294,4	8534,8	7876,5
84	6435,0	7572,9	9137,4	9323,2	8117,1
85	7332,6	7716,6	9468,1	9296,1	8453,4
90	7635,5	7972,1	9268,4	9387,3	8565,8
91	8427,5	7534,2	10366,3	9147,7	8868,9
92	5738,6	6955,4	9243,7	9561,1	7874,7
93	6680,2	7398,4	9115,6	9645,7	8210,0
96	6914,0	7020,1	8162,4	9750,0	7961,6
97	5475,7	7216,5	8781,9	8240,5	7428,7
98	6408,5	7191,5	10150,0	8196,7	7986,7
99	7703,9	7715,3	8619,4	9269,8	8327,1
100	7367,8	7153,9	9266,9	9540,3	8332,2
101	7135,8	6785,2	9047,1	9130,3	8024,6
104	6111,1	6927,0	8101,3	9013,1	7538,1
105	7060,2	7104,5	10588,7	8217,1	8242,6
106	7681,9	7147,9	9780,8	8994,6	8401,3
107	7514,1	7203,1	7589,8	8561,7	7717,2
108	7817,5	8024,7	10541,6	9548,7	8983,1
109	6643,1	8543,0	8970,0	9005,5	8290,4
112	7584,2	8699,2	8113,9	8792,7	8297,5
113	7105,1	7677,4	8421,5	9523,2	8181,8
114	7346,5	8472,5	8638,5	8951,8	8352,3
115	6996,2	8508,8	9074,3	9442,7	8505,5
116	7240,1	6065,9	8322,0	8082,9	7427,7
117	6827,3	7123,6	8153,3	9193,9	7824,5
120	6382,7	7307,6	7315,5	8056,1	7265,5
121	7288,3	8663,6	9117,2	9767,1	8709,1
122	6408,6	6789,3	8496,0	8342,3	7509,1

Produtividade de grãos de milho, em kg/ha. Médias ajustadas das linhagens em cruzamento com o testador T₁. Iowa e Indiana, EUA. 1996.

Linhagens	Local 1	Local 2	Local 3	Local 4	Conjunta
123	6516,9	6340,1	8505,3	8652,7	7503,8
128	6799,2	7648,6	9513,9	8646,9	8152,2
130	6701,8	6573,1	10008,5	10530,0	8453,4
131	6606,4	7822,7	8536,3	9534,8	8125,1
132	6708,8	8781,5	8958,5	8287,6	8184,1
133	6985,3	6316,6	8133,9	9274,2	7677,5
135	6789,0	9058,2	8145,4	9035,3	8257,0
139	6425,6	7761,6	8226,7	8724,3	7784,6
144	4980,2	5684,9	6407,2	8126,4	6299,7
149	6749,2	7630,4	8784,3	8407,6	7892,9

ANEXO B

Produtividade de grãos de milho, em kg/ha. Médias ajustadas das linhagens em cruzamento com o testador T₂. Minnesota e Wisconsin, EUA. 1997.

Linhagens	Local 8	Local 9	Local 10	Conjunta
1	8218,6	9511,1	7116,1	8281,9
2	8612,2	9951,1	8007,1	8856,8
4	7246,5	9952,2	7324,0	8174,2
5	7157,0	8613,6	6977,9	7582,8
6	7872,1	10068,7	6876,9	8272,6
7	9394,9	10853,6	7163,7	9137,4
10	7378,3	9080,4	6941,9	7800,2
11	6151,7	8734,3	7320,9	7402,3
13	9185,9	10528,8	7155,1	8956,6
14	8220,7	7879,3	8024,8	8041,6
18	8921,6	9746,8	7804,0	8824,1
19	9359,2	9888,6	8435,7	9227,8
21	6343,8	7526,4	6526,6	6798,9
23	8772,1	10634,7	8162,8	9189,9
24	7692,2	8604,7	7274,4	7857,1
25	9539,8	10925,9	7266,6	9244,1
26	8531,7	9114,5	7231,2	8292,5
27	7903,9	9722,7	8132,8	8586,5
30	8082,3	9343,4	8130,8	8518,8
31	7093,6	8675,9	6752,1	7507,2
32	6798,7	8772,1	6095,6	7222,1
33	7914,4	10456,3	6272,2	8214,3
34	8184,8	8226,4	6792,8	7734,7
35	8074,0	10324,0	5755,2	8051,1
36	9345,5	10635,5	7721,3	9234,1
37	7986,2	9553,7	6652,1	8064,0
38	9353,4	9422,3	7618,9	8798,2
41	7509,0	9591,1	-	7997,3
42	8739,5	9233,9	7761,7	8578,4
43	8092,2	9270,4	7109,4	8157,3
44	6306,5	8692,8	6305,4	7101,6
46	6794,0	8263,2	6006,6	7021,3
48	7596,5	8254,6	6261,0	7370,7
49	8100,7	9771,3	7497,1	8456,4
50	7074,7	8429,7	7350,3	7618,2
51	7812,9	7995,2	5708,1	6718,3
52	10822,8	9109,2	7116,5	8012,9
53	8728,6	9354,6	5655,6	8611,0
54	6907,5	9671,2	7963,8	8787,9
56	-	8369,4	7106,8	7461,2
57	6834,8	9275,9	6370,3	7493,7
62	7720,4	9614,4	8583,1	8639,3

Produtividade de grãos de milho, em kg/ha. Médias ajustadas das linhagens em cruzamento com o testador T₂. Minnesota e Wisconsin, EUA. 1997.

Linhagens	Local 8	Local 9	Local 10	Conjunta
63	8024,3	9286,0	7649,0	8319,8
64	7675,4	9741,7	7374,0	8263,7
65	5232,2	8799,7	-	6463,2
66	6791,8	10164,5	-	7925,4
67	7436,6	9173,7	7272,8	7961,0
68	8156,8	9631,9	8252,3	8680,3
70	8950,6	9695,1	-	8770,1
71	8286,9	9683,3	7393,8	8454,7
72	8096,2	9630,5	-	8310,6
73	7258,5	9086,6	6822,3	7722,5
74	7338,3	10095	7278,3	8237,2
77	7388,9	8908,6	6796,2	7697,9
79	8381,9	9818,7	6559,6	8253,4
80	7231,2	8173,9	6029,2	7144,8
81	8066,6	9144,0	5820,3	7677,0
83	7986,8	8163,7	7344,3	7831,6
84	8618,0	8936,7	-	8224,6
85	7678,5	9667,1	6728,9	8024,8
86	7646,5	8937,2	7512,5	8032,1
88	6735,8	8865,4	-	7247,8
89	7388,8	9740,6	6940,0	8023,1
90	6692,6	7758,1	-	6672,6
91	8244,3	9201,0	5803,4	7749,6
92	8199,4	10690,6	6765,9	8552,0
93	8413,7	9961,0	7530,8	8635,2
94	9291,2	10201,8	-	9193,7
95	8065,0	9799,0	7275,2	8379,7
96	7018,9	9232,4	-	7572,9
97	7201,6	9395,7	8295,7	8297,7
98	8935,6	10110,1	6016,7	8354,1
99	9308,4	9841,8	7159,7	8770,0
100	7204,0	10139,4	7432,0	8258,5
101	8233,5	9844,1	7217,5	8431,7
102	6171,6	9155,2	6350,0	7225,6
104	7200,1	9326,9	7174,3	7900,4
105	7168,4	9054,0	8001,3	8074,6
106	8036,7	8806,4	7416,8	8086,6
107	7661,0	10323,4	6726,2	8236,9
108	9150,0	10088,1	7530,0	8922,7
109	7328,4	10611,4	7068,4	8336,1
110	6993,9	9416,0	-	7652,2
111	7252,0	9624,4	6570,2	7815,5
112	8194,8	10216,7	6899,8	8437,1
113	8584,2	9526,3	7190,7	8433,7
114	6602,9	10382,8	6384,8	7790,2

Produtividade de grãos de milho, em kg/ha. Médias ajustadas das linhagens em cruzamento com o testador T₂. Minnesota e Wisconsin, EUA. 1997.

Linhagens	Local 8	Local 9	Local 10	Conjunta
115	4549,6	7159,7	-	5301,9
117	7483,1	9783,8	6815,2	8027,4
118	8020,3	10265,5	6192,9	8159,6
119	8595,1	10795,0	6746,1	8712,1
120	7969,6	10014,6	8615,8	8866,7
122	7440,6	9016,5	5929,6	7462,2
123	9527,8	9872,6	8072,2	9157,5
124	8093,5	10469,8	7258,2	8607,2
125	8205,5	9881,9	7053,6	8380,3
126	7763,4	9194,9	-	7926,4
127	8113,8	10046,8	7297,2	8485,9
128	7825,6	9985,0	7886,3	8565,6
129	7325,4	9655,5	5810,9	7597,3
130	-	9398,4	-	8026,1
131	7796,9	10146,2	-	8418,8
132	8732,8	10898,5	7736,5	9122,6
133	7627,2	8833,4	-	7677,5
134	9626,3	10723,2	7664,9	9338,1
135	7491,7	9925,5	6475,2	7964,1
136	8725,8	9959,3	7287,3	8657,5
137	7459,5	9523,6	7554,8	8179,3
138	9901,2	10831,5	8470,7	9734,5
139	-	9512,8	-	8140,5
142	8554,0	10189,7	6790,7	8511,5
143	8469,4	10226,4	6199,2	8298,3
144	6356,5	9214,1	7085,0	7551,9
145	7601,0	9195,2	7545,0	8113,7
148	8670,0	9749,4	6679,3	8366,2
149	8091,1	9967,6	7890,5	8649,7

ANEXO C

Produtividade de grãos de milho, em kg/ha. Médias ajustadas das linhagens em cruzamento com o testador T₃. Minnesota e Wisconsin, EUA. 1997

Linhagens	Local 8	Local 9	Local 10	Local 11	Conjunta
1	10021,2	9160,6	8963,9	9289,3	9358,8
2	9912,6	8902,5	6336,2	9437,8	8647,3
3	9637,0	9028,9	9056,2	9973,2	9423,8
4	9423,2	9338,8	8662,5	9393,3	9204,5
5	7924,2	8694,2	8155,6	9367,5	8535,4
6	9086,0	8490,4	6948,1	8642,5	8291,8
7	8779,4	8091,9	9686,8	8742,9	8825,3
8	9811,4	8684,9	9391,2	9254,2	9285,4
10	9419,8	8333,8	9366,8	7138,7	8564,8
11	8406,7	9126,8	8034,1	8867,0	8608,7
12	9386,3	9187,0	9331,0	9783,9	9422,1
13	8701,7	9546,9	10016,7	8784,9	9262,6
14	9431,5	8551,2	6592,2	7321,7	7974,2
15	8189,7	8755,5	9394,6	7840,5	8545,1
16	9898,9	9791,0	9382,8	9941,2	9753,5
17	8324,5	9621,7	9210,7	8796,4	8988,3
18	10347,1	8668,8	8011,2	9414,9	9110,5
19	9084,8	9998,8	9443,9	10410,0	9734,4
20	9271,2	10112,7	9908,9	10040,0	9833,2
21	9373,7	10081,3	8593,9	9791,1	9460,0
22	9270,9	-	8573,9	9697,0	9246,5
23	9646,1	8739,4	9075,4	8188,0	8912,2
24	8319,2	8496,4	7888,8	9124,1	8457,1
25	9639,1	10353,1	9924,6	9766,2	9920,8
26	8993,5	8199,3	9439,1	8547,0	8794,7
27	8958,8	9080,9	-	8129,1	8609,9
28	9533,1	-	7826,6	9376,9	8978,1
29	8439,2	8240,5	9318,8	7572,1	8392,7
30	9236,8	9000,2	7799,1	7916,4	8488,1
31	8426,8	8351,5	9055,7	8351,9	8546,5
32	8189,2	-	9712,3	8363,4	8820,9
33	7418,3	7335,0	7505,8	7002,1	7315,3
34	8846,3	8033,3	10086,6	8601,7	8892,0
35	9675,1	6834,9	8430,7	8101,3	8260,5
36	10117,9	10084,3	9067,5	9808,6	9769,6
37	8503,8	9508,4	7618,6	9219,4	8712,6
38	9649,3	-	9067,8	8916,5	9277,1
40	7155,7	9262,2	8249,0	6031,6	7674,6
42	8018,8	-	6333,8	8228,8	7593,1
43	8659,7	-	8843,6	8617,5	8772,9
44	9258,8	-	8860,4	8882,6	9066,5
45	8683,7	-	8402,0	8674,7	8652,7

Produtividade de grãos de milho, em kg/ha. Médias ajustadas das linhagens em cruzamento com o testador T₃. Minnesota e Wisconsin, EUA. 1997

Linhagens	Local 8	Local 9	Local 10	Local 11	Conjunta
46	9551,0	-	7370,6	8018,4	8379,3
47	8415,3	-	6960,6	7846,5	7806,7
48	9526,6	-	9028,1	8078,2	8943,6
49	9810,3	-	9084,2	7712,1	8934,8
50	9728,4	-	7703,0	8063,2	8564,1
51	9433,6	-	8703,3	9502,6	9279,1
52	10147,4	-	7123,5	9290,8	8919,8
53	9053,1	-	5656,3	8165,7	7691,0
54	9438,7	-	8292,5	8529,6	8819,5
55	8871,1	-	8526,4	9500,8	9032,0
56	9233,4	-	7886,4	6644,1	7987,2
57	9972,6	-	7447,2	8119,6	8579,1
58	8610,0	-	-	7947,8	8208,2
59	8575,4	-	8184,6	8058,3	8338,7
60	9111,7	-	9325,2	8899,9	9178,2
61	9349,2	-	8429,6	9186,5	9054,4
62	9385,3	-	8525,7	8683,7	8930,8
63	8710,2	-	8931,9	8664,7	8834,9
64	10809,3	-	9200,4	8437,4	9548,3
65	7190,8	-	7297,8	-	7284,4
66	9920,9	-	8471,9	9489,9	9360,2
67	9318,7	-	-	8162,8	8670,1
68	9499,8	-	9131,8	9609,2	9479,5
69	8122,4	-	10639,1	7715,4	8891,6
70	9786,3	-	5901,3	8452,0	8112,5
71	10436,6	-	8821,9	9172,4	9542,9
72	10498,3	-	9154,5	8939,8	9596,8
73	9059,8	-	8109,8	8662,8	8676,7
74	9307,6	-	8868,7	9453,0	9275,7
76	9302,7	-	8547,0	9870,8	9306,1
77	8562,5	-	9120,2	9261,8	9047,4
78	10444,3	-	9866,7	9696,9	10068,6
79	10388,5	-	7591,5	8670,2	8949,3
80	9440,1	-	8341,7	8461,9	8813,8
81	9144,3	-	9074,1	9780,7	9399,0
82	9456,3	-	7035,5	8660,5	8450,0
83	9542,3	-	9028,2	8838,9	9202,4
84	9749,5	-	9748,1	8725,2	9473,5
85	8389,6	9618,3	8937,3	8746,3	8922,9
86	9561,3	9802,7	9356,2	9014,2	9433,6
87	8465,9	9540,8	9089,8	8797,7	8973,6
88	8386,5	-	7956,8	8164,5	8235,2
89	7902,6	8371,0	7264,5	7629,2	7791,8
90	7289,5	-	-	6514,8	6831,5
91	8717,6	7108,1	8548,5	9495,7	8467,5

Produtividade de grãos de milho, em kg/ha. Médias ajustadas das linhagens em cruzamento com o testador T₃. Minnesota e Wisconsin, EUA. 1997

Linhagens	Local 8	Local 9	Local 10	Local 11	Conjunta
92	8685,2	9153,0	7964,0	8522,3	8581,1
93	8463,9	-	8169,5	9244,9	8692,0
94	10566,7	7746,0	9235,3	8843,7	9097,9
95	9572,1	10001,3	9474,5	8405,8	9363,4
96	8316,2	8806,9	7505,2	8069,2	8174,4
97	9624,3	8773,9	7200,6	8630,7	8557,4
98	8588,4	8846,9	9406,0	7781,4	8655,7
99	8497,5	10059,3	9663,0	8759,1	9244,7
100	8616,9	9132,8	9614,7	9441,7	9201,5
101	8714,1	9340,4	8339,5	9473,8	8967,0
102	9868,9	-	8395,4	8266,1	8909,4
103	7895,9	7438,8	-	-	7439,0
104	8699,6	9076,1	7588,9	7903,6	8317,1
105	8582,0	9808,4	8468,1	8364,4	8805,7
106	9185,1	9671,7	9573,0	9612,7	9510,6
107	8075,3	9329,4	8171,7	7122,6	8174,8
108	9103,0	10326,5	8536,9	9580,7	9386,8
109	9359,4	10352,2	8429,3	9461,3	9400,6
110	9271,9	9658,3	8759,5	7961,7	8912,9
111	10075,8	9417,3	8904,1	8952,5	9337,4
112	10058,1	9096,5	9121,7	9271,2	9386,9
113	8310,3	8007,2	-	8268,3	8082,2
114	9325,8	9337,2	7880,3	8326,4	8717,4
115	9333,6	-	-	8306,7	8749,5
116	7872,0	9336,4	8172,9	8129,9	8377,8
117	9516,6	9461,1	8711,6	9214,3	9225,9
118	9955,0	9129,5	8339,8	9315,6	9185,0
119	9941,8	9473,0	10177,9	9430,1	9755,7
120	7934,6	9131,6	9437,4	8752,7	8814,1
121	8072,9	9932,3	8843,1	9267,7	9029,0
122	9152,5	9237,0	9300,6	8259,1	8987,3
123	9413,3	8330,8	7483,8	9501,6	8682,4
124	8384,2	9404,5	8596,5	8653,1	8759,6
125	9541,7	-	8604,7	8994,2	9112,8
126	8573,8	-	8019,1	7483,1	8091,3
127	9138,9	-	9978,5	10708,2	10007,8
128	9139,5	-	8756,2	8724,3	8939,3
129	8772,4	-	8128,6	9973,0	9023,9
131	8561,6	-	8555,4	8218,9	8511,2
132	10845,0	-	10071,1	10260,7	10458,2
133	8943,7	-	6362,0	8631,8	8045,1
134	10093,7	-	8905,9	9269,4	9488,9
135	8926,3	-	9121,5	9205,9	9150,5
136	9066,0	-	8641,8	9873,8	9259,8
137	8797,1	-	6781,7	9368,5	8381,7

Produtividade de grãos de milho, em kg/ha. Médias ajustadas das linhagens em cruzamento com o testador T₃. Minnesota e Wisconsin, EUA. 1997

Linhagens	Local 8	Local 9	Local 10	Local 11	Conjunta
138	9859,1	-	8590,4	10454,5	9700,6
139	7865,3	-	8001,3	8202,4	8088,9
141	9398,7	-	8772,4	8128,2	8832,4
142	8510,8	-	8098,0	8737,6	8514,7
143	7762,8	-	7505,6	9330,6	8265,6
144	8929,9	-	8879,0	6557,5	8188,1
145	8522,3	-	-	7635,9	8008,4
146	9245,2	-	9382,5	8849,6	9225,0
147	10773,9	-	8228,0	9068,8	9422,8
148	10190,4	-	9255,5	9323,9	9655,9
149	8537,7	-	8361,2	8627,0	8574,6

ANEXO D

Produtividade de grãos de milho, em kg/ha. Médias ajustadas das linhagens em cruzamento com o testador T₄. Iowa e Minnesota, EUA. 1997

Linhagens	Local 5	Local 6	Local 7	Local 8	Conjunta
1	9504,9	10244,5	6489,3	9492,4	8932,8
2	10805,5	8759,2	8066,3	9042,7	9168,4
3	9064,1	7899,5	7501,7	9077,3	8385,7
4	10582,8	10310,5	7767,8	9398,8	9515,0
5	11630,0	9596,1	8319,2	8902,9	9612,1
6	10120,8	8949,5	9515,3	8724,5	9327,5
10	9505,1	9756,8	8921,2	9426,4	9402,4
11	9447,1	9418,2	8052,4	7763,8	8670,4
12	9516,2	8296,9	8024,5	9143,2	8745,2
13	11088,8	9782,8	10713,4	8940,5	10131,4
14	10148,6	7919,5	7895,6	8524,0	8621,9
15	9939,7	8860,5	8660,5	8623,5	9021,1
16	10510,9	8442,5	9217,5	9058,0	9307,2
17	11345,5	11320,2	6874,7	8492,5	9508,2
18	11096,2	8502,0	9032,7	8472,6	9275,9
19	11758,2	9374,3	5579,6	9286,5	8999,7
21	10185,4	8067,7	7544,7	8007,2	8451,3
22	10871,4	10149,9	8986,8	9245,5	9813,4
23	9327,0	9924,0	7250,8	8615,7	8779,4
25	10812,9	9052,9	8909,3	9018,7	9448,5
27	10237,9	8980,5	8790,1	8805,4	9203,5
30	11328,1	9419,1	9989,0	9618,6	10088,7
31	9500,4	6990,2	7562,2	8372,8	8106,4
32	10426,1	11121,1	9156,9	8920,5	9906,2
33	10660,9	9481,9	7923,2	8693,8	9190,0
34	9232,6	8003,2	6854,2	9508,0	8399,5
35	9601,1	7776,2	8703,3	9431,2	8878,0
36	10840,6	9155,1	7456,3	8865,4	9079,4
37	9843,0	8261,5	7911,4	7698,0	8428,5
38	9134,0	-	6297,2	-	7438,4
41	11197,8	7135,8	8552,3	8747,3	8908,3
42	8947,9	9346,8	10454,1	9694,1	9610,7
43	8920,8	8492,6	7285,6	8240,5	8234,9
44	9763,9	8469,4	9868,4	9134,0	9308,9
45	8680,6	8490,7	-	8435,8	8421,2
46	10126,8	9118,8	7019,4	8973,3	8809,6
47	10844,1	8229,5	8203,0	9016,1	9073,2
48	10044,2	6817,0	8905,9	7952,4	8429,9
49	11924,9	9147,8	8340,3	8530,4	9485,9
50	9246,1	8717,3	8541,2	8118,7	8655,8
51	9688,9	8715,7	8882,6	8640,9	8982,0
53	9885,2	9466,1	9100,3	9412,1	9465,9

Produtividade de grãos de milho, em kg/ha. Médias ajustadas das linhagens em cruzamento com o testador T₄. Iowa e Minnesota, EUA. 1997

Linhagens	Local 5	Local 6	Local 7	Local 8	Conjunta
55	9295,0	8392,3	8957,2	8164,0	8702,1
56	9097,1	8545,8	8555,0	8691,8	8722,4
57	9017,5	7610,5	8143,0	7714,6	8121,4
58	8751,3	6855,3	7686,2	-	7629,9
59	9906,6	10060,5	9673,6	7859,0	9374,9
62	10564,9	9257,4	8791,9	9517,3	9532,9
63	8393,4	6727,7	7365,6	7432,8	7479,9
65	10147,8	-	9300,4	-	9446,9
66	10102,9	-	6790,0	8621,1	8454,3
67	10513,9	8602,3	9025,0	8746,3	9221,9
68	9251,5	8791,4	10115,5	7787,0	8986,4
69	10164,5	10440,2	9327,3	9257,1	9797,3
70	9569,8	8233,0	7842,5	9284,3	8732,4
71	9495,8	9060,9	9882,0	7722,1	9040,2
73	9647,5	6720,4	8653,0	8282,8	8325,9
74	9553,7	8785,9	9188,4	9467,6	9248,9
76	9479,4	-	-	-	8581,6
77	8058,5	10161,8	8286,1	8282,0	8697,1
79	9550,1	10932,0	9465,1	9753,3	9925,1
81	10352,8	8758,4	8561,8	8142,5	8953,9
82	8528,1	-	8014,2	8745,9	8379,0
83	8930,1	9785,2	10344,7	9647,2	9676,8
85	10479,1	8536,7	8938,9	7871,8	8956,6
86	9640,6	9953,8	9155,0	9207,8	9489,3
89	8813,5	9176,4	8378,0	8217,7	8646,4
90	9513,0	8820,1	9208,4	7031,5	8643,3
91	11652,5	9354,8	8821,8	10322,2	10037,8
92	9746,3	9147,5	7141,6	8584,2	8654,9
93	9521,8	9010,6	8583,8	8508,6	8906,2
95	9982,8	9744,9	9457,7	9020,1	9551,4
96	9240,9	7690,2	8515,9	8009,2	8364,1
97	10175,9	8834,0	8923,1	8126,3	9014,8
99	9061,7	9557,3	9172,6	9350,7	9285,6
100	8924,8	7962,9	8203,4	8834,7	8481,5
103	8935,6	-	-	-	8037,8
104	10441,6	8901,6	8975,4	8291,0	9152,4
105	10492,8	9759,0	9425,4	7640,1	9329,3
106	11383,8	10101,6	7945,3	8850,3	9570,3
107	10067,3	9105,7	10598,0	7878,1	9412,3
108	9700,4	9323,8	8785,6	9462,2	9318,0
109	9830,9	8548,7	9412,4	9372,4	9291,1
110	9726,2	8172,2	6412,7	7965,3	8069,1
111	10179,7	9247,4	10649,4	8854,7	9732,8
112	9948,0	9158,5	8032,9	9178,2	9079,4
113	9018,9	7824,4	8132,4	8483,8	8364,9

Produtividade de grãos de milho, em kg/ha. Médias ajustadas das linhagens em cruzamento com o testador T₄. Iowa e Minnesota, EUA. 1997

Linhagens	Local 5	Local 6	Local 7	Local 8	Conjunta
114	10877,7	9038,3	10431,0	8868,2	9803,8
116	9027,3	-	9235,9	-	8854,4
117	10166,6	6706,0	8957,6	7435,7	8316,5
118	9185,2	7450,0	8874,5	9226,7	8684,1
120	9413,6	8245,6	8726,4	8574,2	8740,0
121	9075,5	8135,8	8852,3	8695,3	8689,7
122	9184,3	8347,0	10380,3	8023,5	8983,8
123	10247,8	9438,4	8024,9	8457,3	9042,1
124	9539,8	8399,3	8225,0	8873,3	8759,4
125	11813,9	8789,2	8268,3	8091,5	9240,7
126	8822,4	8041,3	8184,5	7965,7	8253,5
127	9254,8	9572,2	10375,5	8816,8	9504,8
128	9718,2	10137,5	9564,8	9437,9	9714,6
129	10399,4	10442,3	11686,3	8291,0	10204,8
130	10608,4	9867,7	10813,1	8395,9	9921,3
131	10514,8	8574,7	8424,0	8536,8	9012,6
132	10878,9	8249,8	8812,7	8351,4	9073,2
133	10942,0	9244,0	9543,8	8832,3	9640,5
134	11400,6	10079,9	10445,5	9928,2	10463,6
135	11162,1	9911,5	9555,8	8570,9	9800,1
136	10172,5	8893,0	10285,0	9035,8	9596,6
137	9239,4	8177,5	9022,1	7924,3	8590,8
138	10572,9	-	10714,2	-	10366,4
142	9502,7	-	8267,8	-	8608,1
143	10055,4	10467,7	9162,9	8001,9	9422,0
144	9799,9	9368,7	8334,7	7895,5	8849,7
145	9695,7	8081,8	10180,7	8939,9	9224,5
148	10500,8	9830,0	8117,8	8324,6	9193,3
149	10113,8	9648,3	8102,1	9073,3	9234,4

ANEXO E

Comparação da ordenação das linhagens segundo o índice de seleção e segundo a média de produtividade de grãos dos experimentos. Linhagens cruzadas com o testador T₁. Local 1, Iowa, EUA. 1996

Linhagens	Índice	Linhagens	Topcross
30	0,8324	9	8809,3
107	0,7350	13	8645,2
112	0,7222	24	8543,5
26	0,6854	91	8427,5
53	0,6536	47	8259,9
9	0,6340	8	8245,9
105	0,6280	30	8205,7
99	0,6255	22	8144,0
13	0,6251	19	8074,6
11	0,6187	2	7983,3
132	0,5930	76	7908,5
149	0,5806	108	7817,5
123	0,5758	26	7791,0
8	0,5612	99	7703,9
85	0,5440	106	7681,9
139	0,5231	90	7635,5
135	0,5106	11	7615,6
2	0,4780	112	7584,2
24	0,4729	16	7571,7
47	0,4724	12	7546,0
55	0,4692	107	7514,1
91	0,4672	27	7505,3
46	0,4496	100	7367,8
128	0,4453	81	7361,3
93	0,4444	114	7346,5
92	0,4443	85	7332,6
18	0,4421	59	7305,1
97	0,4417	4	7297,2
16	0,4407	23	7290,7
1	0,4400	121	7288,3
22	0,4393	116	7240,1
68	0,4384	18	7236,2
19	0,4315	68	7227,9
121	0,4288	46	7184,9
38	0,4245	5	7172,9
116	0,4243	101	7135,8
80	0,4185	55	7108,1
77	0,4004	82	7107,5
130	0,3996	113	7105,1
14	0,3981	14	7076,4

Comparação da ordenação das linhagens segundo o índice de seleção e segundo a média de produtividade de grãos dos experimentos. Linhagens cruzadas com o testador T₁. Local 1, Iowa, EUA. 1996

Linhagens	Índice	Linhagens	<i>Topcross</i>
90	0,3901	105	7060,2
133	0,3888	43	7038,2
17	0,3874	115	6996,2
109	0,3848	21	6996,0
12	0,3846	133	6985,3
60	0,3826	96	6914,0
81	0,3790	17	6910,3
5	0,3741	58	6895,8
106	0,3741	80	6873,5
96	0,3631	53	6872,7
59	0,3619	29	6849,4
3	0,3598	15	6841,1
83	0,3535	1	6827,4
28	0,3534	117	6827,3
4	0,3519	10	6810,7
52	0,3502	128	6799,2
115	0,3477	135	6789,0
104	0,3470	57	6764,9
76	0,3457	149	6749,2
131	0,3434	132	6708,8
51	0,3415	130	6701,8
29	0,3408	93	6680,2
15	0,3384	34	6668,8
43	0,3352	77	6661,7
82	0,3324	109	6643,1
108	0,3305	54	6628,4
120	0,3303	131	6606,4
100	0,3279	61	6584,0
41	0,3277	44	6555,8
65	0,3217	48	6524,9
10	0,3212	40	6523,4
44	0,3206	41	6516,9
113	0,3201	123	6516,9
122	0,3191	60	6501,2
34	0,3179	20	6435,9
61	0,3070	84	6435,0
21	0,3061	139	6425,6
57	0,3023	122	6408,6
54	0,3011	98	6408,5
117	0,2965	120	6382,7
20	0,2951	73	6338,9
58	0,2945	28	6300,1
27	0,2781	83	6227,7

Comparação da ordenação das linhagens segundo o índice de seleção e segundo a média de produtividade de grãos dos experimentos. Linhagens cruzadas com o testador T₁. Local 1, Iowa, EUA. 1996

Linhagens	Índice	Linhagens	<i>Topcross</i>
114	0,2768	38	6207,0
50	0,2754	104	6111,1
72	0,2754	72	6018,3
40	0,2591	51	5935,5
101	0,2564	65	5927,3
23	0,2546	50	5867,9
144	0,2437	92	5738,6
84	0,2435	35	5532,5
98	0,2359	52	5531,3
73	0,2348	97	5475,7
35	0,2195	45	5353,7
45	0,1849	144	4980,2

ANEXO F

Comparação da ordenação das linhagens segundo o índice de seleção e segundo a média de produtividade de grãos dos experimentos. Linhagens cruzadas com o testador T₁. Local 2, Indiana, EUA. 1996

Linhagens	Índice	Linhagens	Topcross
121	0,7310	21	9520,3
44	0,7050	135	9058,2
1	0,6737	44	8931,9
8	0,6405	132	8781,5
132	0,6330	13	8737,4
55	0,5981	29	8722,1
3	0,5631	30	8721,1
21	0,5578	112	8699,2
76	0,5451	19	8671,8
90	0,5220	59	8666,7
28	0,5080	121	8663,6
46	0,5033	28	8639,6
29	0,5027	109	8543,0
73	0,4832	115	8508,8
58	0,4743	58	8474,0
30	0,4669	114	8472,5
34	0,4643	83	8449,0
59	0,4637	43	8445,7
128	0,4636	8	8390,9
19	0,4605	24	8352,2
109	0,4574	41	8335,1
14	0,4534	46	8279,2
135	0,4504	5	8263,6
131	0,4424	4	8256,7
9	0,4311	55	8249,7
35	0,4306	38	8221,9
61	0,4192	76	8177,1
123	0,4126	40	8144,0
77	0,4060	34	8109,3
48	0,4050	48	8057,9
38	0,3961	108	8024,7
15	0,3936	15	7987,5
51	0,3935	1	7986,6
2	0,3932	90	7972,1
133	0,3899	23	7959,2
13	0,3838	53	7958,7
149	0,3831	50	7954,3
114	0,3813	3	7943,8
24	0,3798	17	7839,3
84	0,3759	11	7825,2

Comparação da ordenação das linhagens segundo o índice de seleção e segundo a média de produtividade de grãos dos experimentos. Linhagens cruzadas com o testador T₁. Local 2, Indiana, EUA. 1996

Linhagens	Índice	Linhagens	<i>Topcross</i>
10	0,3751	131	7822,7
117	0,3743	9	7808,3
50	0,3699	139	7761,6
112	0,3698	85	7716,6
41	0,3692	99	7715,3
11	0,3657	14	7701,6
20	0,3596	72	7687,5
43	0,3585	113	7677,4
91	0,3554	10	7671,9
93	0,3484	81	7663,6
52	0,3482	128	7648,6
108	0,3441	47	7635,0
72	0,3416	149	7630,4
120	0,3373	20	7585,1
107	0,3308	84	7572,9
81	0,3271	26	7539,2
16	0,3246	91	7534,2
144	0,3202	57	7442,6
5	0,3123	52	7436,0
53	0,3028	2	7428,9
130	0,3024	35	7408,2
80	0,2997	93	7398,4
47	0,2940	61	7318,1
65	0,2937	120	7307,6
116	0,2903	77	7280,5
17	0,2899	22	7236,2
4	0,2896	97	7216,5
99	0,2836	107	7203,1
97	0,2821	98	7191,5
105	0,2801	18	7182,8
40	0,2792	100	7153,9
85	0,2698	106	7147,9
60	0,2671	54	7142,8
115	0,2617	117	7123,6
92	0,2600	105	7104,5
139	0,2597	96	7020,1
96	0,2594	51	7002,9
57	0,2579	80	6957,6
113	0,2514	92	6955,4
83	0,2457	104	6927,0
23	0,2362	45	6914,8
45	0,2354	12	6846,1
26	0,2331	68	6827,6

Comparação da ordenação das linhagens segundo o índice de seleção e segundo a média de produtividade de grãos dos experimentos. Linhagens cruzadas com o testador T₁. Local 2, Indiana, EUA. 1996

Linhagens	Índice	Linhagens	<i>Topcross</i>
18	0,2284	27	6817,3
122	0,2194	37	6801,4
101	0,2181	122	6789,3
54	0,2166	101	6785,2
98	0,2096	73	6743,8
22	0,1947	16	6687,4
37	0,1912	82	6625,8
82	0,1902	130	6573,1
104	0,1864	65	6519,9
100	0,1852	123	6340,1
27	0,1785	133	6316,6
68	0,1710	60	6275,0
106	0,1677	116	6065,9
12	0,1670	144	5684,9

ANEXO G

Comparação da ordenação das linhagens segundo o índice de seleção e segundo a média de produtividade de grãos dos experimentos. Linhagens cruzadas com o testador T₁. Local 3, Iowa, EUA. 1996

Linhagens	Índice	Linhagens	<i>Topcross</i>
132	0,6043	105	10588,7
9	0,5906	108	10541,6
128	0,5270	91	10366,3
105	0,5179	98	10150,0
8	0,4792	130	10008,5
1	0,4478	9	9943,0
59	0,4431	21	9858,4
130	0,4368	47	9824,8
47	0,4205	106	9780,8
30	0,4181	53	9775,7
53	0,4051	65	9713,9
91	0,3808	22	9652,8
35	0,3510	1	9645,4
76	0,3452	27	9578,0
85	0,3433	72	9532,5
81	0,3403	128	9513,9
3	0,3193	8	9485,1
114	0,3172	59	9476,3
121	0,2998	85	9468,1
68	0,2984	24	9423,0
22	0,2956	30	9417,7
21	0,2929	81	9374,2
122	0,2919	3	9282,4
108	0,2895	90	9268,4
100	0,2835	100	9266,9
90	0,2834	92	9243,7
92	0,2812	55	9211,3
26	0,2680	26	9206,5
24	0,2634	76	9177,6
98	0,2594	19	9172,8
52	0,2528	84	9137,4
82	0,2447	60	9121,3
60	0,2275	121	9117,2
13	0,2272	93	9115,6
65	0,2230	18	9093,5
106	0,2196	115	9074,3
93	0,2139	68	9062,1
2	0,2124	73	9057,7
44	0,2120	101	9047,1
61	0,2079	38	9040,0

Comparação da ordenação das linhagens segundo o índice de seleção e segundo a média de produtividade de grãos dos experimentos. Linhagens cruzadas com o testador T₁. Local 3, Iowa, EUA. 1996

Linhagens	Índice	Linhagens	<i>Topcross</i>
83	0,2075	109	8970,0
51	0,2057	132	8958,5
139	0,1978	82	8945,0
104	0,1863	29	8938,6
55	0,1804	28	8932,9
19	0,1653	44	8844,7
149	0,1637	54	8804,3
109	0,1622	43	8799,4
28	0,1579	149	8784,3
133	0,1547	97	8781,9
41	0,1541	52	8688,3
113	0,1486	114	8638,5
34	0,1364	99	8619,4
97	0,1345	2	8595,1
77	0,1339	77	8589,5
10	0,1316	46	8557,6
101	0,1268	34	8546,2
72	0,1267	131	8536,3
29	0,1141	10	8523,7
5	0,1074	37	8521,2
11	0,1031	123	8505,3
73	0,0992	16	8505,1
16	0,0972	58	8501,1
17	0,0898	122	8496,0
107	0,0881	5	8472,4
12	0,0855	113	8421,5
14	0,0834	57	8375,6
50	0,0792	116	8322,0
43	0,0754	80	8318,5
96	0,0590	13	8305,5
115	0,0575	83	8294,4
123	0,0515	51	8239,8
112	0,0415	139	8226,7
84	0,0406	20	8182,2
117	0,0279	23	8170,4
45	0,0256	15	8169,5
27	0,0215	96	8162,4
80	0,0175	117	8153,3
58	0,0162	135	8145,4
37	0,0162	17	8138,0
38	0,0140	133	8133,9
57	0,0087	61	8124,9
20	0,0071	112	8113,9

Comparação da ordenação das linhagens segundo o índice de seleção e segundo a média de produtividade de grãos dos experimentos. Linhagens cruzadas com o testador T₁. Local 3, Iowa, EUA. 1996

Linhagens	Índice	Linhagens	<i>Topcross</i>
99	0,0035	104	8101,3
131	0,0035	12	8063,8
18	-0,0065	14	8023,8
54	-0,0104	50	7992,0
46	-0,0146	41	7978,8
48	-0,0252	4	7977,3
135	-0,0267	35	7886,5
23	-0,0529	45	7864,5
120	-0,0566	11	7808,7
116	-0,0679	107	7589,8
40	-0,0888	120	7315,5
4	-0,0989	48	7129,4
144	-0,1120	40	7003,8
15	-0,1142	144	6407,2

ANEXO H

Comparação da ordenação das linhagens segundo o índice de seleção e segundo a média de produtividade de grãos dos experimentos. Linhagens cruzadas com o testador T₁. Local 4, Iowa, EUA. 1996

Linhagens	Índice	Linhagens	<i>Topcross</i>
9	0,8520	9	11115,6
13	0,7269	13	10692,3
80	0,7006	130	10530,0
133	0,6675	11	10454,8
54	0,6321	1	10139,4
59	0,6283	18	10078,7
21	0,6206	54	10032,1
106	0,6134	47	9966,6
105	0,6128	46	9791,2
28	0,6098	26	9784,5
29	0,6057	10	9774,9
81	0,6024	121	9767,1
130	0,6009	96	9750,0
121	0,6006	72	9696,2
52	0,5994	12	9684,6
1	0,5965	8	9672,5
72	0,5836	19	9657,3
68	0,5768	93	9645,7
117	0,5761	59	9622,7
8	0,5742	92	9561,1
90	0,5682	108	9548,7
47	0,5636	100	9540,3
24	0,5633	131	9534,8
61	0,5601	38	9532,6
60	0,5576	16	9527,6
30	0,5550	58	9523,2
50	0,5527	113	9523,2
96	0,5515	4	9498,2
101	0,5512	81	9488,6
132	0,5484	41	9470,4
43	0,5433	2	9463,6
93	0,5413	115	9442,7
92	0,5408	28	9433,0
109	0,5366	35	9419,7
10	0,5328	90	9387,3
27	0,5322	14	9356,6
99	0,5278	21	9345,3
12	0,5246	17	9344,5
85	0,5173	30	9338,2
19	0,5030	84	9323,2

Comparação da ordenação das linhagens segundo o índice de seleção e segundo a média de produtividade de grãos dos experimentos. Linhagens cruzadas com o testador T₁. Local 4, Iowa, EUA. 1996

Linhagens	Índice	Linhagens	<i>Topcross</i>
144	0,5027	85	9296,1
57	0,4969	5	9281,6
114	0,4945	133	9274,2
65	0,4868	99	9269,8
123	0,4828	22	9269,5
22	0,4811	57	9237,2
131	0,4783	23	9226,9
83	0,4776	117	9193,9
108	0,4765	55	9181,9
115	0,4731	24	9159,6
128	0,4699	91	9147,7
45	0,4696	44	9144,7
34	0,4660	3	9133,3
55	0,4628	101	9130,3
113	0,4616	29	9114,5
26	0,4550	77	9113,6
97	0,4534	68	9070,7
84	0,4508	43	9068,6
2	0,4492	52	9048,2
122	0,4465	60	9043,6
149	0,4450	135	9035,3
51	0,4441	104	9013,1
18	0,4377	109	9005,5
41	0,4360	106	8994,6
53	0,4285	114	8951,8
82	0,4248	65	8945,9
139	0,4157	73	8939,9
11	0,4132	15	8901,1
14	0,4126	82	8866,6
100	0,4126	34	8822,7
3	0,4115	37	8817,2
37	0,4065	48	8806,7
5	0,4054	112	8792,7
116	0,4015	51	8746,1
16	0,4012	139	8724,3
135	0,3973	27	8703,6
38	0,3916	76	8684,4
107	0,3901	20	8678,3
91	0,3878	123	8652,7
40	0,3820	128	8646,9
44	0,3717	80	8639,8
20	0,3664	53	8632,5
77	0,3581	107	8561,7

Comparação da ordenação das linhagens segundo o índice de seleção e segundo a média de produtividade de grãos dos experimentos. Linhagens cruzadas com o testador T₁. Local 4, Iowa, EUA. 1996

Linhagens	Índice	Linhagens	<i>Topcross</i>
35	0,3555	83	8534,8
76	0,3332	50	8533,0
46	0,3318	45	8462,8
58	0,3293	61	8453,5
23	0,3239	149	8407,6
15	0,3229	122	8342,3
112	0,3127	132	8287,6
4	0,3032	97	8240,5
104	0,2940	105	8217,1
73	0,2693	98	8196,7
48	0,2590	144	8126,4
98	0,2349	116	8082,9
17	0,2140	120	8056,1
120	0,1966	40	7620,6

ANEXO I

Comparação da ordenação das linhagens segundo o índice de seleção e segundo a média de produtividade de grãos dos experimentos. Linhagens cruzadas com o testador T₁. Análise conjunta dos locais, Iowa e Indiana, EUA. 1996

Linhagens	Índice	Linhagens	<i>Topcross</i>
9	0,7106	9	9419,1
13	0,5519	13	9095,1
1	0,5187	108	8983,1
108	0,4682	8	8948,6
85	0,4655	21	8930,0
121	0,4352	47	8921,6
60	0,4242	30	8920,7
90	0,4202	19	8894,1
10	0,3749	24	8869,6
132	0,3557	91	8868,9
30	0,3470	59	8767,7
19	0,3449	121	8709,1
72	0,3431	1	8649,7
44	0,3246	26	8580,3
135	0,3055	22	8575,6
11	0,2963	90	8565,8
80	0,2908	115	8505,5
100	0,2550	76	8486,9
76	0,2498	81	8471,9
123	0,2496	85	8453,4
93	0,2356	130	8453,4
130	0,2206	46	8453,2
18	0,2197	55	8437,8
47	0,2157	11	8426,1
92	0,2149	29	8406,2
109	0,2108	106	8401,3
131	0,2039	18	8397,8
3	0,2030	44	8369,3
55	0,1992	2	8367,7
59	0,1973	3	8355,9
21	0,1959	114	8352,3
16	0,1880	58	8348,5
51	0,1788	43	8338,0
52	0,1788	100	8332,2
5	0,1614	99	8327,1
68	0,1562	28	8326,4
22	0,1527	53	8309,9
26	0,1527	5	8297,6
84	0,1526	112	8297,5
104	0,1520	109	8290,4

Comparação da ordenação das linhagens segundo o índice de seleção e segundo a média de produtividade de grãos dos experimentos. Linhagens cruzadas com o testador T₁. Análise conjunta dos locais, Iowa e Indiana, EUA. 1996

Linhagens	Índice	Linhagens	<i>Topcross</i>
57	0,1467	4	8257,4
113	0,1434	135	8257,0
128	0,1432	38	8250,4
8	0,1422	105	8242,6
96	0,1370	72	8233,6
115	0,1309	93	8210,0
105	0,1288	10	8195,3
77	0,1274	132	8184,1
122	0,1217	113	8181,8
98	0,1190	23	8161,8
14	0,1180	128	8152,2
61	0,1096	54	8151,9
133	0,1077	27	8151,1
112	0,1035	131	8125,1
97	0,1018	84	8117,1
106	0,1014	41	8075,3
114	0,1011	16	8073,0
27	0,0963	17	8058,0
65	0,0950	68	8047,1
23	0,0913	14	8039,6
99	0,0753	34	8036,8
17	0,0680	12	8035,1
101	0,0677	101	8024,6
43	0,0625	98	7986,7
2	0,0596	15	7974,8
34	0,0578	96	7961,6
41	0,0562	57	7955,1
20	0,0494	77	7911,3
53	0,0478	149	7892,9
73	0,0328	82	7886,2
46	0,0269	83	7876,5
4	0,0141	92	7874,7
35	0,0130	117	7824,5
139	0,0062	139	7784,6
50	0,0060	65	7776,8
12	0,0060	73	7770,1
117	0,0056	60	7735,3
107	0,0002	20	7720,4
24	-0,0047	107	7717,2
82	-0,0075	80	7697,4
149	-0,0162	133	7677,5
29	-0,0226	52	7676,0
28	-0,0243	48	7629,7

Comparação da ordenação das linhagens segundo o índice de seleção e segundo a média de produtividade de grãos dos experimentos. Linhagens cruzadas com o testador T₁. Análise conjunta dos locais, Iowa e Indiana, EUA. 1996

Linhagens	Índice	Linhagens	<i>Topcross</i>
48	-0,0308	61	7620,1
38	-0,0366	50	7586,8
81	-0,0396	35	7561,7
83	-0,0504	104	7538,1
54	-0,0505	122	7509,1
58	-0,0512	123	7503,8
45	-0,0526	37	7501,1
15	-0,0739	51	7481,1
37	-0,0886	97	7428,7
91	-0,1037	116	7427,7
144	-0,1176	40	7323,0
120	-0,1206	120	7265,5
116	-0,2038	45	7149,0
40	-0,2052	144	6299,7

ANEXO J

Comparação da ordenação das linhagens segundo o índice de seleção e segundo a média de produtividade de grãos dos experimentos. Linhagens cruzadas com o testador T₂. Local 8, Minnesota, EUA. 1997

Linhagens	Índice	Linhagens	Topcross
132	0,6332	53	10822,8
107	0,6054	138	9901,2
134	0,5051	134	9626,3
98	0,4558	25	9539,8
99	0,4532	123	9527,8
53	0,4467	7	9394,9
70	0,4181	19	9359,2
123	0,4165	38	9353,4
7	0,4153	36	9345,5
125	0,4101	99	9308,4
19	0,3837	94	9291,2
149	0,3814	13	9185,9
83	0,3391	108	9150,0
30	0,3337	70	8950,6
148	0,3179	98	8935,6
26	0,3117	18	8921,6
97	0,2998	23	8772,1
135	0,2998	42	8739,5
85	0,2966	132	8732,8
91	0,2966	54	8728,6
5	0,2754	136	8725,8
100	0,2740	148	8670,0
62	0,2694	84	8618,0
18	0,2664	2	8612,2
106	0,2550	119	8595,1
66	0,2536	113	8584,2
136	0,2308	142	8554,0
38	0,2287	26	8531,7
41	0,2287	143	8469,4
143	0,2105	93	8413,7
64	0,2105	79	8381,9
81	0,2105	71	8286,9
124	0,2105	91	8244,3
54	0,2050	101	8233,5
52	0,2049	14	8220,7
108	0,2024	1	8218,6
73	0,1933	125	8205,5
25	0,1917	92	8199,4
112	0,1808	112	8194,8
33	0,1801	34	8184,8
142	0,1801	68	8156,8
92	0,1777	127	8113,8

Comparação da ordenação das linhagens segundo o índice de seleção e segundo a média de produtividade de grãos dos experimentos. Linhagens cruzadas com o testador T₂. Local 8, Minnesota, EUA. 1997

Linhagens	Índice	Linhagens	<i>Topcross</i>
49	0,1745	49	8100,7
36	0,1745	72	8096,2
13	0,1674	124	8093,5
63	0,1348	43	8092,2
71	0,1279	149	8091,1
129	0,1279	30	8082,3
133	0,1279	35	8074,0
145	0,1279	81	8066,6
105	0,1131	95	8065,0
10	0,1091	106	8036,7
1	0,1090	63	8024,3
94	0,1065	118	8020,3
34	0,0975	83	7986,8
120	0,0955	37	7986,2
111	0,0934	120	7969,6
79	0,0928	33	7914,4
24	0,0769	27	7903,9
48	0,0769	6	7872,1
68	0,0769	128	7825,6
14	0,0673	52	7812,9
31	0,0673	131	7796,9
4	0,0632	126	7763,4
35	0,0632	62	7720,4
77	0,0562	24	7692,2
96	0,0486	85	7678,5
113	0,0486	64	7675,4
137	0,0486	107	7661,0
2	0,0360	86	7646,5
23	0,0360	133	7627,2
43	0,0325	145	7601,0
56	0,0272	48	7596,5
42	0,0199	41	7509,0
114	0,0199	135	7491,7
84	0,0199	117	7483,1
27	0,0181	137	7459,5
65	0,0181	122	7440,6
110	0,0181	67	7436,6
74	-0,0010	77	7388,9
131	-0,0100	89	7388,8
95	-0,0100	10	7378,3
101	-0,0100	74	7338,3
128	-0,0200	109	7328,4
88	-0,0200	129	7325,4
115	-0,0418	73	7258,5
117	-0,0418	111	7252,0

Comparação da ordenação das linhagens segundo o índice de seleção e segundo a média de produtividade de grãos dos experimentos. Linhagens cruzadas com o testador T₂. Local 8, Minnesota, EUA. 1997

Linhagens	Índice	Linhagens	<i>Topcross</i>
138	-0,0418	4	7246,5
93	-0,0418	80	7231,2
57	-0,0462	100	7204,0
127	-0,0568	97	7201,6
86	-0,0568	104	7200,1
118	-0,0568	105	7168,4
119	-0,0568	5	7157,0
37	-0,0568	31	7093,6
44	-0,0706	50	7074,7
11	-0,0778	96	7018,9
46	-0,0778	110	6993,9
80	-0,1010	56	6907,5
32	-0,1122	57	6834,8
50	-0,1122	32	6798,7
109	-0,1122	46	6794,0
67	-0,1283	66	6791,8
72	-0,1283	88	6735,8
122	-0,1283	90	6692,6
126	-0,1283	114	6602,9
144	-0,1283	144	6356,5
6	-0,1283	21	6343,8
21	-0,1283	44	6306,5
102	-0,1762	102	6171,6
89	-0,1883	11	6151,7
90	-0,1883	65	5232,2
104	-0,1883	115	4549,6

ANEXO K

Comparação da ordenação das linhagens segundo o índice de seleção e segundo a média de produtividade de grãos dos experimentos. Linhagens cruzadas com o testador T₂. Local 9, Minnesota, EUA. 1997

Linhagens	Índice	Linhagens	Topcross
107	0,9167	25	10925,9
128	0,6624	132	10898,5
131	0,6521	7	10853,6
30	0,6305	138	10831,5
132	0,6300	119	10795,0
119	0,6267	134	10723,2
123	0,6121	92	10690,6
136	0,6051	36	10635,5
134	0,5819	23	10634,7
1	0,5594	109	10611,4
88	0,5536	13	10528,8
100	0,5483	124	10469,8
138	0,5470	33	10456,3
135	0,5462	114	10382,8
13	0,5308	35	10324,0
142	0,5280	107	10323,4
53	0,5132	118	10265,5
33	0,5087	143	10226,4
99	0,5087	112	10216,7
143	0,5086	94	10201,8
66	0,5057	142	10189,7
7	0,4919	66	10164,5
85	0,4803	131	10146,2
93	0,4657	100	10139,4
98	0,4590	98	10110,1
63	0,4523	74	10095,0
113	0,4506	108	10088,1
111	0,4387	6	10068,7
36	0,4367	127	10046,8
120	0,4314	120	10014,6
62	0,4287	128	9985,0
41	0,4284	149	9967,6
10	0,4264	93	9961,0
102	0,4262	136	9959,3
80	0,4252	4	9952,2
124	0,4196	2	9951,1
139	0,4116	135	9925,5
72	0,4105	19	9888,6
26	0,4083	125	9881,9
127	0,4054	123	9872,6

Comparação da ordenação das linhagens segundo o índice de seleção e segundo a média de produtividade de grãos dos experimentos. Linhagens cruzadas com o testador T₂. Local 9, Minnesota, EUA. 1997

Linhagens	Índice	Linhagens	<i>Topcross</i>
74	0,4003	101	9844,1
101	0,4003	99	9841,8
118	0,4003	79	9818,7
92	0,3895	95	9799,0
6	0,3831	117	9783,8
64	0,3831	49	9771,3
145	0,3831	148	9749,4
23	0,3707	18	9746,8
25	0,3701	64	9741,7
54	0,3681	89	9740,6
117	0,3681	27	9722,7
19	0,3610	70	9695,1
148	0,3591	71	9683,3
18	0,3586	54	9671,2
97	0,3463	85	9667,1
37	0,3403	129	9655,5
90	0,3342	68	9631,9
65	0,3282	72	9630,5
2	0,3261	111	9624,4
108	0,3219	62	9614,4
109	0,3194	41	9591,1
114	0,3175	37	9553,7
126	0,3088	113	9526,3
67	0,3071	137	9523,6
84	0,3065	139	9512,8
112	0,3059	1	9511,1
129	0,3029	38	9422,3
38	0,2954	110	9416,0
94	0,2922	130	9398,4
79	0,2899	97	9395,7
14	0,2834	53	9354,6
27	0,2834	30	9343,4
73	0,2812	104	9326,9
4	0,2702	63	9286,0
104	0,2669	57	9275,9
35	0,2667	43	9270,4
95	0,2667	42	9233,9
70	0,2664	96	9232,4
34	0,2626	144	9214,1
106	0,2618	91	9201,0
122	0,2608	145	9195,2
130	0,2608	126	9194,9
137	0,2579	67	9173,7

Comparação da ordenação das linhagens segundo o índice de seleção e segundo a média de produtividade de grãos dos experimentos. Linhagens cruzadas com o testador T₂. Local 9, Minnesota, EUA. 1997

Linhagens	Índice	Linhagens	<i>Topcross</i>
68	0,2471	102	9155,2
105	0,2463	81	9144,0
31	0,2386	26	9114,5
81	0,2386	52	9109,2
24	0,2376	73	9086,6
149	0,2367	10	9080,4
5	0,2353	105	9054,0
115	0,2298	122	9016,5
42	0,2223	86	8937,2
49	0,2012	84	8936,7
86	0,2012	77	8908,6
52	0,2000	88	8865,4
46	0,1997	133	8833,4
48	0,1988	106	8806,4
44	0,1988	65	8799,7
125	0,1900	32	8772,1
77	0,1691	11	8734,3
57	0,1650	44	8692,8
71	0,1563	31	8675,9
91	0,1563	5	8613,6
11	0,1523	24	8604,7
56	0,1463	50	8429,7
89	0,1435	56	8369,4
83	0,1381	46	8263,2
133	0,1360	48	8254,6
51	0,1252	34	8226,4
96	0,1062	80	8173,9
43	0,1040	83	8163,7
110	0,1020	51	7995,2
32	0,0675	14	7879,3
50	0,0531	90	7758,1
144	0,0392	21	7526,4
21	0,0391	115	7159,7

ANEXO L

Comparação da ordenação das linhagens segundo o índice de seleção e segundo a média de produtividade de grãos dos experimentos. Linhagens cruzadas com o testador T₂. Local 10, Wiscosin, EUA. 1997

Linhagens	Índice	Linhagens	<i>Topcross</i>
36	0,7268	120	8615,8
49	0,7085	62	8583,1
149	0,6570	138	8470,7
132	0,6138	19	8435,7
97	0,5775	97	8295,7
134	0,5679	68	8252,3
119	0,5393	23	8162,8
25	0,5288	27	8132,8
1	0,5211	30	8130,8
108	0,5152	123	8072,2
30	0,4989	14	8024,8
62	0,4979	2	8007,1
145	0,4691	105	8001,3
106	0,4502	54	7963,8
68	0,4320	149	7890,5
112	0,4190	128	7886,3
2	0,4044	18	7804,0
125	0,4043	42	7761,7
11	0,4002	132	7736,5
52	0,3891	36	7721,3
71	0,3821	134	7664,9
56	0,3805	63	7649,0
138	0,3739	38	7618,9
19	0,3705	137	7554,8
127	0,3705	145	7545,0
100	0,3463	93	7530,8
124	0,3378	108	7530,0
148	0,3378	86	7512,5
18	0,3292	49	7497,1
120	0,3260	100	7432,0
34	0,3204	106	7416,8
92	0,3204	71	7393,8
86	0,3123	64	7374,0
5	0,3105	50	7350,3
136	0,3058	83	7344,3
27	0,3015	4	7324,0
63	0,3015	11	7320,9
38	0,2995	127	7297,2
93	0,2977	136	7287,3
74	0,2919	74	7278,3

Comparação da ordenação das linhagens segundo o índice de seleção e segundo a média de produtividade de grãos dos experimentos. Linhagens cruzadas com o testador T₂. Local 10, Wiscosin, EUA. 1997

Linhagens	Índice	Linhagens	<i>Topcross</i>
14	0,2852	95	7275,2
67	0,2836	24	7274,4
81	0,2766	67	7272,8
102	0,2745	25	7266,6
83	0,2674	124	7258,2
54	0,2577	26	7231,2
64	0,2577	101	7217,5
137	0,2577	113	7190,7
107	0,2519	104	7174,3
26	0,2505	7	7163,7
123	0,2476	99	7159,7
21	0,2458	13	7155,1
79	0,2365	52	7116,5
4	0,2259	1	7116,1
23	0,2259	43	7109,4
101	0,2259	56	7106,8
32	0,2228	144	7085,0
113	0,2228	109	7068,4
7	0,2225	125	7053,6
31	0,2225	5	6977,9
105	0,2139	10	6941,9
10	0,2026	89	6940,0
85	0,2014	112	6899,8
24	0,1974	6	6876,9
114	0,1967	73	6822,3
129	0,1918	117	6815,2
53	0,1855	77	6796,2
77	0,1855	34	6792,8
35	0,1828	142	6790,7
42	0,1828	92	6765,9
109	0,1828	31	6752,1
135	0,1744	119	6746,1
50	0,1686	85	6728,9
80	0,1686	107	6726,2
95	0,1584	148	6679,3
33	0,1556	37	6652,1
99	0,1556	111	6570,2
128	0,1556	79	6559,6
91	0,1537	21	6526,6
104	0,1487	135	6475,2
6	0,1474	114	6384,8
143	0,1474	57	6370,3
142	0,1444	102	6350,0

Comparação da ordenação das linhagens segundo o índice de seleção e segundo a média de produtividade de grãos dos experimentos. Linhagens cruzadas com o testador T₂. Local 10, Wiscosin, EUA. 1997

Linhagens	Índice	Linhagens	<i>Topcross</i>
111	0,1394	44	6305,4
46	0,1186	33	6272,2
57	0,1186	48	6261,0
48	0,1171	143	6199,2
37	0,1158	118	6192,9
73	0,1158	32	6095,6
89	0,1158	80	6029,2
43	0,1138	98	6016,7
122	0,1048	46	6006,6
144	0,1048	122	5929,6
118	0,0957	81	5820,3
51	0,0849	129	5810,9
13	0,0681	91	5803,4
98	0,0681	35	5755,2
44	0,0576	51	5708,1
117	0,0378	53	5655,6

ANEXO M

Comparação da ordenação das linhagens segundo o índice de seleção e segundo a média de produtividade de grãos dos experimentos. Linhagens cruzadas com o testador T₂. Análise conjunta dos locais, Minnesota e Wisconsin, EUA. 1997

Linhagens	Índice	Linhagens	Topcross
132	0,8851	138	9734,5
149	0,8483	134	9338,1
107	0,8141	25	9244,1
53	0,8055	36	9234,1
108	0,7646	19	9227,8
49	0,7190	94	9193,7
134	0,7150	23	9189,9
97	0,7115	123	9157,5
123	0,7073	7	9137,4
136	0,6948	132	9122,6
62	0,6863	13	8956,6
25	0,6839	108	8922,7
36	0,6727	120	8866,7
119	0,6614	2	8856,8
18	0,6508	18	8824,1
135	0,6349	38	8798,2
128	0,6276	54	8787,9
1	0,6273	70	8770,1
94	0,6271	99	8770,0
142	0,6057	119	8712,1
7	0,6044	68	8680,3
33	0,6016	136	8657,5
90	0,5897	149	8649,7
137	0,5882	62	8639,3
99	0,5869	93	8635,2
66	0,5832	53	8611,0
112	0,5714	124	8607,2
120	0,5702	27	8586,5
41	0,5694	42	8578,4
30	0,5606	128	8565,6
23	0,5599	92	8552,0
2	0,5599	30	8518,8
71	0,5596	142	8511,5
129	0,5596	127	8485,9
24	0,5513	49	8456,4
68	0,5513	71	8454,7
124	0,5508	112	8437,1
143	0,5508	113	8433,7
145	0,5457	101	8431,7
139	0,5377	131	8418,8

Comparação da ordenação das linhagens segundo o índice de seleção e segundo a média de produtividade de grãos dos experimentos. Linhagens cruzadas com o testador T₂. Análise conjunta dos locais, Minnesota e Wisconsin, EUA. 1997

Linhagens	Índice	Linhagens	<i>Topcross</i>
52	0,5374	125	8380,3
92	0,5314	95	8379,7
126	0,5286	148	8366,2
148	0,5202	98	8354,1
106	0,5190	109	8336,1
100	0,5105	63	8319,8
70	0,5086	72	8310,6
101	0,5086	143	8298,3
93	0,4948	97	8297,7
54	0,4909	26	8292,5
113	0,4843	1	8281,9
10	0,4802	6	8272,6
104	0,4753	64	8263,7
110	0,4741	100	8258,5
63	0,4685	79	8253,4
65	0,4685	74	8237,2
105	0,4665	107	8236,9
27	0,4602	84	8224,6
38	0,4598	33	8214,3
88	0,4570	137	8179,3
96	0,4570	4	8174,2
79	0,4443	118	8159,6
125	0,4443	43	8157,3
127	0,4443	139	8140,5
6	0,4398	145	8113,7
98	0,4392	106	8086,6
81	0,4385	105	8074,6
83	0,4383	37	8064,0
133	0,4370	35	8051,1
19	0,4318	14	8041,6
14	0,4302	86	8032,1
4	0,4282	117	8027,4
37	0,4282	130	8026,1
118	0,4282	85	8024,8
122	0,4233	89	8023,1
131	0,4233	52	8012,9
130	0,4191	41	7997,3
111	0,4189	135	7964,1
57	0,4113	67	7961,0
86	0,4096	126	7926,4
26	0,4035	66	7925,4
138	0,4004	104	7900,4
109	0,3921	24	7857,1

Comparação da ordenação das linhagens segundo o índice de seleção e segundo a média de produtividade de grãos dos experimentos. Linhagens cruzadas com o testador T₂. Análise conjunta dos locais, Minnesota e Wisconsin, EUA. 1997

Linhagens	Índice	Linhagens	<i>Topcross</i>
43	0,3914	83	7831,6
74	0,3867	111	7815,5
73	0,3864	10	7800,2
34	0,3819	114	7790,2
72	0,3769	91	7749,6
50	0,3721	34	7734,7
77	0,3691	73	7722,5
35	0,3668	77	7697,9
115	0,3651	133	7677,5
48	0,3651	81	7677,0
144	0,3612	110	7652,2
114	0,3598	50	7618,2
11	0,3577	129	7597,3
5	0,3517	5	7582,8
31	0,3513	96	7572,9
64	0,3513	144	7551,9
84	0,3469	31	7507,2
21	0,3276	57	7493,7
51	0,3261	122	7462,2
46	0,3230	56	7461,2
95	0,3169	11	7402,3
67	0,3160	48	7370,7
85	0,3103	88	7247,8
80	0,3012	102	7225,6
91	0,2886	32	7222,1
13	0,2886	80	7144,8
32	0,2799	44	7101,6
102	0,2799	46	7021,3
117	0,2795	21	6798,9
89	0,2739	51	6718,3
56	0,2651	90	6672,6
42	0,2461	65	6463,2
44	0,2145	115	5301,9

ANEXO N

Comparação da ordenação das linhagens segundo o índice de seleção e segundo a média de produtividade de grãos dos experimentos. Linhagens cruzadas com o testador T₃. Local 8, Minnesota, EUA. 1997

Linhagens	Índice	Linhagens	<i>Topcross</i>
147	1,1283	132	10845,0
3	1,0270	64	10809,3
134	0,9611	147	10773,9
102	0,8858	94	10566,7
86	0,8852	72	10498,3
122	0,8797	78	10444,3
83	0,7296	71	10436,6
105	0,7231	79	10388,5
17	0,7183	18	10347,1
103	0,7077	148	10190,4
132	0,6471	52	10147,4
95	0,6454	36	10117,9
128	0,6251	134	10093,7
118	0,6163	111	10075,8
25	0,6082	112	10058,1
78	0,6032	1	10021,2
110	0,5702	57	9972,6
36	0,5642	118	9955,0
67	0,5616	119	9941,8
114	0,5604	66	9920,9
49	0,5589	2	9912,6
47	0,5057	16	9898,9
50	0,5019	102	9868,9
148	0,4967	138	9859,1
57	0,4764	8	9811,4
138	0,4759	49	9810,3
116	0,4687	70	9786,3
8	0,4615	84	9749,5
136	0,4575	50	9728,4
111	0,4427	35	9675,1
1	0,4361	38	9649,3
12	0,4340	23	9646,1
2	0,4334	25	9639,1
51	0,4314	3	9637,0
141	0,4298	97	9624,3
26	0,4200	95	9572,1
69	0,4199	86	9561,3
7	0,4055	46	9551,0
97	0,4025	83	9542,3
64	0,4015	125	9541,7

Comparação da ordenação das linhagens segundo o índice de seleção e segundo a média de produtividade de grãos dos experimentos. Linhagens cruzadas com o testador T₃. Local 8, Minnesota, EUA. 1997

Linhagens	Índice	Linhagens	<i>Topcross</i>
142	0,3951	28	9533,1
117	0,3949	48	9526,6
146	0,3945	117	9516,6
46	0,3924	68	9499,8
72	0,3896	82	9456,3
18	0,3886	80	9440,1
55	0,3884	54	9438,7
79	0,3874	51	9433,6
21	0,3849	14	9431,5
71	0,3845	4	9423,2
82	0,3816	10	9419,8
20	0,3782	123	9413,3
52	0,3750	141	9398,7
94	0,3717	12	9386,3
37	0,3673	62	9385,3
127	0,3672	21	9373,7
76	0,3656	109	9359,4
22	0,3636	61	9349,2
74	0,3619	115	9333,6
125	0,3614	114	9325,8
80	0,3609	67	9318,7
6	0,3592	74	9307,6
77	0,3588	76	9302,7
108	0,3555	110	9271,9
16	0,3532	20	9271,2
53	0,3524	22	9270,9
133	0,3519	44	9258,8
70	0,3392	146	9245,2
145	0,3348	30	9236,8
100	0,3343	56	9233,4
92	0,3331	106	9185,1
81	0,3161	122	9152,5
10	0,3143	81	9144,3
112	0,3109	128	9139,5
44	0,3085	127	9138,9
115	0,3024	60	9111,7
35	0,2972	108	9103,0
58	0,2890	6	9086,0
84	0,2865	19	9084,8
119	0,2862	136	9066,0
13	0,2802	73	9059,8
56	0,2802	53	9053,1
23	0,2783	26	8993,5

Comparação da ordenação das linhagens segundo o índice de seleção e segundo a média de produtividade de grãos dos experimentos. Linhagens cruzadas com o testador T₃. Local 8, Minnesota, EUA. 1997

Linhagens	Índice	Linhagens	<i>Topcross</i>
98	0,2772	27	8958,8
38	0,2750	133	8943,7
123	0,2739	144	8929,9
29	0,2658	135	8926,3
11	0,2599	55	8871,1
96	0,2525	34	8846,3
106	0,2455	137	8797,1
104	0,2444	7	8779,4
109	0,2383	129	8772,4
30	0,2356	91	8717,6
31	0,2325	101	8714,1
129	0,2317	63	8710,2
62	0,2253	13	8701,7
45	0,2244	104	8699,6
101	0,2231	92	8685,2
124	0,2217	45	8683,7
43	0,2139	43	8659,7
113	0,2048	100	8616,9
89	0,1974	58	8610,0
85	0,1952	98	8588,4
59	0,1943	105	8582,0
131	0,1932	59	8575,4
32	0,1902	126	8573,8
48	0,1900	77	8562,5
126	0,1891	131	8561,6
14	0,1870	149	8537,7
33	0,1823	145	8522,3
107	0,1793	142	8510,8
135	0,1788	37	8503,8
19	0,1764	99	8497,5
68	0,1745	87	8465,9
61	0,1707	93	8463,9
27	0,1698	29	8439,2
24	0,1676	31	8426,8
99	0,1661	47	8415,3
54	0,1650	11	8406,7
66	0,1647	85	8389,6
4	0,1496	88	8386,5
93	0,1454	124	8384,2
90	0,1450	17	8324,5
88	0,1430	24	8319,2
15	0,1325	96	8316,2
137	0,1229	113	8310,3

Comparação da ordenação das linhagens segundo o índice de seleção e segundo a média de produtividade de grãos dos experimentos. Linhagens cruzadas com o testador T₃. Local 8, Minnesota, EUA. 1997

Linhagens	Índice	Linhagens	<i>Topcross</i>
120	0,1166	15	8189,7
63	0,1166	32	8189,2
73	0,1125	69	8122,4
87	0,1115	107	8075,3
60	0,1113	121	8072,9
121	0,1085	42	8018,8
34	0,1030	120	7934,6
28	0,0873	5	7924,2
5	0,0858	89	7902,6
144	0,0765	103	7895,9
139	0,0554	116	7872,0
91	0,0474	139	7865,3
42	0,0300	143	7762,8
149	-0,0113	33	7418,3
143	-0,0170	90	7289,5
40	-0,0799	65	7190,8
65	-0,1052	40	7155,7

ANEXO O

Comparação da ordenação das linhagens segundo o índice de seleção e segundo a média de produtividade de grãos dos experimentos. Linhagens cruzadas com o testador T₃. Local 9, Minnesota, EUA. 1997

Linhagens	Índice	Linhagens	Topcross
16	0,4211	25	10353,1
109	0,3451	109	10352,2
108	0,3362	108	10326,5
122	0,2969	20	10112,7
1	0,2680	36	10084,3
21	0,2289	21	10081,3
86	0,2280	99	10059,3
119	0,2245	95	10001,3
25	0,2217	19	9998,8
110	0,2102	121	9932,3
12	0,1952	105	9808,4
121	0,1894	86	9802,7
3	0,1856	16	9791,0
11	0,1856	106	9671,7
99	0,1803	110	9658,3
33	0,1755	17	9621,7
105	0,1737	85	9618,3
20	0,1702	13	9546,9
87	0,1700	87	9540,8
4	0,1693	37	9508,4
85	0,1667	119	9473,0
37	0,1655	117	9461,1
19	0,1479	111	9417,3
117	0,1462	124	9404,5
111	0,1432	101	9340,4
114	0,1432	4	9338,8
116	0,1398	114	9337,2
106	0,1364	116	9336,4
118	0,1288	107	9329,4
31	0,1247	40	9262,2
36	0,1243	122	9237,0
92	0,1053	12	9187,0
8	0,1047	1	9160,6
17	0,1037	92	9153,0
24	0,1037	100	9132,8
101	0,1037	120	9131,6
97	0,1015	118	9129,5
18	0,0985	11	9126,8
100	0,0872	112	9096,5
120	0,0842	27	9080,9

Comparação da ordenação das linhagens segundo o índice de seleção e segundo a média de produtividade de grãos dos experimentos. Linhagens cruzadas com o testador T₃. Local 9, Minnesota, EUA. 1997

Linhagens	Índice	Linhagens	<i>Topcross</i>
107	0,0671	104	9076,1
14	0,0671	3	9028,9
29	0,0622	30	9000,2
104	0,0569	2	8902,5
98	0,0546	98	8846,9
34	0,0468	96	8806,9
2	0,0446	97	8773,9
40	0,0423	15	8755,5
112	0,0390	23	8739,4
30	0,0228	5	8694,2
10	0,0151	8	8684,9
27	0,0147	18	8668,8
15	0,0124	14	8551,2
23	0,0102	24	8496,4
6	0,0102	6	8490,4
95	0,0102	89	8371,0
124	0,0102	31	8351,5
7	0,0089	10	8333,8
35	0,0025	123	8330,8
26	-0,0031	29	8240,5
5	-0,0034	26	8199,3
89	-0,0213	7	8091,9
113	-0,0345	34	8033,3
13	-0,0350	113	8007,2
94	-0,0350	94	7746,0
123	-0,0350	103	7438,8
103	-0,0677	33	7335,0
91	-0,0782	91	7108,1
96	-0,0782	35	6834,9

ANEXO P

Comparação da ordenação das linhagens segundo o índice de seleção e segundo a média de produtividade de grãos dos experimentos. Linhagens cruzadas com o testador T₃. Local 10, Wisconsin, EUA. 1997

Linhagens	Índice	Linhagens	Topcross
25	0,6760	69	10639,1
22	0,6137	119	10177,9
69	0,6116	34	10086,6
98	0,6037	132	10071,1
119	0,5726	13	10016,7
8	0,5666	127	9978,5
81	0,5591	25	9924,6
87	0,5591	20	9908,9
83	0,5499	78	9866,7
111	0,5144	84	9748,1
16	0,5095	32	9712,3
116	0,4957	7	9686,8
78	0,4672	99	9663,0
146	0,4607	100	9614,7
60	0,4599	106	9573,0
52	0,4474	95	9474,5
71	0,4455	19	9443,9
13	0,4402	26	9439,1
85	0,4353	120	9437,4
20	0,4229	98	9406,0
100	0,4151	15	9394,6
36	0,4115	8	9391,2
127	0,3991	16	9382,8
43	0,3979	146	9382,5
18	0,3929	10	9366,8
54	0,3859	86	9356,2
94	0,3804	12	9331,0
141	0,3802	60	9325,2
107	0,3746	29	9318,8
135	0,3700	122	9300,6
91	0,3609	148	9255,5
31	0,3558	94	9235,3
44	0,3558	17	9210,7
144	0,3491	64	9200,4
7	0,3432	72	9154,5
12	0,3311	68	9131,8
106	0,3306	112	9121,7
53	0,3287	135	9121,5
21	0,3220	77	9120,2
134	0,3214	87	9089,8

Comparação da ordenação das linhagens segundo o índice de seleção e segundo a média de produtividade de grãos dos experimentos. Linhagens cruzadas com o testador T₃. Local 10, Wisconsin, EUA. 1997

Linhagens	Índice	Linhagens	<i>Topcross</i>
10	0,3156	49	9084,2
4	0,3143	23	9075,4
57	0,3140	81	9074,1
23	0,3129	38	9067,8
68	0,3095	36	9067,5
108	0,3089	3	9056,2
84	0,3072	31	9055,7
147	0,3049	83	9028,2
82	0,2937	48	9028,1
77	0,2928	1	8963,9
120	0,2908	85	8937,3
73	0,2908	63	8931,9
56	0,2861	134	8905,9
125	0,2861	111	8904,1
11	0,2844	144	8879,0
15	0,2835	74	8868,7
110	0,2806	44	8860,4
32	0,2794	43	8843,6
5	0,2774	121	8843,1
19	0,2751	71	8821,9
99	0,2680	141	8772,4
79	0,2538	110	8759,5
112	0,2531	128	8756,2
102	0,2321	117	8711,6
138	0,2320	51	8703,3
34	0,2316	4	8662,5
96	0,2308	136	8641,8
49	0,2269	125	8604,7
59	0,2251	124	8596,5
148	0,2250	21	8593,9
72	0,2247	138	8590,4
51	0,2203	22	8573,9
64	0,2192	131	8555,4
129	0,2138	91	8548,5
92	0,2131	76	8547,0
30	0,2107	108	8536,9
42	0,2102	55	8526,4
142	0,2081	62	8525,7
1	0,2068	66	8471,9
62	0,2068	105	8468,1
45	0,2057	35	8430,7
86	0,2032	61	8429,6
93	0,1906	109	8429,3

Comparação da ordenação das linhagens segundo o índice de seleção e segundo a média de produtividade de grãos dos experimentos. Linhagens cruzadas com o testador T₃. Local 10, Wisconsin, EUA. 1997

Linhagens	Índice	Linhagens	<i>Topcross</i>
61	0,1859	45	8402,0
124	0,1836	102	8395,4
109	0,1830	149	8361,2
95	0,1820	80	8341,7
80	0,1652	118	8339,8
117	0,1623	101	8339,5
40	0,1619	54	8292,5
3	0,1614	40	8249,0
131	0,1600	147	8228,0
26	0,1592	59	8184,6
114	0,1501	116	8172,9
88	0,1485	107	8171,7
128	0,1483	93	8169,5
33	0,1463	5	8155,6
55	0,1441	129	8128,6
149	0,1427	73	8109,8
29	0,1395	142	8098,0
118	0,1377	11	8034,1
123	0,1377	126	8019,1
101	0,1305	18	8011,2
122	0,1241	139	8001,3
50	0,1241	92	7964,0
6	0,1233	88	7956,8
133	0,1201	24	7888,8
76	0,1173	56	7886,4
47	0,1157	114	7880,3
132	0,1154	28	7826,6
24	0,1127	30	7799,1
126	0,0978	50	7703,0
137	0,0896	37	7618,6
63	0,0894	79	7591,5
35	0,0819	104	7588,9
121	0,0790	33	7505,8
48	0,0760	143	7505,6
136	0,0740	96	7505,2
74	0,0679	123	7483,8
17	0,0668	57	7447,2
139	0,0487	46	7370,6
104	0,0460	65	7297,8
46	0,0372	89	7264,5
97	0,0372	97	7200,6
66	0,0365	52	7123,5
28	0,0355	82	7035,5

Comparação da ordenação das linhagens segundo o índice de seleção e segundo a média de produtividade de grãos dos experimentos. Linhagens cruzadas com o testador T₃. Local 10, Wisconsin, EUA. 1997

Linhagens	Índice	Linhagens	<i>Topcross</i>
37	0,0272	47	6960,6
65	0,0272	6	6948,1
2	0,0185	137	6781,7
105	0,0116	14	6592,2
38	-0,0006	133	6362,0
14	-0,0358	2	6336,2
89	-0,0702	42	6333,8
143	-0,0811	70	5901,3
70	-0,0975	53	5656,3

ANEXO Q

Comparação da ordenação das linhagens segundo o índice de seleção e segundo a média de produtividade de grãos dos experimentos. Linhagens cruzadas com o testador T₃. Local 11, Wisconsin, EUA. 1997

Linhagens	Índice	Linhagens	Topcross
60	0,7220	127	10708,2
22	0,6983	138	10454,5
82	0,6632	19	10410,0
138	0,6614	132	10260,7
20	0,6294	20	10040,0
86	0,6046	3	9973,2
21	0,5870	129	9973,0
19	0,5777	16	9941,2
12	0,5768	136	9873,8
132	0,5696	76	9870,8
61	0,5629	36	9808,6
49	0,5444	21	9791,1
31	0,5413	12	9783,9
137	0,5325	81	9780,7
119	0,5230	25	9766,2
3	0,5205	22	9697,0
106	0,5195	78	9696,9
81	0,5114	106	9612,7
84	0,5043	68	9609,2
4	0,4995	108	9580,7
128	0,4844	51	9502,6
92	0,4796	123	9501,6
51	0,4770	55	9500,8
68	0,4730	91	9495,7
70	0,4723	66	9489,9
58	0,4706	101	9473,8
34	0,4615	109	9461,3
11	0,4593	74	9453,0
76	0,4587	100	9441,7
135	0,4584	2	9437,8
147	0,4569	119	9430,1
146	0,4556	18	9414,9
1	0,4530	4	9393,3
105	0,4516	28	9376,9
127	0,4510	137	9368,5
72	0,4480	5	9367,5
8	0,4480	143	9330,6
59	0,4468	148	9323,9
143	0,4445	118	9315,6
25	0,4428	52	9290,8
62	0,4353	1	9289,3
148	0,4289	112	9271,2

Comparação da ordenação das linhagens segundo o índice de seleção e segundo a média de produtividade de grãos dos experimentos. Linhagens cruzadas com o testador T₃. Local 11, Wisconsin, EUA. 1997

Linhagens	Índice	Linhagens	<i>Topcross</i>
123	0,4278	134	9269,4
101	0,4240	121	9267,7
108	0,4238	77	9261,8
43	0,4220	8	9254,2
24	0,4167	93	9244,9
134	0,4045	37	9219,4
124	0,4024	117	9214,3
77	0,3965	135	9205,9
52	0,3929	61	9186,5
121	0,3853	71	9172,4
115	0,3851	24	9124,1
133	0,3846	147	9068,8
47	0,3786	86	9014,2
16	0,3784	125	8994,2
129	0,3779	111	8952,5
97	0,3738	72	8939,8
13	0,3722	38	8916,5
71	0,3628	60	8899,9
100	0,3624	44	8882,6
54	0,3565	11	8867,0
44	0,3565	146	8849,6
122	0,3561	94	8843,7
95	0,3541	83	8838,9
78	0,3536	87	8797,7
37	0,3520	17	8796,4
55	0,3502	13	8784,9
36	0,3489	99	8759,1
136	0,3468	120	8752,7
2	0,3407	85	8746,3
93	0,3405	7	8742,9
66	0,3404	142	8737,6
109	0,3369	84	8725,2
141	0,3364	128	8724,3
139	0,3325	62	8683,7
30	0,3322	45	8674,7
27	0,3289	79	8670,2
111	0,3250	63	8664,7
53	0,3206	73	8662,8
118	0,3141	82	8660,5
91	0,3137	124	8653,1
116	0,3089	6	8642,5
142	0,3012	133	8631,8
114	0,3006	97	8630,7
90	0,2999	149	8627,0
88	0,2996	43	8617,5

Comparação da ordenação das linhagens segundo o índice de seleção e segundo a média de produtividade de grãos dos experimentos. Linhagens cruzadas com o testador T₃. Local 11, Wisconsin, EUA. 1997

Linhagens	Índice	Linhagens	<i>Topcross</i>
50	0,2983	34	8601,7
35	0,2903	26	8547,0
110	0,2903	54	8529,6
74	0,2878	92	8522,3
7	0,2822	80	8461,9
112	0,2818	70	8452,0
120	0,2814	64	8437,4
29	0,2777	95	8405,8
87	0,2680	105	8364,4
14	0,2641	32	8363,4
102	0,2603	31	8351,9
10	0,2591	114	8326,4
64	0,2564	115	8306,7
117	0,2558	113	8268,3
67	0,2541	102	8266,1
98	0,2532	122	8259,1
96	0,2509	42	8228,8
26	0,2500	131	8218,9
80	0,2458	139	8202,4
63	0,2433	23	8188,0
73	0,2429	53	8165,7
28	0,2426	88	8164,5
131	0,2355	67	8162,8
125	0,2329	116	8129,9
17	0,2319	27	8129,1
89	0,2319	141	8128,2
69	0,2285	57	8119,6
5	0,2262	35	8101,3
99	0,2251	48	8078,2
113	0,2241	96	8069,2
57	0,2156	50	8063,2
126	0,2077	59	8058,3
45	0,2053	46	8018,4
107	0,2053	110	7961,7
83	0,2039	58	7947,8
145	0,2001	30	7916,4
33	0,1887	104	7903,6
42	0,1836	47	7846,5
23	0,1833	15	7840,5
15	0,1809	98	7781,4
18	0,1761	69	7715,4
48	0,1734	49	7712,1
79	0,1645	145	7635,9
104	0,1509	89	7629,2
32	0,1496	29	7572,1

Comparação da ordenação das linhagens segundo o índice de seleção e segundo a média de produtividade de grãos dos experimentos. Linhagens cruzadas com o testador T₃. Local 11, Wisconsin, EUA. 1997

Linhagens	Índice	Linhagens	<i>Topcross</i>
38	0,1475	126	7483,1
85	0,1317	14	7321,7
149	0,1289	10	7138,7
6	0,1118	107	7122,6
94	0,1054	33	7002,1
144	0,0728	56	6644,1
56	0,0649	144	6557,5
40	0,0498	90	6514,8
46	0,0418	40	6031,6

ANEXO R

Comparação da ordenação das linhagens segundo o índice de seleção e segundo a média de produtividade de grãos dos experimentos. Linhagens cruzadas com o testador T₃. Análise conjunta dos locais, Minnesota e Wisconsin, EUA. 1997

Linhagens	Índice	Linhagens	Topcross
25	0,7059	132	10458,2
81	0,6650	78	10068,6
60	0,6136	127	10007,8
12	0,5980	25	9920,8
119	0,5813	20	9833,2
86	0,5764	36	9769,6
52	0,5716	119	9755,7
146	0,5662	16	9753,5
84	0,5200	19	9734,4
132	0,5145	138	9700,6
22	0,4844	148	9655,9
8	0,4760	72	9596,8
51	0,4731	64	9548,3
1	0,4651	71	9542,9
108	0,4651	106	9510,6
49	0,4646	134	9488,9
110	0,4188	68	9479,5
36	0,4160	84	9473,5
147	0,4067	21	9460,0
87	0,4061	86	9433,6
135	5,0000	3	9423,8
71	0,3741	147	9422,8
13	0,3685	12	9422,1
68	0,3592	109	9400,6
76	0,3571	81	9399,0
21	0,3428	112	9386,9
16	0,3409	108	9386,8
128	0,3349	95	9363,4
98	0,3334	66	9360,2
138	0,3320	1	9358,8
78	0,3305	111	9337,4
3	0,3260	76	9306,1
77	0,3191	8	9285,4
82	0,3165	51	9279,1
111	0,2777	38	9277,1
117	0,2775	74	9275,7
127	0,2754	13	9262,6
57	0,2747	136	9259,8
24	0,2742	22	9246,5
134	0,2698	99	9244,7

Comparação da ordenação das linhagens segundo o índice de seleção e segundo a média de produtividade de grãos dos experimentos. Linhagens cruzadas com o testador T₃. Análise conjunta dos locais, Minnesota e Wisconsin, EUA. 1997

Linhagens	Índice	Linhagens	<i>Topcross</i>
105	0,2685	117	9225,9
10	0,2595	146	9225,0
141	0,2550	4	9204,5
20	0,2539	83	9202,4
106	0,2483	100	9201,5
19	0,2376	118	9185,0
62	0,2354	60	9178,2
43	0,2346	135	9150,5
107	0,2316	125	9112,8
123	0,2258	18	9110,5
126	0,2228	94	9097,9
137	0,2169	44	9066,5
85	0,2118	61	9054,4
131	0,2052	77	9047,4
112	0,1976	55	9032,0
73	0,1946	121	9029,0
18	0,1943	129	9023,9
53	0,1943	17	8988,3
67	0,1940	122	8987,3
93	0,1929	28	8978,1
95	0,1925	87	8973,6
145	0,1903	101	8967,0
31	0,1852	79	8949,3
44	0,1848	48	8943,6
116	0,1844	128	8939,3
102	0,1834	49	8934,8
61	0,1831	62	8930,8
97	0,1821	85	8922,9
4	0,1815	52	8919,8
45	0,1812	110	8912,9
37	0,1798	23	8912,2
83	0,1791	102	8909,4
129	0,1786	34	8892,0
26	0,1772	69	8891,6
118	0,1767	63	8834,9
47	0,1745	141	8832,4
50	0,1745	7	8825,3
54	0,1733	32	8820,9
121	0,1689	54	8819,5
11	0,1587	120	8814,1
88	0,1545	80	8813,8
58	0,1447	105	8805,7
124	0,1328	26	8794,7

Comparação da ordenação das linhagens segundo o índice de seleção e segundo a média de produtividade de grãos dos experimentos. Linhagens cruzadas com o testador T₃. Análise conjunta dos locais, Minnesota e Wisconsin, EUA. 1997

Linhagens	Índice	Linhagens	<i>Topcross</i>
59	0,1276	43	8772,9
72	0,1267	124	8759,6
5	0,1264	115	8749,5
109	0,1251	114	8717,4
2	0,1243	37	8712,6
69	0,1223	93	8692,0
35	0,1220	123	8682,4
148	0,1220	73	8676,7
55	0,1208	67	8670,1
142	0,1188	98	8655,7
99	0,1160	45	8652,7
48	0,1144	2	8647,3
136	0,1144	27	8609,9
17	0,1132	11	8608,7
91	0,0904	92	8581,1
114	0,0898	57	8579,1
104	0,0881	149	8574,6
33	0,0841	10	8564,8
64	0,0838	50	8564,1
30	0,0828	97	8557,4
92	0,0818	31	8546,5
29	0,0756	15	8545,1
101	0,0693	5	8535,4
27	0,0693	142	8514,7
66	0,0693	131	8511,2
34	0,0684	30	8488,1
115	0,0675	91	8467,5
63	0,0653	24	8457,1
122	0,0652	82	8450,0
80	0,0648	29	8392,7
90	0,0648	137	8381,7
100	0,0648	46	8379,3
143	0,0634	116	8377,8
133	0,0627	59	8338,7
125	0,0613	104	8317,1
89	0,0600	6	8291,8
103	0,0380	143	8265,6
7	0,0345	35	8260,5
14	0,0307	88	8235,2
38	0,0199	58	8208,2
144	0,0194	144	8188,1
28	0,0181	107	8174,8
74	0,0158	96	8174,4

Comparação da ordenação das linhagens segundo o índice de seleção e segundo a média de produtividade de grãos dos experimentos. Linhagens cruzadas com o testador T₃. Análise conjunta dos locais, Minnesota e Wisconsin, EUA. 1997

Linhagens	Índice	Linhagens	<i>Topcross</i>
113	-0,0170	70	8112,5
15	-0,0177	126	8091,3
139	-0,0203	139	8088,9
32	-0,0213	113	8082,2
42	-0,0213	133	8045,1
79	-0,0242	145	8008,4
46	-0,0242	56	7987,2
23	-0,0268	14	7974,2
96	-0,0318	47	7806,7
149	-0,0402	89	7791,8
6	-0,0731	53	7691,0
56	-0,0731	40	7674,6
94	-0,0731	42	7593,1
120	-0,0791	103	7439,0
65	-0,0838	33	7315,3
70	-0,1248	65	7284,4
40	-0,1325	90	6831,5

ANEXO S

Comparação da ordenação das linhagens segundo o índice de seleção e segundo a média de produtividade de grãos dos experimentos. Linhagens cruzadas com o testador T₄. Local 5, Iowa, EUA. 1997

Linhagens	Índice	Linhagens	<i>Topcross</i>
49	0,7967	49	11924,9
91	0,6347	125	11813,9
5	0,5681	19	11758,2
146	0,5662	91	11652,5
107	0,5175	5	11630,0
132	0,5145	134	11400,6
132	0,4826	106	11383,8
36	0,4465	17	11345,5
69	0,4465	30	11328,1
100	0,4224	41	11197,8
147	0,4067	135	11162,1
30	0,3868	18	11096,2
135	0,3792	13	11088,8
19	0,3751	133	10942,0
134	0,3502	132	10878,9
128	0,3349	114	10877,7
138	0,3320	22	10871,4
114	0,3176	47	10844,1
14	0,3123	36	10840,6
125	0,3088	25	10812,9
18	0,2938	2	10805,5
111	0,2938	33	10660,9
47	0,2915	130	10608,4
127	0,2754	4	10582,8
85	0,2729	138	10572,9
134	0,2698	62	10564,9
53	0,2655	131	10514,8
141	0,2550	67	10513,9
123	0,2524	16	10510,9
148	0,2515	148	10500,8
32	0,2394	105	10492,8
123	0,2258	85	10479,1
130	0,2256	132	10458,2
126	0,2228	104	10441,6
106	0,2212	32	10426,1
25	0,2183	129	10399,4
137	0,2169	81	10352,8
16	0,2163	123	10247,8
131	0,2052	27	10237,9
41	0,1930	21	10185,4

Comparação da ordenação das linhagens segundo o índice de seleção e segundo a média de produtividade de grãos dos experimentos. Linhagens cruzadas com o testador T₄. Local 5, Iowa, EUA. 1997

Linhagens	Índice	Linhagens	<i>Topcross</i>
145	0,1903	111	10179,7
2	0,1837	97	10175,9
105	0,1832	136	10172,5
129	0,1786	117	10166,6
95	0,1779	69	10164,5
56	0,1688	14	10148,6
137	0,1682	65	10147,8
70	0,1646	46	10126,8
135	0,1455	6	10120,8
23	0,1432	149	10113,8
13	0,1430	66	10102,9
124	0,1328	107	10067,3
34	0,1320	143	10055,4
86	0,1274	48	10044,2
58	0,1244	127	10007,8
148	0,1220	95	9982,8
142	0,1188	112	9948,0
136	0,1144	15	9939,7
81	0,0954	59	9906,6
54	0,0939	53	9885,2
51	0,0678	37	9843,0
143	0,0634	109	9830,9
133	0,0627	144	9799,9
125	0,0613	44	9763,9
74	0,0590	92	9746,3
17	0,0553	110	9726,2
133	0,0520	128	9718,2
127	0,0509	138	9700,6
145	0,0201	108	9700,4
144	0,0194	145	9695,7
66	0,0190	51	9688,9
104	0,0148	148	9655,9
12	0,0056	54	9651,3
93	0,0056	73	9647,5
42	0,0049	86	9640,6
22	-0,0002	35	9601,1
103	-0,0002	70	9569,8
65	-0,0078	74	9553,7
71	-0,0147	79	9550,1
139	-0,0203	124	9539,8
112	-0,0247	93	9521,8
73	-0,0294	12	9516,2
1	-0,0294	90	9513,0

Comparação da ordenação das linhagens segundo o índice de seleção e segundo a média de produtividade de grãos dos experimentos. Linhagens cruzadas com o testador T₄. Local 5, Iowa, EUA. 1997

Linhagens	Índice	Linhagens	<i>Topcross</i>
62	-0,0294	10	9505,1
48	-0,0349	1	9504,9
117	-0,0349	142	9502,7
68	-0,0367	31	9500,4
79	-0,0400	71	9495,8
149	-0,0402	134	9488,9
37	-0,0445	76	9479,4
90	-0,0445	11	9447,1
35	-0,0467	147	9422,8
124	-0,0468	120	9413,6
10	-0,0506	23	9327,0
31	-0,0506	55	9295,0
129	-0,0588	136	9259,8
122	-0,0645	127	9254,8
131	-0,0645	68	9251,5
136	-0,0645	50	9246,1
82	-0,0728	96	9240,9
120	-0,0728	137	9239,4
92	-0,0796	34	9232,6
143	-0,0840	146	9225,0
99	-0,0888	118	9185,2
4	-0,0935	122	9184,3
108	-0,0935	135	9150,5
109	-0,0935	38	9134,0
126	-0,0955	125	9112,8
149	-0,1006	56	9097,1
96	-0,1047	119	9088,6
33	-0,1059	121	9075,5
45	-0,1067	3	9064,1
97	-0,1365	99	9061,7
77	-0,1376	116	9027,3
57	-0,1376	129	9023,9
15	-0,1406	113	9018,9
27	-0,1409	57	9017,5
138	-0,1501	42	8947,9
118	-0,1565	128	8939,3
21	-0,1614	103	8935,6
67	-0,1614	83	8930,1
11	-0,1617	100	8924,8
59	-0,1617	43	8920,8
38	-0,1842	141	8832,4
46	-0,1842	126	8822,4
76	-0,1935	89	8813,5

Comparação da ordenação das linhagens segundo o índice de seleção e segundo a média de produtividade de grãos dos experimentos. Linhagens cruzadas com o testador T₄. Local 5, Iowa, EUA. 1997

Linhagens	Índice	Linhagens	<i>Topcross</i>
128	-0,1993	124	8759,6
43	-0,2140	58	8751,3
50	-0,2140	123	8682,4
55	-0,2140	45	8680,6
83	-0,2140	149	8574,6
110	-0,2140	82	8528,1
142	-0,2140	142	8514,7
3	-0,2140	131	8511,2
6	-0,2140	63	8393,4
63	-0,2195	137	8381,7
89	-0,2286	143	8265,6
144	-0,2317	144	8188,1
44	-0,2518	126	8091,3
113	-0,2518	139	8088,9
116	-0,2796	77	8058,5
121	-0,2796	133	8045,1
119	-0,2968	145	8008,4

ANEXO T

Comparação da ordenação das linhagens segundo o índice de seleção e segundo a média de produtividade de grãos dos experimentos. Linhagens cruzadas com o testador T₄. Local 6, Iowa, EUA. 1997

Linhagens	Índice	Linhagens	Topcross
130	0,6834	17	11320,2
135	0,6354	32	11121,1
129	0,4071	79	10932,0
62	0,1265	143	10467,7
1	0,0966	129	10442,3
134	-0,0067	69	10440,2
85	-0,0106	4	10310,5
5	-0,0414	1	10244,5
127	-0,0454	77	10161,8
126	-0,0639	22	10149,9
144	-0,0639	128	10137,5
69	-0,0719	106	10101,6
83	-0,0719	134	10079,9
13	-0,0756	59	10060,5
90	-0,0756	86	9953,8
93	-0,0756	23	9924,0
136	-0,0756	135	9911,5
23	-0,0849	130	9867,7
110	-0,0849	148	9830,0
105	-0,1251	83	9785,2
11	-0,1415	13	9782,8
79	-0,1415	105	9759,0
96	-0,1415	10	9756,8
16	-0,1488	95	9744,9
17	-0,1488	149	9648,3
33	-0,1488	5	9596,1
111	-0,1518	127	9572,2
22	-0,1579	99	9557,3
25	-0,1579	33	9481,9
128	-0,1628	53	9466,1
36	-0,1680	123	9438,4
91	-0,1701	30	9419,1
95	-0,1701	11	9418,2
120	-0,1772	19	9374,3
119	-0,2098	144	9368,7
14	-0,2310	91	9354,8
114	-0,2310	42	9346,8
145	-0,2470	108	9323,8
19	-0,2507	119	9264,7
42	-0,2507	62	9257,4

Comparação da ordenação das linhagens segundo o índice de seleção e segundo a média de produtividade de grãos dos experimentos. Linhagens cruzadas com o testador T₄. Local 6, Iowa, EUA. 1997

Linhagens	Índice	Linhagens	<i>Topcross</i>
97	-0,2507	111	9247,4
4	-0,2617	133	9244,0
32	-0,2617	89	9176,4
49	-0,2617	112	9158,5
74	-0,2617	36	9155,1
106	-0,2617	49	9147,8
132	-0,2617	92	9147,5
133	-0,2617	46	9118,8
48	-0,2701	107	9105,7
2	-0,2756	71	9060,9
46	-0,2756	25	9052,9
99	-0,2756	114	9038,3
143	-0,2756	93	9010,6
54	-0,2865	27	8980,5
58	-0,2865	6	8949,5
71	-0,2865	104	8901,6
108	-0,2865	136	8893,0
10	-0,3006	15	8860,5
47	-0,3006	97	8834,0
70	-0,3223	90	8820,1
73	-0,3223	68	8791,4
100	-0,3223	125	8789,2
109	-0,3223	74	8785,9
118	-0,3223	2	8759,2
123	-0,3223	81	8758,4
35	-0,3223	50	8717,3
124	-0,3425	51	8715,7
92	-0,3425	67	8602,3
104	-0,3425	131	8574,7
15	-0,3646	109	8548,7
34	-0,3646	56	8545,8
44	-0,3646	85	8536,7
77	-0,3646	18	8502,0
21	-0,3737	43	8492,6
30	-0,3737	45	8490,7
50	-0,3737	44	8469,4
81	-0,3737	16	8442,5
122	-0,3737	124	8399,3
148	-0,3737	55	8392,3
3	-0,3780	122	8347,0
27	-0,3780	12	8296,9
56	-0,3780	37	8261,5
57	-0,3780	132	8249,8

Comparação da ordenação das linhagens segundo o índice de seleção e segundo a média de produtividade de grãos dos experimentos. Linhagens cruzadas com o testador T₄. Local 6, Iowa, EUA. 1997

Linhagens	Índice	Linhagens	<i>Topcross</i>
121	-0,3991	120	8245,6
125	-0,3991	70	8233,0
131	-0,3991	47	8229,5
55	-0,3991	54	8218,1
6	-0,4063	137	8177,5
43	-0,4063	110	8172,2
67	-0,4063	121	8135,8
113	-0,4063	145	8081,8
112	-0,4355	21	8067,7
137	-0,4355	126	8041,3
41	-0,4355	34	8003,2
51	-0,4355	100	7962,9
86	-0,4355	14	7919,5
12	-0,4763	3	7899,5
18	-0,4763	113	7824,4
31	-0,4763	35	7776,2
37	-0,4763	96	7690,2
45	-0,4763	57	7610,5
53	-0,4763	118	7450,0
59	-0,4763	41	7135,8
63	-0,4763	31	6990,2
68	-0,4763	58	6855,3
89	-0,4763	48	6817,0
107	-0,4763	63	6727,7
117	-0,4763	73	6720,4
149	-0,4763	117	6706,0

ANEXO U

Comparação da ordenação das linhagens segundo o índice de seleção e segundo a média de produtividade de grãos dos experimentos. Linhagens cruzadas com o testador T₄. Local 7, Iowa, EUA. 1997

Linhagens	Índice	Linhagens	Topcross
130	0,5208	129	11686,3
129	0,4780	130	10813,1
135	0,3928	138	10714,2
111	0,2765	13	10713,4
83	0,1909	111	10649,4
13	0,1625	107	10598,0
128	0,1245	42	10454,1
73	0,0602	134	10445,5
67	0,0469	114	10431,0
53	0,0440	122	10380,3
68	0,0351	127	10375,5
86	0,0151	83	10344,7
81	0,0142	136	10285,0
42	0,0114	145	10180,7
109	0,0063	68	10115,5
138	0,0004	30	9989,0
85	-0,0016	71	9882,0
6	-0,0185	44	9868,4
131	-0,0218	59	9673,6
121	-0,0278	128	9564,8
105	-0,0379	135	9555,8
107	-0,0409	133	9543,8
99	-0,0415	6	9515,3
18	-0,0425	79	9465,1
79	-0,0487	95	9457,7
69	-0,0497	105	9425,4
122	-0,0507	109	9412,4
114	-0,0548	69	9327,3
65	-0,0575	65	9300,4
124	-0,0592	116	9235,9
74	-0,0665	16	9217,5
134	-0,0709	90	9208,4
57	-0,0753	74	9188,4
44	-0,0781	99	9172,6
126	-0,0835	143	9162,9
123	-0,0877	32	9156,9
145	-0,0884	86	9155,0
37	-0,0959	53	9100,3
16	-0,1005	18	9032,7
30	-0,1045	67	9025,0

Comparação da ordenação das linhagens segundo o índice de seleção e segundo a média de produtividade de grãos dos experimentos. Linhagens cruzadas com o testador T₄. Local 7, Iowa, EUA. 1997

Linhagens	Índice	Linhagens	<i>Topcross</i>
144	-0,1045	137	9022,1
143	-0,1058	22	8986,8
118	-0,1060	104	8975,4
22	-0,1100	117	8957,6
3	-0,1108	55	8957,2
89	-0,1153	85	8938,9
127	-0,1186	97	8923,1
50	-0,1216	10	8921,2
133	-0,1243	25	8909,3
95	-0,1293	48	8905,9
10	-0,1317	51	8882,6
12	-0,1567	118	8874,5
41	-0,1619	121	8852,3
113	-0,1663	91	8821,8
54	-0,1693	132	8812,7
93	-0,1705	54	8792,9
91	-0,1727	62	8791,9
55	-0,1732	27	8790,1
17	-0,1829	108	8785,6
51	-0,1863	120	8726,4
59	-0,1863	35	8703,3
136	-0,1918	15	8660,5
100	-0,2068	73	8653,0
132	-0,2068	93	8583,8
25	-0,2082	81	8561,8
70	-0,2091	56	8555,0
66	-0,2104	41	8552,3
71	-0,2107	50	8541,2
108	-0,2155	96	8515,9
120	-0,2196	131	8424,0
77	-0,2229	89	8378,0
63	-0,2316	49	8340,3
62	-0,2339	144	8334,7
116	-0,2340	5	8319,2
104	-0,2348	77	8286,1
142	-0,2400	125	8268,3
96	-0,2407	142	8267,8
117	-0,2442	124	8225,0
2	-0,2450	100	8203,4
23	-0,2533	47	8203,0
46	-0,2561	126	8184,5

Comparação da ordenação das linhagens segundo o índice de seleção e segundo a média de produtividade de grãos dos experimentos. Linhagens cruzadas com o testador T₄. Local 7, Iowa, EUA. 1997

Linhagens	Índice	Linhagens	<i>Topcross</i>
4	-0,2565	57	8143,0
11	-0,2568	113	8132,4
90	-0,2588	148	8117,8
21	-0,2652	149	8102,1
19	-0,2663	2	8066,3
137	-0,2690	11	8052,4
35	-0,2753	112	8032,9
5	-0,2753	123	8024,9
97	-0,2846	12	8024,5
125	-0,2846	82	8014,2
33	-0,2873	119	8012,7
112	-0,2903	106	7945,3
32	-0,3026	33	7923,2
36	-0,3042	37	7911,4
15	-0,3091	14	7895,6
49	-0,3137	70	7842,5
47	-0,3239	4	7767,8
110	-0,3272	58	7686,2
1	-0,3301	31	7562,2
14	-0,3301	21	7544,7
48	-0,3340	3	7501,7
106	-0,3412	36	7456,3
119	-0,3416	63	7365,6
58	-0,3511	43	7285,6
82	-0,3511	23	7250,8
27	-0,3580	92	7141,6
56	-0,3679	46	7019,4
31	-0,3700	17	6874,7
38	-0,3792	34	6854,2
92	-0,3792	66	6790,0
149	-0,3952	1	6489,3
43	-0,3953	110	6412,7
148	-0,3953	38	6297,2
34	-0,4222	19	5579,6

ANEXO V

Comparação da ordenação das linhagens segundo o índice de seleção e segundo a média dos experimentos. Linhagens cruzadas com o testador T₄. Local 8, Minnesota, EUA. 1997

Linhagens	Índice	Linhagens	Topcross
91	0,7316	91	10322,2
42	0,6262	134	9928,2
79	0,6253	79	9753,3
134	0,5782	42	9694,1
13	0,5635	83	9647,2
32	0,5141	30	9618,6
114	0,4773	62	9517,3
53	0,4676	34	9508,0
62	0,4532	1	9492,4
70	0,4458	74	9467,6
69	0,4425	108	9462,2
34	0,4248	128	9437,9
106	0,4246	35	9431,2
35	0,4144	10	9426,4
128	0,4073	53	9412,1
1	0,3965	4	9398,8
83	0,3963	109	9372,4
46	0,3861	99	9350,7
4	0,3858	19	9286,5
30	0,3588	70	9284,3
3	0,3581	69	9257,1
129	0,3558	22	9245,5
85	0,3514	118	9226,7
100	0,3492	86	9207,8
49	0,3468	112	9178,2
112	0,3391	12	9143,2
120	0,3276	44	9134,0
14	0,3260	3	9077,3
111	0,3254	149	9073,3
132	0,3237	16	9058,0
36	0,3104	2	9042,7
95	0,3057	136	9035,8
133	0,3051	95	9020,1
18	0,3006	25	9018,7
99	0,2993	47	9016,1
105	0,2877	46	8973,3
43	0,2815	13	8940,5
86	0,2745	145	8939,9
130	0,2678	32	8920,5
92	0,2674	5	8902,9

Comparação da ordenação das linhagens segundo o índice de seleção e segundo a média dos experimentos. Linhagens cruzadas com o testador T₄. Local 8, Minnesota, EUA. 1997

Linhagens	Índice	Linhagens	<i>Topcross</i>
113	0,2644	124	8873,3
19	0,2488	114	8868,2
124	0,2472	36	8865,4
10	0,2457	111	8854,7
77	0,2371	106	8850,3
6	0,2345	100	8834,7
81	0,2292	133	8832,3
54	0,2196	127	8816,8
47	0,2140	27	8805,4
93	0,2138	41	8747,3
122	0,2084	67	8746,3
16	0,2038	82	8745,9
2	0,2013	54	8724,7
56	0,1998	6	8724,5
127	0,1979	121	8695,3
22	0,1933	33	8693,8
23	0,1909	56	8691,8
108	0,1885	51	8640,9
44	0,1853	15	8623,5
5	0,1837	66	8621,1
33	0,1815	23	8615,7
144	0,1805	92	8584,2
118	0,1772	120	8574,2
74	0,1736	135	8570,9
123	0,1574	131	8536,8
149	0,1486	49	8530,4
55	0,1428	14	8524,0
109	0,1393	93	8508,6
107	0,1362	17	8492,5
67	0,1345	113	8483,8
145	0,1345	18	8472,6
12	0,1325	123	8457,3
137	0,1185	45	8435,8
121	0,1172	130	8395,9
148	0,1155	31	8372,8
37	0,1127	132	8351,4
89	0,1105	148	8324,6
45	0,1104	104	8291,0
73	0,1087	129	8291,0
135	0,1059	73	8282,8
97	0,1059	77	8282,0
57	0,1033	43	8240,5
25	0,1015	89	8217,7

Comparação da ordenação das linhagens segundo o índice de seleção e segundo a média dos experimentos. Linhagens cruzadas com o testador T₄. Local 8, Minnesota, EUA. 1997

Linhagens	Índice	Linhagens	<i>Topcross</i>
50	0,1011	55	8164,0
82	0,0930	81	8142,5
21	0,0869	97	8126,3
131	0,0847	50	8118,7
125	0,0844	125	8091,5
110	0,0836	122	8023,5
11	0,0836	119	8015,8
104	0,0798	96	8009,2
136	0,0796	21	8007,2
126	0,0779	143	8001,9
143	0,0712	126	7965,7
68	0,0712	110	7965,3
119	0,0701	48	7952,4
59	0,0643	137	7924,3
41	0,0633	144	7895,5
51	0,0558	107	7878,1
15	0,0555	85	7871,8
48	0,0481	59	7859,0
17	0,0468	68	7787,0
71	0,0331	11	7763,8
31	0,0153	71	7722,1
96	0,0117	57	7714,6
90	0,0040	37	7698,0
117	0,0021	105	7640,1
66	-0,0126	117	7435,7
27	-0,0357	63	7432,8
63	-0,0994	90	7031,5

ANEXO W

Comparação da ordenação das linhagens segundo o índice de seleção e segundo a média de produtividade de grãos dos experimentos. Linhagens cruzadas com o testador T₄. Análise conjunta dos locais, Iowa e Minnesota, EUA. 1997

Linhagens	Índice	Linhagens	Topcross
129	0,4666	134	10463,6
130	0,4246	138	10366,4
135	0,3745	129	10204,8
13	0,3663	13	10131,4
134	0,3277	30	10088,7
53	0,3267	91	10037,8
114	0,3251	79	9925,1
128	0,3115	130	9921,3
42	0,3066	32	9906,2
73	0,2772	22	9813,4
79	0,2704	114	9803,8
111	0,2633	135	9800,1
69	0,2535	69	9797,3
30	0,2472	111	9732,8
105	0,2433	128	9714,6
100	0,2376	83	9676,8
74	0,2253	133	9640,5
138	0,2222	5	9612,1
83	0,2084	42	9610,7
6	0,2063	136	9596,6
99	0,1988	106	9570,3
45	0,1841	95	9551,4
132	0,1683	62	9532,9
77	0,1584	4	9515,0
143	0,1552	17	9508,2
127	0,1453	127	9504,8
91	0,1431	86	9489,3
68	0,1408	49	9485,9
123	0,1381	53	9465,9
106	0,1355	25	9448,5
124	0,1246	65	9446,9
65	0,1219	143	9422
27	0,1202	107	9412,3
59	0,1193	10	9402,4
34	0,1188	59	9374,9
85	0,1188	105	9329,3
19	0,1164	6	9327,5
5	0,1150	108	9318,0
2	0,1015	44	9308,9
89	0,0888	16	9307,2

Comparação da ordenação das linhagens segundo o índice de seleção e segundo a média de produtividade de grãos dos experimentos. Linhagens cruzadas com o testador T₄. Análise conjunta dos locais, Iowa e Minnesota, EUA. 1997

Linhagens	Índice	Linhagens	<i>Topcross</i>
22	0,0776	109	9291,1
37	0,0776	99	9285,6
14	0,0710	18	9275,9
95	0,0671	74	9248,9
70	0,0662	125	9240,7
97	0,0662	149	9234,4
107	0,0613	145	9224,5
131	0,0579	67	9221,9
25	0,0564	27	9203,5
133	0,0537	148	9193,3
18	0,0533	33	9190,0
21	0,0378	2	9168,4
92	0,0378	104	9152,4
49	0,0335	36	9079,4
50	0,0327	112	9079,4
145	0,0327	47	9073,2
32	0,0308	132	9073,2
144	0,0262	123	9042,1
11	0,0186	71	9040,2
120	0,0165	15	9021,1
17	0,0113	97	9014,8
16	0,0093	131	9012,6
86	0,0092	19	8999,7
36	0,0049	68	8986,4
149	-0,0011	122	8983,8
66	-0,0026	51	8982,0
44	-0,0042	85	8956,6
148	-0,0046	81	8953,9
121	-0,0047	1	8932,8
1	-0,0108	41	8908,3
122	-0,0108	93	8906,2
35	-0,0224	35	8878,0
112	-0,0235	116	8854,4
125	-0,0248	144	8849,7
67	-0,0266	54	8846,8
109	-0,0266	46	8809,6
62	-0,0293	23	8779,4
137	-0,0329	124	8759,4
90	-0,0377	12	8745,2
31	-0,0384	120	8740,0
82	-0,0427	70	8732,4
136	-0,0435	56	8722,4
56	-0,0517	55	8702,1

Comparação da ordenação das linhagens segundo o índice de seleção e segundo a média de produtividade de grãos dos experimentos. Linhagens cruzadas com o testador T₄. Análise conjunta dos locais, Iowa e Minnesota, EUA. 1997

Linhagens	Índice	Linhagens	<i>Topcross</i>
58	-0,0564	77	8697,1
126	-0,0581	121	8689,7
57	-0,0642	118	8684,1
71	-0,0676	11	8670,4
108	-0,0696	50	8655,8
63	-0,0722	92	8654,9
113	-0,0764	89	8646,4
93	-0,0772	90	8643,3
4	-0,0782	14	8621,9
51	-0,0809	142	8608,1
104	-0,0831	119	8595,5
46	-0,0837	137	8590,8
118	-0,0846	76	8581,6
10	-0,0903	100	8481,5
76	-0,0912	66	8454,3
119	-0,0973	21	8451,3
15	-0,0973	48	8429,9
33	-0,0973	37	8428,5
3	-0,0998	45	8421,2
110	-0,1048	34	8399,5
47	-0,1049	3	8385,7
23	-0,1062	82	8379,0
116	-0,1159	113	8364,9
12	-0,1241	96	8364,1
55	-0,1291	73	8325,9
54	-0,1344	117	8316,5
81	-0,1369	126	8253,5
142	-0,1374	43	8234,9
103	-0,1491	57	8121,4
96	-0,1615	31	8106,4
38	-0,1659	110	8069,1
43	-0,1832	103	8037,8
117	-0,1934	58	7629,9
41	-0,1941	63	7479,9
48	-0,2333	38	7438,4

ANEXO X

Relação das marcas utilizadas na genotipagem das linhagens com as correspondentes posições nos cromossomos do milho e código das sondas de RFLP

Marca	Cromossomo	Posição	Código da Sonda
1	1	1	N0406-1B
2	1	2	N0234-1B
3	1	3	B1206-1B
4	1	4	N0262-1A
5	1	5	N0401-1A
6	1	6	N0279-1A
7	1	6	N0279A-1A
8	1	7	N0429-1B
9	1	9	N0605-1B
10	1	10	N0566-1A
11	1	11	U0128-1B
12	1	12	U0037-1A
13	1	13	N0614-1B
14	1	14	N0120-1A
15	1	14	N0120-1D
16	1	15	U0083-1B
17	1	15	U0083A-1A
18	1	16	N0407-1A
19	1	17	B0725-1A
20	1	18	U0161-B
21	1	19	N0238-1B
22	1	20	B0632-1B
23	2	1	N0254-2A
24	2	1	N0254-2B
25	2	2	U0006-2A
26	2	4	U0061-2B
27	2	5	N0269A-2B
28	2	6	N0583-2A
29	2	7	U0034-2B
30	2	8	N0242-2A
31	2	9	U0134-6A
32	2	9	U0134-6B
33	2	10	N0297-2B
34	2	11	N0356-2A
35	2	12	U0055-2A
36	2	13	N0456-2E
37	2	14	U0005-2A
38	2	15	U0004-2B
39	2	16	N0298-2A
40	3	1	B0815-3B
41	3	2	U0121-3A
42	3	3	C0016-A
43	3	4	B0835-3B

Relação das marcas utilizadas na genotipagem das linhagens com as correspondentes posições nos cromossomos do milho e código das sondas de RFLP

Marca	Cromossomo	Posição	Código da Sonda
44	3	5	N0446-3B
45	3	5	N0446-3D
46	3	6	U0092-3A
47	3	6	U0092-3B
48	3	7	I0235-A
49	3	8	N0247-3A
50	3	9	U0010-3A
51	3	10	B0606-3B
52	3	11	CMT02-3B
53	3	12	N0296-3B
54	3	13	B1520-B
55	3	14	U0016-3A
56	3	15	N0432-3B
57	3	16	N0425-3A
58	3	17	C0036-A
59	3	17	C0036A-A
60	3	18	N0457-3A
61	3	18	N0457-3B
62	4	1	U0031-4A
63	4	1	U0031-4D
64	4	2	N0289-4B
65	4	2	N0289A-4B
66	4	3	U0014-1A
67	4	3	U0014-1B
68	4	4	N0396-4A
69	4	4	N0396-4B
70	4	5	U0019-4A
71	4	5	U0019-4B
72	4	6	U0019A-4B
73	4	6	U0019B-4B
74	4	7	N0270-4B
76	4	9	N0444-4A
77	4	9	N0444-4B
78	4	10	B1507-4B
79	4	11	N0451-4A
80	5	1	B0833-5B
81	5	2	N0282-5B
82	5	3	U0090-5B
83	5	4	B0502-5B
84	5	5	U0043-5B
85	5	6	U0001-5B
86	5	7	B0622-5B
87	5	8	B0436-5B
88	5	9	N0424-5A

Relação das marcas utilizadas na genotipagem das linhagens com as correspondentes posições nos cromossomos do milho e código das sondas de RFLP

Marca	Cromossomo	Posição	Código da Sonda
89	5	10	N0449-5A
90	5	10	N0449-5B
91	5	11	B0571-5A
92	5	12	N0237-5A
93	5	13	N0562-5B
94	5	14	U0051-5A
95	5	15	N0458-5B
96	5	16	N0442-5B
97	5	17	U0068-5A
98	5	17	U0068-5B
99	5	18	B0524-5A
100	5	19	N0288-5B
101	6	1	B0629-6B
102	6	2	N0373-6A
103	6	3	N0393-6A
104	6	4	U0065-6A
105	6	5	N0223-6A
106	6	5	N0223-6B
107	6	6	N0560-6A
108	6	6	N0560-6B
109	6	7	N0252-6B
110	6	8	U0038-6A
111	6	9	N0280-6B
112	6	10	N0419-6A
113	6	11	U0132-6D
114	7	1	N0596-7B
115	7	2	B1540-7B
116	7	3	N0112-7A
117	7	4	N0455-7B
118	7	5	U0110-7A
119	7	6	N0283-7B
120	7	7	N0435-7A
121	7	8	N0263-7A
122	7	9	B1407-7A
123	7	10	B1606-7B
124	7	11	U0035-7B
125	8	1	N0114-8A
126	8	2	I0207-B
127	8	3	B0911-8B
128	8	3	B1013-10B
129	8	4	B0908-8B
131	8	6	U0048-8A
132	8	7	N0268A-8B
134	8	9	N0438-8A

Relação das marcas utilizadas na genotipagem das linhagens com as correspondentes posições nos cromossomos do milho e código das sondas de RFLP

Marca	Cromossomo	Posição	Código da Sonda
135	8	9	N0438-8B
136	8	10	N0107-8A
137	8	10	N0107-8B
138	9	1	N0211-9A
139	9	2	U0113-9A
140	9	2	U0113-9B
141	9	3	C0BZ1-9A
142	9	4	U0082-3B
143	9	5	C0WX1-9A
144	9	6	B0306-9A
145	9	7	U0114-9A
146	9	8	B0713-9A
147	9	9	N0268B-8B
148	9	10	U0095-9B
149	9	11	N0427-9A
150	9	12	N0443-9A
151	9	13	B0509-9B
152	9	14	B1428-9B
153	9	15	N0403-9B
154	10	1	N0445-10A
155	10	2	N0264-10B
156	10	3	N0269B-2B
157	10	4	U0044-10A
158	10	5	B1013-10A
159	10	6	N0290-10B
160	E	E	C0036B-A
161	E	E	N0289B-4B
162	E	E	N0279B-1A
163	E	E	U0083B-1A
164	E	E	I0101-A
165	E	E	I0108-A
166	E	E	I0108-B

ANEXO Y

Valores de $f(p)$ para das marcas selecionadas nos diversos ambientes. Testadores representados por T e locais representados por L

Ambiente		Marcas									
T ₁ – L ₁	Média	28	51	57	87	123	124	128	146	148	149
	0,51	0,23	0,37	0,67	0,43	0,83	0,33	0,73	0,30	0,80	0,37
T ₁ – L ₂	Média	1	2	18	26	52	111	126	160		
	0,70	0,80	0,67	0,97	0,57	0,80	0,33	0,53	0,90		
T ₁ – L ₃	Média	7	34	36	39	83	106	107	120	144	
	0,56	0,47	0,57	0,57	0,37	0,57	0,93	0,40	0,43	0,73	
T ₁ – L ₄	Média	5	28	34	41	49	51	92	118	150	164
	0,65	0,33	0,20	0,53	0,57	0,90	1,00	0,63	0,63	0,87	0,83
T ₁ – C*	Média	5	28	34	41	51	118	164			
	0,53	0,57	0,37	0,47	0,53	0,57	0,60	0,60			
T ₂ – L ₈	Média	14	83	85	96	123	149				
	0,54	0,43	0,30	0,43	0,53	0,90	0,67				
T ₂ – L ₉	Média	28	56	74	111	132	142	149	159		
	0,62	0,43	0,83	0,77	0,70	0,77	0,63	0,47	0,33		
T ₂ – L ₁₀	Média	5	7	35	44	92	131				
	0,58	0,33	0,77	0,43	0,83	0,63	0,50				
T ₂ – C*	Média	1	2	7	32	52	83	116	123	149	
	0,67	0,40	0,77	0,77	0,63	0,63	0,53	1,00	0,80	0,47	
T ₃ – L ₈	Média	5	9	51	79	102	105	107	108	113	129
	0,53	0,40	0,73	1,00	0,40	0,63	0,53	0,20	0,80	0,40	0,47
T ₃ – L ₉	Média	7	25	61	114	115	155				
	0,58	0,50	0,87	0,90	0,37	0,40	0,47				
T ₃ – L ₁₀	Média	13	15	43	60	72	78	81	101	154	
	0,56	0,30	0,53	0,73	0,43	0,57	0,50	0,90	0,53	0,50	
T ₃ – L ₁₁	Média	5	33	35	64	91	118	143	155	162	166
	0,56	0,33	0,53	0,47	0,73	0,53	0,63	0,20	0,83	1,00	0,37
T ₃ – C*	Média	5	12	40	43	101	118	155	166		
	0,58	0,73	0,93	0,47	0,60	0,33	0,70	0,53	0,30		
T ₄ – L ₅	Média	14	16	22	81	91	154	161			
	0,48	0,77	0,27	0,67	0,23	0,40	0,47	0,57			
T ₄ – L ₆	Média	4	8	21	28	29					
	0,49	0,20	0,47	0,43	0,53	0,80					
T ₄ – L ₇	Média	4	22	40	43	51	62	89	107	129	155
	0,65	0,60	0,60	0,63	0,70	0,63	0,63	0,77	0,63	0,67	0,60
T ₄ – L ₈	Média	10	15	19	22	62	73	95	110	117	143
	0,56	0,63	0,37	0,67	0,50	0,27	0,37	0,83	0,67	0,80	0,50
T ₄ – C*	Média	1	4	15	33	35	51	82	90	121	128
	0,46	0,30	0,20	0,30	0,50	0,37	0,37	0,60	0,80	0,67	0,67

* C: Valores obtidos da análise conjunta dos locais

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

AJMONE-MARSAN, P.; MONFREDINI, G.; LUDWIG, W.F.; MELCHINGER, A.E.; FRANCESCHINI, P.; PAGNOTTO, G.; MOTTO, M. Identification of genomic regions affecting plant height and their relationship with grain yield in an elite maize cross. **Maydica**, v.39, p.133-139, 1994.

AJMONE MARSAN, P.; GORNI, C. ; CHITTÒ, A.; REDAELLI, R.; Van VIJK, R.; STAM, P.; MOTTO, M. Identification of QTLs for grain yield and grain-related traits of maize (*Zea mays* L.) using an AFLP map, different testers, and cofactor analysis. **Theoretical and Applied Genetics**, v.102, n.2/3, p.230–243, 2001.

ALVES, R.M. Caracterização genética de populações de cupuaçuzeiro, *Theobroma grandiflorum* (Willd. ex. Spreng.) Schum., por marcadores microssatélites e descritores botânico-agronômicos. Piracicaba, 2002. 146p. Tese (Doutorado) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo.

AUSTIN, D.F.; LEE, M. Comparative mapping in $F_{2:3}$ e $F_{6:7}$ generations of quantitative trait loci for grain yield and yield components in maize. **Theoretical and Applied Genetics**, v.92, n.7, p.817-826, 1996.

BAO, J.S.; ZHENG, X.W. ; XIA, Y.W.; HE, P.; SHU, Q.Y.; LU, X.; CHEN, Y.; ZHU, L.H. QTL mapping for the paste viscosity characteristics in rice (*Oryza sativa* L.). **Theoretical and Applied Genetics**, v.100, n.2, p.280–284, 2000

BEARZOTI, E.; VENCOVSKY, R. Estimation of the proportion of genetic variance explained by molecular markers. **Genetics and Molecular Biology**, v.21, n.4, p.557-566, 1998.

CHORY, J.; MOORE, D.; REICHARDT, M.; RIBALDO, R.K.; RICHARDS, E.; ROGERS, S. Preparation and Analysis of DNA. In: AUSEBEL, F.M.; KINGSTON, R. E.; MOORE, D.D.; PRENT, R.; SEIDMAN, J.G.; SMITH, J.A.; STRUHL, K. (Ed.) **Current Protocols in Molecular Biology**. Boston: John Wiley & Sons, 1996. v.1, cap.2, p.1-12.

CLEMENT, C.R.; SOUSA, N.R.; RODRIGUES, D.P.; ASTOLFI-FILHO, S.; MORENO, Y.N.; PASCUAL, V.T.; RODRÍGUEZ, F.J.G. Use of AFLPS to distinguish landraces of Pejibaye (*Bactris Gasipaes*) in brazilian Amazonia. **Scientia Agricola**, v.59, n.4, p.749-753, 2002.

COART, E.; LAMOTE, V.; De LOOSE, M.; Van BOCKSTAELE, E.; LOOTENS, P.; ROLDÁN RUIZ, I. AFLP markers demonstrate local genetic differentiation between two indigenous oak species [*Quercus robur* L. and *Quercus petraea* (Matt.) Liebl.] in Flemish populations. **Theoretical and Applied Genetics**, v.105, n.2/3, p.431-439, 2002.

CONTE, R. Estrutura genética de populações de *Euterpe edulis* Mart. submetidas à ação antrópica utilizando marcadores alozímicos e microssatélites. Piracicaba, 2004. 124p. Tese (Doutorado) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo.

CRESTE, S.; TULMANN NETO, A.; VENCovsky, R.; SILVA, S.O.; FIGUEIRA, A. Genetic diversity of *Musa* diploid and triploid accessions from the Brazilian banana breeding program estimated by microsatellite markers. **Genetic Resources and Crop Evolution**, v.51, p.723–733, 2004.

CROW, J.F.; KIMURA, M. **An introduction to population genetics**. New York, Harper and Row, 1970. 591p.

DE KOEYER, D.L.; TINKER, N.A.; WIGHT, C.P.; DEYL, J.; BURROWS, V.D.; O'DONOUGHUE, L.S.; LYBAERT, A.; MOLNAR, S.J.; ARMSTRONG, K.C.; FEDAK, G.; WESENBURG, D.M.; ROSSNAGEL, B.G.; MCELROY, A.R. A molecular linkage map with associated QTLs from a hulless - covered spring oat population **Theoretical and Applied Genetics**, v.108, n.7, p.1285–1298, 2004.

DUBREUIL, P.; DUFOUR, P.; KREJCI, E.; CAUSSE, M.; VIENNE, D. de; GALLAIS, A.; CHARCOSSET, A. Organization of RFLP diversity among inbred lines of maize representing the most significant heterotic groups. **Crop Science**, v.36 p.790-799, 1996.

EATHINGTON, S.R.; DUDLEY, J.W.; RUFENER II, G.K. Marker effects estimated from testcrosses of early and late generations of inbreeding in maize. **Crop Science**, v.37, p.1679-1685, 1997.

FALCONER, D. S. & MACKAY, T. F. C. **Introduction to Quantitative Genetics**. 4.ed. Oxford:Longman, 1996. 464p.

FRONZA, V. Genética da reação da soja a *Fusarium solani f.sp. glycines*. 2003. 154p. Tese (Doutorado) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo.

- GARCÍA, M.R.; ASÍNS, M.J.; CARBONELL, E.A. QTL analysis of yield and seed number in Citrus. **Theoretical and Applied Genetics**, v.101, n.3, p.487–493, 2000.
- GAUTHIER, P.; GOUESNARD, B.; DALLARD, J.; REDAELLI, R.; REBOURG, C.; CHARCOSSET, A.; BOYAT, A. RFLP diversity and relationships among traditional European maize population. **Theoretical and Applied Genetics**, v.105, n.1, p.91-99, 2002.
- GODSHALK, E.B.; LEE, M.; LANKEY, K.R. Relationship of restriction fragment length polymorphisms to single-cross hybrid performance of maize. **Theoretical and Applied Genetics**, v.80, n.2, p.273-280, 1990.
- GOMES, F. P. **Curso de Estatística Experimental**. 13. ed. Piracicaba: Nobel, 1990, 467p.
- GROOS, C.; ROBERT, N.; BERVAS, E.; CHARMET, G. Genetic analysis of grain protein-content, grain yield and thousand-kernel weight in bread wheat. **Theoretical and Applied Genetics**, v.106, n.6, p.1032-1040, 2003.
- HITTALMANI, S.; HUANG, N.; COURTOIS, B.; VENUPRASAD, R.; SHASHIDHAR, H.E.; ZHUANG, J-Y.; ZHENG, K-L.; LIU, G-F.; WANG, G-C.; SIDHU, J.S.; SRIVANTANEYAKUL, S.; SINGH, V.P.; BAGALI, P.G.; PRASANNA, H.C., MCLAREN, G.; KHUSH, G.S. Identification of QTL for growth and grain yield related traits in rice across nine locations of Asia. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 107, n.4, p.679–690, 2003.
- HOSPITAL, F.; CHEVALET, C.; MULSANT, P. Using markers in gene introgression breeding programs. **Genetics**, v.132, p.1199-1210, 1992.

KAMOSHITA, A.; WADE, L.J.; ALI, M.L.; PATHAN, M.S.; ZHANG, J.; SARKARUNG, S.; NGUYEN, H.T. Mapping QTLs for root morphology of a rice population adapted to rainfed lowland conditions. **Theoretical and Applied Genetics**, v.104, n.5, p.880–893, 2002.

KATO, T. Quantitative trait loci controlling the number of spikelets and components traits in rice: their main effects and interaction with years. **Breeding Science**, v. 54, p.125-132, 2004. ORIGI

KERNS, M.R.; DUDLEY, J.W.; RUFENER II, G.K. Tester and type of progeny affect QTL detection in maize. **Maydica**, v.44, p.69-83, 1999.

KING, G.J.; MALIEPAARD, C.; LYNN, J.R.; ALSTON, F.H.; DUREL, C.E.; EVANS, K.M.; GRIFFON, B.; LAURENS, F.; MANGANARIS, A.G.; SCHREVEVS, E.; TARTARINI, S.; VERHAEGH, J. Quantitative genetic analysis and comparison of physical and sensory descriptors relating to fruit flesh firmness in apple (*Malus pumila* Mill.). **Theoretical and Applied Genetics**, v.100, n.7, p.1074–1084, 2000.

KOZUMPLICK, V.; PEJIC, I.; SENIOR, L.; PAVLINA, R.; GRAHAM, G.; STUBER, C.W. Use of molecular markers for QTL detection in segregating maize populations derived from exotic germplasm. **Maydica**, v.41, p.211-217, 1996.

LANZA, L.L.B.; SOUZA JUNIOR., C.L.; OTTOBONI, L.M.M.; VIEIRA, M.L.C.; SOUZA, A.P. 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.

LEON, A.J.; LEE, M.; ANDRADE, F.H. Quantitative trait loci for growing degree days to flowering and photoperiod response in Sunflower (*Helianthus annuus* L.). **Theoretical and Applied Genetics**, v.102, n.2/3, p.497–503, 2001.

- LI, Z.K.; YU, S.B.; LAFITTE, H.R.; HUANG, N.; COURTOIS, B.; HITTALMANI, S.; VIJAYAKUMAR, C.H. M.; LIU, G.F.; WANG, G.C.; SHASHIDHAR, H.E.; ZHUANG, J.Y.; ZHENG, K.L.; SINGH, V.P.; SIDHU, J.S.; SRIVANTANEYAKUL, S.; KHUSH, G.S. QTL x environment interactions in rice. I. Heading date and plant height. **Theoretical and Applied Genetics**, v.108, n.1, p.141–153, 2003.
- LU, C.; SHEN, L.; TAN, Z.; XU, Y.; HE, P.; CHEN, Y.; ZHU, L. Comparative mapping of QTLs for agronomic traits of rice across environments by using a double-haploid population. **Theoretical and Applied Genetics**, v.94, n.1, p.145-150, 1997.
- LUBBERSTEDT, T.; MELCHINGER, A.E.; SCHON, C.C.; UTZ, H.F.; KLEIN, D. QTL mapping in testcrosses of European flint lines of maize: I. Comparison of different testers for forage yield traits. **Crop Science**, v.37, p.921-931, 1997.
- LYNCH, M.; WALSH, B. **Genetics and Analysis of Quantitative Traits**. Sunderland: Sinauer Associates, 1998. 980p.
- MALOSETTI, M.; VOLTAS, J.; ROMAGOSA, I.; ULLRICH, S.E.; VAN EEUWIJK, F.A. Mixed models including environmental covariables for studying QTL by environment interaction. **Euphytica**, v.137, p.139–145, 2004.
- MATIELLO, R.R. Patossistema milho x *Colletotrichum graminicola*: estudo de herança, mapeamento de genes de resistência e estimativas de danos na produção. Piracicaba, 2004. 116p. Tese (Doutorado) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo.
- MELCHINGER, A.E.; LEE, M.; LAMKEY, K.R.; WOODMAN, W.L. Genetic diversity for restriction fragment length polymorphisms: relation to estimated genetic effects in maize inbreds. **Crop Science**, v.30, p.1033-1040, 1990.

- MELCHINGER, A.E.; UTZ, H.F.; SCHÖN, C.C. Quantitative trait locus (QTL) mapping using different testers and independent population samples in maize reveals low power of QTL detection and large bias in estimates of QTL effects. **Genetics**, v.149, p.383–403, 1998.
- MESQUITA NETO, D. R. Valor genético de populações de milho para resistência a doenças. Piracicaba, 2000. 211p. Tese (Doutorado) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo.
- MESSMER, M.M.; MELCHINGER, A.E.; BOPPENMAIER, J.; BRUNKLAUS-JUNG, E.; HERRMANN, R.G. Relationships among early european maize inbreds: I. Genetic diversity among flint and dent lines revealed by RFLPs. **Crop Science**, v.32, p.1301-1309, 1992.
- MESSMER, M.M.; MELCHINGER, A.E.; HERRMANN, R.G.; BOPPENMAIER, J. Relationships among early european maize inbreds: II. Comparison of pedigree and RFLP data. **Crop Science**, v.33, p.944-950, 1993.
- MING, R.; WANG, Y.-W.; DRAYE, X.; MOORE, P.H.; IRVINE, J.E.; PATERSON, A.H. Molecular dissection of complex traits in autopolyploids: mapping QTLs affecting sugar yield and related traits in sugarcane. **Theoretical and Applied Genetics**, v.105, n.2/3, p.332–345, 2002.
- MOREAU, L.; CHARCOSSET, A.; GALLAIS, A. Use of trial clustering to study QTL × environment effects for grain yield and related traits in maize. **Theoretical and Applied Genetics**, v.107, n.1, p.92-105, 2004.
- NASS, L. L. Utilização de recursos genéticos vegetais no melhoramento. In: L.L. NASS; A.C.C. VALOIS; I.S. DE MELO; M.C. VALADARES-INGLIS (eds) **Recursos Genéticos e melhoramento de Plantas**. Rondonópolis: Fundação MT, 2001, cap.2: p.30-55.

NASS, L.L.; PATERNIANI, E. Perspectivas do pré-melhoramento do milho. In: UDRY, C.V.; DUARTE, W. (Org.). **Uma história brasileira do milho – O valor dos recursos genéticos**. Brasília: Paralelo 15, 2000. Cap.2: p.43-63.

OKOGBENIN, E.; FREGENE, M. Genetic mapping of QTLs affecting productivity and plant architecture in a full-sib cross from non-inbred parents in Cassava (*Manihot esculenta* Crantz). **Theoretical and Applied Genetics**, v.107, n.7, p.1452–1462, 2003.

OPENSHAW, S.J.; JARBOE, S.G.; BEAVIS, W.D. Marker-assisted selection in backcross breeding. In: PROCEEDINGS OF THE SYMPOSIUM ANALYSIS OF MOLECULAR MARKER DATA, Corvallis, 1994. **Proceedings**. Corvallis: American Society for Horticultural Science, 1994. p.41-43.

PATERSON, A.H.; SARANGA, Y.; MENZ, M.; JIANG, C.-X.; WRIGHT, R.J. QTL analysis of genotype $\times$ environment interactions affecting cotton fiber quality. **Theoretical and Applied Genetics**, v.106, n.3, p.384–396, 2003.

PILLEN, K.; ZACHARIAS, A.; LÉON, J. Advanced backcross QTL analysis in barley (*Hordeum vulgare* L.). **Theoretical and Applied Genetics**, v.107, n.2, p.340–352, 2003.

PRASAD, M.; KUMAR, N.; KULWAL, P.L.; RODER, M.S.; BALYAN, H.S.; DHALIWAL, H.S.; GUPTA, P.K. QTL analysis for grain protein content using SSR markers and validation studies using NILs in bread wheat. **Theoretical and Applied Genetics**, v.106, n.4, p.659–667, 2003.

PRICE, A.H.; STEELE, K.A.; GORHAN, J.; BRIDGES, J.M.; MOORE, B.J.; EVANS, J.L.; RICHARDSON, P.; JONES, R.G.W. Upland rice grown in soil-filled chambers and exposed to contrasting water-deficit regimes I. Root distribution, water use and plant water status. **Field Crops Research**, v.76, p.11-24, 2002.

PRICE, A.H.; STEELE, K.A.; MOORE, B.J.; JONES, R.G.W. Upland rice grown in soil-filled chambers and exposed to contrasting water-deficit regimes II. Mapping quantitative trait loci for root morphology and distribution. **Field Crops Research**, v.76, p.25-43, 2002.

RAGOT, M.; SISCO, P.H.; HOISINGTON, D.A.; STUBER, C.W. Molecular-marker-mediated characterization of favorable exotic alleles at quantitative trait loci in maize. **Crop Science**, v.35, p.1306-1315, 1995.

RAWLINGS, J.O. **Applied Regression Analysis - A research tool**. Pacific Grove: Wadsworth, 1988. 553p.

REZENDE, V.F. Análise genética da resistência à antracnose foliar em milho. Piracicaba, 2004. 103p. Tese (Doutorado) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo.

RIBAS, L.A. Diversidade genética e sistema de cruzamento em populações naturais de duas espécies pioneiras arbóreas. Piracicaba, 2003. 102p. Tese (Doutorado) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo.

RUMIN, G.C.R. Índice para seleção de linhagens endogâmicas de milho (*Zea mays* L.) visando populações sintéticas baseado em marcadores genéticos. Piracicaba, 2000. 201p. Dissertação (Mestrado) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo.

RUMIN, G.C.R.; VENCovsky, R. Índice baseado em RFLP's para seleção de linhagens visando sintéticos de milho. **Scientia Agricola**, v.58, n.2, p.303-311, 2001.

SAS INSTITUTE INC. Statistical Analyses System. Release 6.12, (software). Cary, 1992.

- SEBBENN, A.M. Estrutura genética de populações de jequitibá-rosa [*Cariniana legalis* (Mart.) O. Ktze] por caracteres quantitativos e isoenzimas. Piracicaba, 2001. 210p. Tese (Doutorado) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo.
- SELIG, L.; LAMBERT, R.J.; ROCHEFORD, T.R.; SILVA, W.J. da. RFLP and cluster analysis of introgression of exotic germplasm into U. s. maize inbreds. **Maydica**, v.44, p.85-92, 1999.
- SILVA, H.D. Aspectos biométricos da detecção de QTL's (“Quantitative Trait Loci”) em espécies cultivadas. Piracicaba, 2001. 166p. Tese (Doutorado) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo.
- STEELE, K.A.; EDWARDS, G.; ZHU, J.; WITCOMBE, J.R. Marker-evaluated selection in rice: shifts in allele frequency among bulks selected in contrasting agricultural environments identify genomic regions of importance to rice adaptation and breeding. **Theoretical and Applied Genetics**, v.109, n.6, p.1247–1260, 2004.
- STUBER, C.W. Enhancement of grain yield in maize hybrids using marker-facilitated introgression of QTLs. In: PROCEEDINGS OF THE SYMPOSIUM ANALYSIS OF MOLECULAR MARKER DATA, Corvallis, 1994. **Proceedings**. Corvallis: American Society for Horticultural Science, 1994. p.44-46.
- TAO, Y.Z.; HENZEL, R.G.; JORDAN, D.R.; BUTLER, D.G.; KELLY, A.M.; McINTYRE, C.L. Identification of genomic region associated with stay green in sorghum by testing RILs in multiple environment. **Theoretical and Applied Genetics**, v.100, n.8, p.1225-1232, 2003.

- TAR'AN, B.; WARKENTIN, T.; SOMERS, D.J.; MIRANDA, D.; VANDENBERG, A.; BLADE, S.; BING, D.; Identification of quantitative trait loci for grain yield, seed protein concentration and maturity in field pea (*Pisum sativum* L.). **Euphytica**, v.136, p.297–306, 2004.
- VALLS, J.F.M. Caracterização morfológica, reprodutiva e bioquímica de germoplasma vegetal. In: ENCONTRO SOBRE RECURSOS GENÉTICOS, Jaboticabal, 1988. Anais. Jaboticabal: FCAV, 1988. p.106-128.
- VELDBOON, L.L.; LEE, M. Genetic mapping of quantitative trait loci in maize in stress and nonstress environments. **Crop Science**, v.36, p.1320-1327, 1996.
- WADT, L.H.O; EHRINGHAUS, C.; KAGEYAMA, P.Y.; Genetic diversity of "Pimenta Longa" genotypes (*Piper spp.*, Piperaceae) of the Embrapa Acre germplasm collection. **Genetics and Molecular Biology**, v.27, n.1, p.74-82, 2004.
- WAN, X.Y.; WAN, J.M.; SU, C.C.; WANG, C.M.; SHEN, W.B.; LI, J.M.; WANG, H.L.; JIANG, L.; LIU, S.J.; CHEN, L.M.; YASUI, H.; YOSHIMURA, A. QTL detection for eating quality of cooked rice in a population of chromosome segment substitution lines. **Theoretical and Applied Genetics**, v.110, n.1, p.71-79, 2004
- XING, Y.Z.; TAN, Y.F.; HUA, J.P.; SUN, X.L.; XU, C.G.; ZHANG, Q. Characterization of the main effects, epistatic effects and their environmental interactions of QTLs on the genetic basis of yield traits in rice. **Theoretical and Applied Genetics**, v.105, n.2-3, p.248–257, 2002.
- YADAV, R.S.; BIDINGER, F.R.; HASH, C.T.; YADAV, Y.P.; YADAV, O.P.; BHATNAGAR, S.K.; HOWARTH, C.J. Mapping and characterisation of QTL × E interactions for traits determining grain and stover yield in pearl millet. **Theoretical and Applied Genetics**, v.106, n.3, p.512–520, 2003.

YADAV, R.S. ; HASH, C.T.; BIDINGER, F.R.; DEVOS, K.M.; HOWARTH, C.J. Genomic regions associated with grain yield and aspects of post-flowering drought tolerance in pearl millet across stress environments and tester background. **Euphytica**, v.136, p.265–277, 2004.

ZENG, Z.B. Theoretical bases for separation of multiple linked gene effects in mapping quantitative trait loci. **Proceedings of the National Academic Science of the USA**, v.90, p.10972-10976, 1993.

ZHUANG, J.-Y. ; FAN, Y.-Y.; RAO, Z.-M.; WU, J.-L.; XIA, Y.-W.; ZHENG, K.-L. Analysis on additive effects and additive-by-additive epistatic effects of QTLs for yield traits in a recombinant inbred line population of rice. **Theoretical and Applied Genetics**, v.105, n.8, p.1137–1145, 2002.

ZHU, H.; BRICEÑO, G.; DOVEL, R.; HAYES, P.M.; LIU , B.H.; LIU , C.T.; ULLRICH, S.E. Molecular breeding for grain yield in barley: an evaluation of QTL effects in a spring barley cross. **Theoretical and Applied Genetics**, v.98, n.5, p.772-779, 1999.

ZUCCHI, M.I.; BRONDANI, R.P.V.; PINHEIRO, J.B.; CHAVES, L.J.; COELHO, A.S.G.; VENCOVSKY, R. Genetic structure and gene flow in *Eugenia dysenterica* DC in the Brazilian Cerrado utilizing SSR markers. **Genetics and Molecular Biology**, v.26, n.4, p.449-457, 2003.

APÊNDICE

Mapa de ligação do milho utilizado pela empresa Garst seeds, Slater, EUA. 1997.

Cromossomo 1

Mapa de ligação do milho utilizado pela empresa Garst seeds, Slater, EUA. 1997.

Cromossomo 2

Mapa de ligação do milho utilizado pela empresa Garst seeds, Slater, EUA. 1997.

Cromossomo 3

Mapa de ligação do milho utilizado pela empresa Garst seeds, Slater, EUA. 1997.

Cromossomo 5

Mapa de ligação do milho utilizado pela empresa Garst seeds, Slater, EUA. 1997.
Cromossomo 6

Mapa de ligação do milho utilizado pela empresa Garst seeds, Slater, EUA. 1997.
Cromossomo 7

Mapa de ligação do milho utilizado pela empresa Garst seeds, Slater, EUA. 1997.

Cromossomo 8

Mapa de ligação do milho utilizado pela empresa Garst seeds, Slater, EUA. 1997.
Cromossomo 9

Mapa de ligação do milho utilizado pela empresa Garst seeds, Slater, EUA. 1997.
Cromossomo 10