**Universidade de São Paulo
Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”**

**Variabilidade genética em progênies S_1 e depressão por endogamia
em populações de milho (*Zea mays* L.)**

Deoclécio Domingos Garbuglio

**Dissertação apresentada, para obtenção do título de
Mestre em Agronomia. Área de concentração:
Genética e Melhoramento de Plantas**

**Piracicaba
2007**

Deoclécio Domingos Garbuglio
Engenheiro Agrônomo

**Variabilidade genética em progênies S_1 e depressão por endogamia em
populações de milho (*Zea mays* L.)**

Orientador:
Prof. Dr. José Branco de Miranda Filho

**Dissertação apresentada, para obtenção do título de
Mestre em Agronomia. Área de concentração:
Genética e Melhoramento de Plantas**

Piracicaba
2007

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

Garbuglio, Deoclécio Domingos

Variabilidade genética em progênies S_1 e depressão por endogamia em populações de milho (*Zea mays* L.) / Deoclécio Domingos Garbuglio. - - Piracicaba, 2007.
135 p. : il.

Dissertação (Mestrado) - - Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, 2007.
Bibliografia.

1. Melhoramento genético vegetal 2. Milho 3. Populações vegetais 4. Variação genética em plantas I. Título

CDD 633.15

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

*A minha mãe Rita, meu irmão Humberto e
meus avós Domingos e Celeste, por nunca
deixarem de acreditar em mim*

Dedico

Agradecimentos

A Universidade de São Paulo

A CAPES pela concessão da bolsa de estudos

Ao professor José Branco de Miranda Filho pela orientação, ensinamentos e pelo exemplo de competência nos campos da genética quantitativa e melhoramento de milho. Levarei comigo o privilégio de ter sido seu orientado.

Aos docentes do Departamento de Genética da Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz” pelos ensinamentos transmitidos.

Aos pesquisadores Pedro Mário de Araújo e Antonio Carlos Gerage do Instituto Agrônomo do Paraná - IAPAR, pelos ensinamentos e amizade desde meu período de graduação.

Ao pesquisador do IAPAR, Nelson da Silva Fonseca Junior, pelos ensinamentos nos campos da experimentação agrícola e genética quantitativa, amizade e apoio, pessoal e profissional, nos vários momentos que necessitei.

Ao Dr. Carlos Daniel Giaveno pela amizade e pelas sugestões no trabalho.

Aos técnicos agrícolas do Departamento de Genética da ESALQ, Antonio Serrano e Marcos Cella, e aos técnicos agrícolas do Programa Milho do IAPAR, Antonio Alves Ferreira, Aparecido Sales de Carvalho, Mario Campos Kogima, Mauro Souza Santos e Vanildo Marques de Lima pela imensa ajuda na implantação e condução dos experimentos e pela competência e compromisso com o trabalho.

Aos colegas de curso Alexandre F. Garcia, Alisson F. Chiorato, Andréa C. Bogas, Andressa G. Morales, Carlos E. A. Batista, Celso S. Fiori, Eder G. D. Santos, Emiliano F. N. Costa, Endson S. Nunes, Fernando A. Piotto, Flavia A. A. Barbieri, Gustavo V. Moro, Jair Unfried, Luciélío M. Silva, Marcelo Molinari, Maria A. Santos, Mateus F. Santos, Michele C. P. Silva, Onildo N. Jesus, Pedro R. Belicuas, Roberto F. Neto, Roberto Tarazzi, Sanzio C. L. Barrios e Vitor Hugo Barbieri pela agradável convivência e momentos de descontração ao longo do curso.

SUMÁRIO

RESUMO.....	7
ABSTRACT	8
1. INTRODUÇÃO	9
2. DESENVOLVIMENTO.....	11
2.1. Revisão de Literatura	11
2.1.1. O milho híbrido e a utilização do vigor híbrido.....	11
2.1.2. Variabilidade genética em milho.....	13
2.1.3. Utilização dos efeitos de depressão por endogamia	18
2.2. Material e Métodos	25
2.2.1. Materiais.....	25
2.2.2. Métodos.....	26
2.2.2.1. Instalação dos experimentos.....	26
2.2.2.2. Coleta de dados	27
2.2.2.3. Análises estatísticas	28
2.2.2.3.1. Estudo de variabilidade genética - análises individuais.....	28
2.2.2.3.1.1. Parâmetros genéticos.....	29
2.2.2.3.2. Estudo de depressão por endogamia - análises individuais.....	30
2.2.2.3.3. Estudo de depressão por endogamia - análise conjunta.....	31
2.2.2.3.4. Cálculos das estimativas de depressão por endogamia.....	32
2.3. Resultados e Discussão	35
2.3.1. Estudo de variabilidade genética.....	35
2.3.1.1. Análises de variância individuais.....	35
2.3.1.2. Estimativas de parâmetros genéticos.....	36
2.3.1.3. Ganhos esperado com a seleção	38
2.3.2. Estudo de depressão por endogamia.....	41
2.3.2.1. Análises de variância e estudos das médias.....	41
2.3.2.2. Depressão por endogamia – Altura de plantas e espigas	46
2.3.2.3. Depressão por endogamia – Peso de grãos	48
2.3.2.4. Depressão por endogamia – Comprimento e Diâmetro de espiga.....	51

3. CONCLUSÕES	55
REFERÊNCIAS.....	56
ANEXOS	69
APÊNDICES.....	109

RESUMO

Variabilidade genética em progênies S_1 e depressão por endogamia em populações de milho (*Zea mays* L.)

Os objetivos do presente trabalho se dirigem ao estudo da variabilidade genética e da depressão por endogamia em sete populações de milho de ampla base genética, visando ao melhoramento de populações e obtenção de linhagens endogâmicas promissoras. Foram instalados onze experimentos em blocos casualizados em um local (Anhembi, SP), com diferentes conjuntos (N) de progênies S_1 obtidos de sete populações (GO-D: dentado, GO-F: flint, GO-L: espiga longa, GO-G: espiga grossa; e compostos G3, G4 e GO-S). Foram estimadas a variância genética entre médias de progênies ($\hat{\sigma}_G^2$), a variância fenotípica entre médias de progênies ($\hat{\sigma}_F^2$) e o coeficiente de herdabilidade (sentido amplo) para médias de progênies ($h_{\bar{X}}^2$). As estimativas de $h_{\bar{X}}^2$ foram altas para peso de espigas (PE: 0,89 a 0,94), comprimento da espiga (CE: 0,77 a 0,88) e diâmetro da espiga (DE: 0,77 a 0,92); e menores para altura da planta (AP: 0,58 a 0,80) e altura da espiga (AE: 0,54 a 0,84), demonstrando alto potencial das populações para seleção recorrente com progênies S_1 . A variável PE nas populações base usadas como testemunha, mostrou valores variando de 11200 kg.ha⁻¹ (GO-D) a 12800 kg.ha⁻¹ (G3). As médias de progênies S_1 entre populações variaram de 6070 kg.ha⁻¹ (GO-F) a 7380 kg.ha⁻¹ (G4); a depressão por endogamia nas progênies S_1 variou de 37,5% (G4) a 48,0% (G3) em relação à população base. Os estudos sobre endogamia envolvendo as sete populações foram conduzidos com amostras da população original não endógama (S0) e das gerações S_1 e S_2 de autofecundação. Os experimentos foram conduzidos em Londrina (PR) e Piracicaba (SP) em blocos casualizados com parcelas subdivididas, com as populações representadas nas parcelas e as gerações de endogamia nas sub-parcelas. A estimação da depressão por endogamia foi obtida pelo modelo de regressão linear $Y = \mu_0 + \beta$, sendo β a depressão por endogamia para 100% de homozigose. A depressão esperada para 50% de homozigose é $\beta/2$, cujo valor em percentagem variou de 25,4% a 41,4% em Piracicaba e de 23,1% a 39,3% em Londrina. Para os demais caracteres, os efeitos depressivos foram menores, geralmente <25% para AP e AE e <15% para DE e CE.

Palavras-chave: *Zea mays*; Milho; Variabilidade genética; Depressão por endogamia.

ABSTRACT

Genetic variability in S₁ progenies and inbreeding depression in maize (*Zea mays* L.) populations

The objectives of the present work were directed for the study of genetic variability and inbreeding depression in seven maize populations of broad genetic base, as a guide for population improvement and development of promising inbred lines. The field evaluation was in eleven experiments (randomized complete blocks) in one location (Anhembi, SP) with different groups (N) of S₁ progenies obtained of seven populations (GO-D: dent type, GO-F: flint type, GO-L: long ear, GO-G: thick ear; and composites G3, G4 e GO-S). Estimates were obtained for genetic variance ($\hat{\sigma}_G^2$: progeny mean basis), phenotypic variance of progeny means ($\hat{\sigma}_F^2$), and coefficient of heritability (broad sense) for progeny means ($h_{\bar{x}}^2$). Estimates of $h_{\bar{x}}^2$ were high for ear weight (PE: 0.89 to 0.94), ear length (CE: 0.77 to 0.88) and ear diameter (DE: 0.77 to 0.92); and lower for plant height (AP: 0.58 to 0.80) and ear height (AE: 0.54 to 0.84), thus showing the high potential of the populations for recurrent selection based on S₁ progenies. Ear yield (PE) in the base populations used as checks varied from 11200 kg.ha⁻¹ (GO-D) to 12800 kg.ha⁻¹ (G3). The means of S₁ progenies varied from 6070 kg.ha⁻¹ (GO-F) to 7380 kg.ha⁻¹ (G4); the inbreeding depression in S₁ progenies varied from 37.5% (G4) to 48.0% (G3) relative to the non-inbred population. For the studies on inbreeding in the seven populations samples of the original non-inbred populations (S₀) and S₁ and S₂ generations of inbreeding were used. Filed experiments were carried out in Londrina (PR) and Piracicaba (SP) in randomized blocks with split-plots, where populations were in the whole plots and inbreeding generations in the sub-plots. The estimates of inbreeding depression were obtained by the linear regression model $Y = \mu_0 + \beta$, where β is the inbreeding depression for 100% homozygosity. The expected inbreeding depression for 50% homozygosity is $\beta/2$, and the estimates in percentage varied from 25.4% to 41.4% in Piracicaba and from 23.1% to 39.3% in Londrina. For the other traits the inbreeding effects were lower, in general <25% for AP and AE and <15% for DE and CE.

Key-words: *Zea mays*; Maize; Genetic variability; Inbreeding depression.

1. INTRODUÇÃO

O milho é uma das culturas geneticamente mais bem estudadas, o que resultou em significativa contribuição para o melhoramento de suas características agronômicas. Evidências indicam que seja uma planta com origem na região centro sul do México uma vez que nesta região são encontradas populações naturais de subespécies do milho, principalmente *Zea parviglumis* e *Zea mexicana* (Freitas, 2001).

Embora já tenham sido obtidos ganhos substanciais em termos de produtividade, existe ainda uma gama de possibilidades para o melhoramento. Assim, a busca por ganhos adicionais através de seleção, tem sido complementada com esforços para melhoramento de caracteres agronômicos importantes que, direta ou indiretamente, terão influência no rendimento total da cultura (Araújo, 1992). Em alguns estudos, não tão recentes, tem sido mostrado, por exemplo, uma maior preocupação com melhor eficiência fotossintética, ou melhor aproveitamento do produtos sintetizados pela planta de milho (Mock e Pearce, 1975), onde, neste último aspecto, foi observado que parte da energia sintetizada pela planta é consumida diretamente na produção de pólen.

Entre outros fatores, uma maior utilização de híbridos oriundos de cruzamentos de linhagens endogâmicas, sejam eles híbridos simples, híbridos triplos, simples modificados e triplos modificados, se apresentam como um dos pontos de destaque para atingir tal nível de produtividade, ou seja, do ponto de vista de incremento tecnológico a utilização destes tipos de híbridos merecem destaque considerável.

Para que se aumente a probabilidade de obtenção de híbridos superiores, é necessário aumentar, também, a probabilidade da ocorrência de genótipos superiores na população base. Isto corresponde a um aumento das freqüências de genes favoráveis na população, que pode ser conseguido por meio de esquemas de seleção recorrente intrapopulacional (Miranda Filho e Viégas, 1987).

Paterniani e Miranda Filho (1987) citam que o uso de progênies endogâmicas no melhoramento de populações de milho é recomendável para caracteres de baixa

herdabilidade, devido à endogamia conduzir ao aumento da variância genética entre progênie e a um aumento no progresso esperado por ciclo de seleção.

Miranda Filho (1981) destaca que a utilização de famílias endogâmicas pode ser convenientemente explorada nas populações que apresentem baixa depressão por endogamia, e que a condução de gerações de seleção sob endogamia resultam em menores decréscimos na produção.

Assim, para dar continuidade aos crescentes aumentos de produtividade, deve ser enfatizado nos programas de melhoramento, das mais diversas espécies, a introdução de germoplasma e emprego de seleção recorrente em populações base sintetizadas ou introduzidas, de modo a reduzir a probabilidade de atingir precocemente os platôs de produtividade.

O presente trabalho tem como objetivos no estudo de variabilidade genética e de depressão por endogamia:

- Estudar a variabilidade genética através de caracteres de interesse agronômico para fins de seleção recorrente com famílias endogâmicas (S_1) em populações de milho.
- Estimar ganhos através de seleção nos caracteres estudados.
- Obter estimativas de depressão por endogamia para variáveis de interesse agronômico.

2. DESENVOLVIMENTO

2.1. Revisão de Literatura

2.1.1. O milho híbrido e a utilização do vigor híbrido

Uma das maiores descobertas para a agricultura mundial foi a utilização do vigor híbrido, tendo a cultura do milho servindo como suporte para esse estudo. Um dos primeiros trabalhos sobre melhoramento de milho foi realizado por Shull, (1909, 1910), que constatou a perda de vigor em plantas de milho após sucessivas autofecundações sendo, porém, restaurada por meio de hibridização. A partir de então, foi sugerida a realização de sucessivas autofecundações para a obtenção de linhagens homozigóticas seguidas de cruzamentos para a obtenção da geração F₁ híbrida. Apesar dessas informações terem sido limitadas, elas forneceram a base para o aparecimento e crescimento da indústria do milho híbrido em todo o mundo.

Jones (1918) viabilizou economicamente a produção do milho híbrido através da obtenção de híbridos duplos, já que a produção de híbridos simples era inviável na época devido à baixa produtividade das linhagens. A partir daí, várias instituições, públicas e privadas, se interessaram em desenvolver trabalhos de melhoramento do milho, visando híbridos comerciais. Mesmo assim, os primeiros híbridos comerciais só apareceram por volta de 1930 e, gradativamente, foram substituindo as variedades de polinização livre. Já em 1939, a área plantada com milho híbrido nos Estados Unidos alcançava 75% do total, e em 1960 a área plantada com variedades comerciais correspondia a menos de 5% do total (Miranda Filho e Viégas, 1987).

Em 1950, quase toda a região produtora de milho dos EUA, denominada Corn Belt, utilizava sementes de híbridos duplos. Embora o custo da semente continuasse alto, as melhorias nas condições de cultivo das linhagens e as vantagens decorrentes da sua utilização, tais como uniformidade e produtividade, foram determinantes para a aceitação por parte dos agricultores.

A adoção da tecnologia de produção de híbridos representou um aumento expressivo na produtividade de milho nos EUA. Até 1930, onde eram cultivadas

somente variedades de polinização aberta, o incremento anual era de apenas $1 \text{ kg ha}^{-1} \text{ ano}^{-1}$. Entre 1930 a 1960, quando passaram a ser utilizados híbridos duplos, a produtividade média teve um incremento anual em torno de 65 kg.ha^{-1} . Com a utilização de híbridos simples, este aumento foi ainda maior, atingindo cerca de $110 \text{ kg.ha}^{-1} \text{ ano}^{-1}$. Segundo diversos estudos relatando os ganhos de produtividade nos EUA, estima-se que 50% desses ganhos possam ser devidos ao melhoramento genético, e os outros 50% à melhoria das condições ambientais (Duvick e Cassman, 1999; Hallauer et al., 1988; Troyer, 2004).

No final da década de 90 era estimado que mais de 65% da área mundial plantada com a cultura do milho era ocupada por cultivares híbridas, proporcionando um acréscimo de em torno de 55 milhões de toneladas de grãos, se comparado ao plantio de variedades (Duvick, 1999).

No Brasil o melhoramento genético tem contribuído significativamente para o aumento de produtividade onde houve um incremento de 1618 kg.ha^{-1} nos últimos 31 anos (Coelho et al., 2003). Embora não estejam disponíveis informações a respeito do percentual dos fatores (genético ou ambiental), responsáveis por este aumento, a exemplo do que ocorreu nos EUA, o melhoramento genético associado às inovações no manejo fitotécnico da cultura, mostram-se fundamentais para o aumento dessa produtividade.

Especialmente nos últimos 10 anos, pode-se constatar um aumento significativo no número de cultivares híbridas disponíveis no mercado brasileiro de sementes. Segundo dados do Ministério da Agricultura (2007), encontram-se registrados 795 cultivares de milho, dentro do período compreendido de janeiro de 1998 a dezembro de 2006. Ainda, segundo a EMBRAPA-Centro Nacional de Milho e Sorgo (2007), das 236 cultivares que estavam disponíveis no mercado para a safra 2006/2007, 81 eram híbridos simples, 58 híbridos triplos, 13 híbridos simples modificados, 2 híbridos triplos modificados, 52 híbridos duplos, 1 híbrido intervarietal e 29 variedades de polinização aberta.

Os dados ressaltam o crescente aumento em termos de tecnologia empregada na cultura do milho, pois, associado à escolha de híbridos de linhagens, em especial híbridos simples e triplos, para o plantio em áreas agrícolas que justifiquem

seu emprego, de certo modo, direciona-se também a um aumento no consumo de fertilizantes e agroquímicos que as cultivares irão necessitar para expressar seu potencial produtivo. Associado a isto ainda pode-se destacar o emprego de maquinários apropriados para as diversas fases compreendidas do plantio à colheita.

2.1.2. Variabilidade genética em milho

O melhoramento genético de qualquer espécie, seja planta ou animal, pode ser dirigido essencialmente visando duas alternativas: (I) obtenção de uma população melhorada ou (II) obtenção de híbridos. A característica primordial entre as duas alternativas é que a população melhorada se reproduz segundo o modo usual da espécie, ou seja, por alogamia, autogamia, ou graus intermediários entre esses extremos (Paterniani e Miranda Filho, 1987).

Os trabalhos com melhoramento são contínuos e se fazem necessários reservatórios genéticos (“pool” gênicos) dos quais novos genes possam ser introduzidos em cultivares existentes de modo a melhorar características de interesse. As fontes destes genes podem estar presentes nos centros de origem das plantas cultivadas ou mesmo em cultivares antigas.

A variabilidade genética é o fator primordial para o sucesso de um programa de melhoramento, sendo que em milho, grande parte dos esforços estão concentrados nos caracteres quantitativos. Segundo Vencovsky (1987) a maior complexidade genética destes, aliados à erros experimentais e efeitos do meio ambiente que sempre estão presentes, obrigam os melhoristas a se utilizar de técnicas específicas no tratamento dos mesmos com o fim de separar e interpretar as variações genéticas e ambientais.

Fisher (1918) em seus estudos sobre covariação e correlação genética entre parentes foi o primeiro a decompor a variância genética de uma população panmítica em três componentes: 1- variância genética aditiva (associada aos efeitos médios dos genes); 2-variância genética dominante (devida aos desvios associados às interações intraalélicas); 3-variância genética epistática (devida aos desvios associados às

interações interalélicas). O autor demonstrou que a covariância entre parentes está em função de quantidades diferentes dos componentes da variância genética.

Outros trabalhos vieram a ampliar o de Fisher como os de Cockerham (1954) e Kempthorne (1955), que apresentaram a decomposição da variância hereditária baseados em um esquema fatorial incluindo os efeitos epistáticos. Cockerham (1956) e Schnell (1963) acrescentaram os efeitos de ligação. Posteriormente, Cockerham e Weir (1973) e Weir e Cockerham (1976) apresentaram estes estudos envolvendo dois locos. Harris (1964) estendeu o modelo clássico de Fischer estudando as covariância genotípicas entre parentais endogâmicos e estimando os componentes D_1 , D_2 e $\tilde{H}$.

Apesar das bases teóricas da decomposição da variância genética terem sido desenvolvidas em 1918, somente com os trabalhos de Comstock e Robinson (1948 e 1952) é que foram estimados os componentes de variância genética em populações de milho. Estes autores apresentaram três delineamentos genéticos que envolvem diversos tipos de progênies mostrando como os componentes da variância genética são estimados a partir das variâncias entre progênies.

A seleção recorrente é um método importante em programas de melhoramento de milho, podendo ser definida como a seleção sistemática de indivíduos desejáveis de uma população, seguida pela recombinação dos indivíduos selecionados para formar a nova população (Fehr, 1987). Desse modo, a seleção recorrente tem como objetivo aumentar a frequência de alelos favoráveis em uma população, mantendo também a variabilidade genética.

Nos programas de seleção recorrente a amostra de progênies retirada da população sob seleção deve representar a sua variabilidade genética. Amostras muito pequenas podem acarretar em problemas de representatividade e até mesmo a perda de alelos favoráveis ou a fixação de alelos indesejáveis (Falconer, 1989). Amostras muito grandes podem tornar impraticável a realização deste tipo de estudo em virtude da elevada mão-de-obra que seria demandada para um único ensaio.

Pinto et al. (2000), estudando o número de progênies S_1 mais apropriado para avaliação em programas de seleção recorrente, constataram que para a variável PE o valor estaria entre 175-200 progênies, sendo que 200 progênies S_1 seria o tamanho adequado para avaliação. Por outro lado alguns autores utilizando tamanhos de 140

(Goulas e Lonquist, 1976), 100 (Weyhrich et al., 1998a, 1998b) e até mesmo 30 (Grombacher et al., 1989) progênes, sob diferentes intensidades de seleção, obtiveram respostas satisfatórias em seus trabalhos.

No que se refere a recombinação do materiais selecionados, segundo Weyhrich et al. (1998b), tradicionalmente os melhoristas de milho tem recombinado entre 10 e 25 progênes nos programas de seleção recorrente envolvendo progênes S_1 , sendo que, nos casos onde são recombinados 10 indivíduos ou menos, a deriva genética aleatória pode se mostrar como um fator na limitação da resposta a seleção (Smith, 1983, 1984; Helms et al., 1989). No entanto, até mesmo em programas de seleção recorrente onde a deriva tem se mostrado um importante fator, progressos significativos tem sido alcançados sem exaurir a variação genética (Houthaus e Lamkey, 1995; Labate et al., 1997). Garay et al. (1996) relatou que em experimentos de seleção recorrente, onde 10 linhas foram recombinadas, a deriva genética não foi um fator significante. Baker e Curnow (1969) sugeriram que a recombinação utilizando-se um mínimo de 16 indivíduos não resultará em limitações à seleção em menos de 30 gerações. Hallauer (1992), após revisar a literatura sobre tamanho efetivo populacional, sugeriu que aproximadamente 25 a 35 progênes podem ser inter cruzadas para programas de seleção recorrente em milho.

São vários os métodos de seleção empregados atualmente, porém as diferenças entre eles nem sempre são bem definidas. Estas diferenças referem-se ao grau de controle parental dos progenitores selecionados, existência ou não de avaliação de progênes, uso de testadores e controle do ambiente. Tanto na seleção recorrente intra como inter populacional, podem ser utilizadas progênes de meios irmãos, irmãos completos ou germanos, e progênes S_1 ou S_2 .

O uso de progênes endogâmicas (S_1 ou S_2) é recomendado para caracteres de baixa herdabilidade, uma vez que a endogamia remete ao aumento da variância genética entre progênes (Hallauer e Sears, 1973; Rodriguez e Hallauer, 1991; Edwards e Lamkey, 2002), e conduz a um aumento do progresso esperado com a seleção (Parteniani e Miranda Filho, 1987).

Para os métodos que utilizam testes de progênes com sementes remanescentes, a quantidade disponível para os ensaios é um fator limitante com

relação ao número de ambientes e número de repetições. No entanto, Hallauer (1980) sugeriu que em geral duas repetições e um máximo de três ou quatro ambientes são aceitáveis para testes de qualquer tipo de progênie.

Odhambo e Compton (1987), e Pandey e Short (1993), ressaltaram também que a seleção com progênies S_1 é a forma mais efetiva de reduzir a depressão por endogamia, melhorando assim a média das progênies autofecundadas e preparando a população para extração de linhagens. Tal tipo de progênie também é eficiente para seleção visando resistência à pragas e doenças, (Klenke et al, 1986). No entanto, como ressaltado por Pandey e Short (1993), a escolha do tipo de progênie vai depender do objetivo final do melhoramento, da base genética em que se encontra a população para os caracteres a serem selecionados e da herdabilidade dos mesmos. Para caracteres de alta herdabilidade, poucos ciclos de seleção recorrente intrapopulacional são suficientes para atingir os objetivos desejados. Nesses casos a seleção massal estratificada é o método mais indicado, sendo geralmente utilizado em populações que se encontrem em estágio inicial de melhoramento ou para caracteres específicos de alta herdabilidade, como altura de planta e espiga, ciclo ou prolificidade.

Dentre os estudos clássicos envolvendo variabilidade genética e identificação de fontes promissoras para extração de linhagens, pode ser citado o trabalho de McGill e Lonquist (1955) no qual apresentaram dados do comportamento de linhagens extraídas de variedade Krug original (S_0), e de sintéticos de 1º e 2º ciclo dessa variedade. Concluíram que dois ciclos de seleção recorrente conduziram a um aumento considerável na capacidade de combinação e que, sintéticos com alta produção constituem melhores fontes de linhagens se comparados às variedades originais. Sprague e Brimhall (*apud* Paterniani e Miranda Filho, 1987), em seus estudos sobre capacidade geral de combinação, apresentaram dados que mostram ganhos de cerca de 7 bushels/acre, o equivalente a 470,75 kg.ha⁻¹, em um único ciclo de seleção. Paterniani (1969) testou 640 progênies S_1 das quais 16 progênies de grãos dentados e 8 progênies de grãos GO-F foram utilizadas para se obter as populações A e B, respectivamente. A partir de resultados comparativos de 8 ensaios em 4 anos, foi observado um progresso substancial tanto na produção, quanto na resistência ao

acamamento das populações A e B em relação a população original, ao passo que não houve uma diferença considerável entre as produções *per se* de A e B.

Atualmente trabalhos vem sendo desenvolvidos com milho, não só para variáveis como rendimento de grãos e altura de plantas, mas também, para outras características como silagem de grãos (Gomes et al., 2004), onde os autores puderam verificar uma herdabilidade de 80% para degradabilidade de matéria úmida apresentando, assim, a alta possibilidade de sucesso no caso de submeter os materiais trabalhados a processos de seleção.

Paterniani et al. (2002) em seus experimentos com híbridos triplos visando identificação de fontes de resistência à ferrugem tropical (*Physopella zae*), identificaram linhagens que poderiam ser usadas na produção de sintéticos com alta resistência.

Machado et al. (1999) utilizaram genótipos de milho crioulo e algumas variedades comerciais de modo a explorar a variabilidade genética para eficiência na absorção de fósforo, encontrando entre os materiais crioulos diferentes níveis de resposta ao aumento no teor, entre eles, alguns materiais apresentaram altos valores de rendimento de grãos mesmo na ausência de P.

Um fator de extrema importância a se considerar em qualquer programa de melhoramento genético reside no fato de que, geralmente, os diversos caracteres de importância econômica estão correlacionados entre si, em magnitude e sentido variados. Dentre as causas responsáveis da correlação genética entre caracteres, tem-se o pleiotropismo e o desequilíbrio de ligação gênica (Hallauer e Miranda Filho, 1988; Vencovsky, 1987). O primeiro caso ocorre quando um ou mais genes afetam simultaneamente diferentes passos fisiológicos, enquanto que o segundo refere-se à genes localizados em um mesmo cromossomo, com tendência a serem transmitidos em conjunto. Segundo Cruz et al

. (2004), a existência de correlação genética entre caracteres distintos implica que a seleção em um caráter pode proporcionar alterações em outros, cujo sentido pode ser ou não de interesse do melhoramento. Sendo assim, a quantificação dos efeitos indiretos da seleção de um, ou vários caracteres, sobre outros secundários será fundamental para que se possa orientar programas de melhoramento em que se

tenha um material genético que reúna, simultaneamente, uma série de atributos favoráveis.

Atualmente, com a tecnificação nas lavouras da cultura de milho a ênfase dada pelo programas de melhoramento, públicos e privados, tem sido para a redução do porte da planta e a altura de espigas, justificando-se pela busca de uma planta cuja arquitetura permita maior resistência ao acamamento e uma maior adaptação à colheita mecânica (Miranda Filho, 1974; Andrade, 1988). De acordo com Josephson e Kincer (1977), a redução de altura de espigas, diminui o efeito de “alavanca” que uma espiga exerce sobre a planta quando está localizada muito alta no colmo, contribuindo assim para um menor índice de acamamento. Altas correlações positivas entre altura de plantas e altura de espigas foram relatadas por vários autores (Acosta e Crane, 1972; Andrade 1988; Araújo, 1992, Granate et al., 2002).

A correlação positiva existente entre altura de plantas e altura de espigas com a variável produção de grãos, também tem sido relatada em diversos trabalhos (Lindsey et al., 1962; Acosta e Crane, 1972; Lima e Paterniani; 1977; Rissi, 1980; Reis et al., 1982; Pandey et al. 1986; Araújo, 1992, Granate et al., 2002), no entanto, quando se pratica seleção combinada essa correlação pode ser facilmente quebrada. Mareck e Gardner (1979) praticando seleção para precocidade e menor altura de espigas em uma população que havia sido previamente selecionada para peso de grãos, relataram que os ganhos foram efetivos para os caracteres selecionados e sem alterações significativas para a variável peso de grãos.

2.1.3. Utilização dos efeitos de depressão por endogamia

Em programas de melhoramento genético de espécies alógamas, entre elas o milho, são necessárias informações a respeito do efeito de eventuais danos provocados pelo cruzamento de indivíduos aparentados. Esse efeito, denominado depressão por endogamia, caracteriza-se pela redução no valor médio de caracteres quantitativos, relacionados com a capacidade reprodutiva ou eficiência fisiológica da planta, devido à homozigose de alelos deletérios (Falconer, 1989).

As causas genéticas que a controlam não são completamente conhecidas, existindo algumas hipóteses para explicá-la. Uma dessas explicações está ligada ao fato de que os genes favoráveis tendem a ser dominantes ou parcialmente dominantes, e a segunda explicação é o fato do heterozigoto ter um valor fenotípico maior que o homozigoto (Crow e Kimura, 1970). Em especial, no primeiro caso, a depressão por endogamia resultaria, então, da quebra da combinação ideal dos alelos que governam o caráter em questão.

Segundo Allard (1960) e Falconer (1989), a teoria da dominância parcial preconiza que a existência de dominância entre alelos faz com que ocorram diferenças entre os valores fenotípicos de indivíduos homozigotos e heterozigotos, ressaltando que a depressão causada pela endogamia é proporcional ao grau de dominância, sendo maior para os locos com freqüências intermediárias. Desse modo, uma vez que os caracteres quantitativos estão sob controle de muitos locos, a redução no valor fenotípico do caráter dependerá, também, do grau médio de dominância que o controla.

Falconer (1989) ressalta que os maiores níveis de depressão por endogamia são esperados em populações com elevada freqüência de heterozigotos em locos com dominância gênica, como os híbridos simples, e em populações que apresentem acentuada carga genética, como o caso de populações não melhoradas. De um modo geral os híbridos apresentam maior depressão por endogamia se comparado a outras classes genéticas. No entanto, segundo estimativas apresentadas por Vencovsky et al. (1988), variedades de polinização-aberta e populações não melhoradas podem apresentar tanta depressão por endogamia quanto híbridos, porém, para variedades melhoradas verificaram estimativas ligeiramente mais baixas.

Quando uma população é melhorada por seleção recorrente, em termos teóricos, a freqüência de alelos favoráveis aumenta a medida que ocorre o decréscimo na freqüência de alelos deletérios. Em consequência disso, quando a população melhorada é submetida a autofecundação, poucos alelos deletérios são expressos para determinado caráter quantitativo, refletindo em estimativas menores de depressão por endogamia ao longo dos ciclos de seleção, quando comparadas às populações originais não melhoradas.

Sob o ponto de vista do melhoramento genético, a endogamia pode ser potencialmente aproveitada para o desenvolvimento de linhagens com alelos de interesse que, posteriormente sejam utilizadas, no caso do milho, na composição de híbridos simples, triplos, duplos ou mesmo em seleção recorrente envolvendo progênies parcialmente endogâmicas (S_1 , S_2 e S_3), para o desenvolvimento de populações melhoradas (Hallauer e Miranda Filho, 1988).

O método padrão utilizado pelos melhoristas, sendo o mais rápido e intenso para a indução da endogamia, se dá por meio da autofecundação. A cultura do milho é altamente favorável para tais estudos em virtude da relativa facilidade com que são realizadas as autofecundações e, normalmente, é possível se obter um bom número de sementes (Poehlman e Sleper, 1996).

A autofecundação apresenta algumas vantagens como o tempo necessário para se atingir um alto nível de homozigose, sobre outros métodos de desenvolvimento de linhagens, que são menos severos com relação aos efeitos provocados pela endogamia em cada geração. Entretanto, quando se trabalha com populações altamente depressivas, o alcance de um alto nível de homozigose em poucas gerações de endogamia pode tornar-se uma desvantagem, pois muitas linhagens potencialmente úteis são eliminadas nas primeiras gerações como uma consequência da manifestação de genes letais, semiletais e deletérios de grande efeito (Hallauer e Miranda Filho, 1988).

Segundo Vencovsky e Barriga (1992), entende-se que a homozigose não é o estado genético natural de espécies em que predomina o intercruzamento das plantas, ou seja, a panmixia ou alogamia, sendo o ponto central da dificuldade de se obter linhagens puras e sadias. Estas propriedades são condições básicas para viabilizar, por exemplo, um programa em larga escala de produção de híbridos de linhagens.

Para a obtenção de linhagens viáveis, economicamente falando, além de apresentarem boa capacidade de combinação para desenvolvimento de híbridos promissores, estas também devem ser boas polinizadoras e/ou que apresentem uma considerável produção de sementes, no caso de sua utilização como macho ou fêmea nas linhas de cruzamento em um campo de produção de sementes.

O aumento da probabilidade de obtenção dessas linhagens está condicionado ao fato de se partir de populações geneticamente adequadas, o que significa que tais populações devam apresentar uma alta frequência de alelos favoráveis para os diversos caracteres de interesse (Miranda Filho e Viégas, 1987; Vencovsky e Barriga, 1992), com uma pequena carga genética, ou seja, uma baixa frequência de alelos deletérios (Vencovsky e Barriga, 1992). A primeira condição pode ser interpretada como uma alta capacidade geral de combinação, sendo possível de alcançar por meio de seleção recorrente, enquanto a segunda, significa haver uma depressão por endogamia pouco pronunciada (Vencovsky e Barriga, 1992).

Na verdade essas duas condições acabam se relacionando, sendo que, em populações ou sintéticos submetidos à seleção recorrente, espera-se que estas devam apresentar uma maior capacidade geral de combinação com uma menor depressão por endogamia, quando autofecundadas.

No Brasil, estudos têm sido conduzidos no sentido de se avaliar, quantificar ou mesmo tirar proveito dos efeitos provocados pela depressão por endogamia em diversas culturas além do milho comum (Chaves et al., 2005; Raposo e Ramalho, 2004; Pacheco et al., 2002; Maldonado e Miranda Filho, 2002; Farias Neto e Miranda Filho, 2000) como milho pipoca (Scapim et al., 2006; Simon et al., 2004), sorgo (Scapim et al., 1998), cajueiro (Paiva et al., 1998), arroz (Moraes et al., 1997), eucalipto (Sato e Mori, 1996), entre outras.

Hallauer e Sears, (1973) avaliando as modificações ocorridas em características agrônomicas associadas à endogamia durante sete gerações de autofecundação da população *Iowa Stiff Stalk Syntetic* (BSSS) relataram que, para cada 1% de aumento na homozigose em milho, pode-se esperar, em média, um decréscimo de -0,48 cm na altura de plantas, um decréscimo de -0,30 cm na altura da espiga e uma redução de -44,9 kg.ha⁻¹ na produtividade. Diferenças na taxa de depressão por endogamia entre variedades podem ser esperadas por causa da diferença na frequência alélica, no nível de dominância e na amostragem.

Jones (1939) avaliando o decréscimo na média provocada pela endogamia durante 30 gerações de autofecundação, constatou que para a variável rendimento de grãos houve uma tendência no decréscimo ao longo das 30 gerações, enquanto para a

variável altura de espigas houve uma estabilização nos valores médios após 5 gerações, sendo que os decréscimos, em ambos os casos, podem ser expressos por meio de uma regressão linear. Crow e Kimura (1970) citam que no casos em que ocorre uma não linearidade na mudança das médias de uma população, em função do aumento do coeficiente de endogamia, isto é devido à ação de genes epistáticos.

Good e Hallauer (1977) comparando a depressão por endogamia em milho através da avaliação de famílias endogâmicas, famílias de irmãos germanos e da combinação entre os dois métodos, constataram que a razão linear da depressão para as variáveis altura de plantas, altura de espigas e produtividade de grãos foi maior sob autofecundação quando comparada aos cruzamentos entre irmãos germanos. A redução na produtividade de grãos ficou em torno de 4.600 kg ha^{-1} e detectou-se também um incremento de 5,2 dias para o caráter florescimento entre as gerações S_0 e S_7 .

Geraldi e Vencovsky (1980) apresentaram estimativas de depressão por endogamia em nove populações de milho onde estas oscilaram entre 36,7% a 54,8% para a variável rendimento de grãos.

Lima et al. (1984), em seus estudos com relação aos efeitos de depressão por endogamia em 32 populações brasileiras de milho, verificaram as amplitudes dos valores compreendidas entre 27 a 57,9% para rendimento de grãos, 7,5 a 20,3% para altura de plantas e 6,9 a 27,4% para altura de espigas. Observaram também que as populações derivadas a partir de híbridos exibiram menor depressão (-34%) do que a população que não foi submetida à seleção.

Santos e Miranda Filho (1992) avaliaram o potencial genético de duas raças brasileiras de milho, sendo estas a raça Cravo que se caracteriza por apresentar um grande número de fileiras de grãos, e Entrelaçado, caracterizada por apresentar espigas longas, que foram cruzadas com ESALQ-PB1, uma população local e adaptada. As duas populações semi-exóticas obtidas apresentaram resultados animadores devido a um incremento substancial que foi observado na variabilidade genética, sendo os resultados considerados promissores para utilização desses materiais como populações base em programas de seleção recorrente.

Nass e Miranda Filho (1995), avaliando progênies S_1 dessas mesmas duas populações semi-exóticas de milho, EE1 (ESALQ PB1 x Entrelaçado) e EC4 (ESALQ PB1 x Cravo 4), com o objetivo de determinar os efeitos de depressão por endogamia em vários caracteres quantitativos, apresentaram efeitos de depressão da ordem de 46% para rendimento de grãos e próximos de 44% para a variável rendimento de espiga. Em geral verificaram que os efeitos de depressão por endogamia foram maiores para a população EE1 em relação a EC4, para as variáveis número de espigas por parcela, diâmetro de espigas, comprimento de espigas, número de ramificações do pendão, estande final, altura de plantas e altura de espigas. Para rendimento de grãos e de espigas as estimativas de depressão por endogamia foram de mesma magnitude se comparada a outros resultados apresentados por diferentes autores para populações brasileiras ou introduzidas (Geraldi e Vencovsky, 1980; Vianna et al., 1982; Lima et al., 1984).

Araújo e Gerage (2002) utilizaram nove híbridos comerciais de milho e quatro populações para estimar a depressão por endogamia. Os genótipos foram semeados em esquema que possibilitasse obter os 78 híbridos para posterior avaliação em esquema dialélico completo juntamente com as diferentes gerações S_1 obtidos a partir dos treze genótipos. Foram observados, para rendimento de grãos, valores de depressão por endogamia de 20% a 66% entre os híbridos e de 42% a 62% entre as populações. Foi ressaltado que as populações apresentaram tendência de valores relativamente altos de endogamia devido, em parte, à pouca seleção realizada nestes genótipos.

Maldonado e Miranda Filho (2002) avaliaram diferentes subpopulações de milho com o objetivo de estudar o efeito da endogamia em caracteres quantitativos, como consequência da redução do tamanho da população. Constataram que a depressão por endogamia esperada para 50% de homozigose foi baixa, podendo ser devida à pouca exposição da carga genética potencial sendo uma consequência de baixos níveis de homozigose resultante da baixa endogamia em populações de tamanho reduzido. Por outro lado, em progênies S_1 , obtidas por autofecundação, a exposição da carga genética devido a genes recessivos de efeitos letais ou deletérios, foi muito maior que nas subpopulações de tamanho reduzido.

Simon et al. (2004) utilizando oito populações S_0 de milho-pipoca com o objetivo de obter estimativas de depressão por endogamia. As gerações S_1 , juntamente com as populações S_0 , foram avaliadas em dois anos e apresentaram estimativas de depressão por endogamia que variaram de 5,38% a 58,80%. Outro trabalho semelhante com milho pipoca foi publicado por Scapim et al. (2006), onde encontraram valores de depressão para rendimento de grãos entre 10,5% e 45,2 %. Em ambos os casos os valores estiveram de acordo com os obtidos por Hallauer e Miranda Filho (1988) com milho comum.

De um modo o que se pode constatar que os níveis de depressão por endogamia variam entre as populações de mesma espécie devido às diferenças nas frequências alélicas, nos níveis de dominância existentes entre os diferentes caracteres, e no grau de parentesco entre os indivíduos da população. Logo, populações menos sensíveis à depressão por endogamia podem ser selecionadas como fonte potencial para a extração de linhagens, e as que apresentam uma alta taxa de depressão podem ser direcionadas a programas de seleção recorrente de modo a reduzir a frequência dos alelos deletérios. Deve ser ressaltado, ainda, que a depressão por endogamia também varia dentro das populações, isto é, os genótipos de uma população apresentam diferentes valores fenotípicos médios sob endogamia.

2.2. Material e Métodos

2.2.1. Materiais

Para os estudos de variabilidade genética foram utilizados diferentes conjuntos de famílias S_1 (quadro 1), provenientes de sete populações de milho pertencentes ao programa de melhoramento genético de milho do Departamento de Genética da ESALQ, e como testemunhas foram utilizadas as populações base de cada experimento e a cultivar DKB 390, híbrido simples, de grãos semiduros amarelos-alaranjados da empresa Dekalb/Monsanto. As famílias S_1 foram obtidas durante a safra 2004/2005 no campo experimental da ESALQ (MIRANDA FILHO¹, comunicação pessoal).

O número de progênies S_1 utilizadas no presente estudo variou de 40 (GO-D) a 90 progênies (GO-S), onde os tamanhos reduzidos estão ligados ao fato de ter sido praticada seleção visando arquitetura de plantas e outras variáveis como tolerância a doenças, empalhamento da espiga, acamamento e quebramento de plantas que levou a redução no número final de progênies que seguiram para avaliação. Para os estudos de ganho de seleção e, posteriormente, recombinação das progênies selecionadas para se completar o ciclo de seleção, foi fixado o número final de 20 progênies por população (Weyhrich et al., 1998a, 1998b).

Quadro 1 - Tamanho N das famílias S_1 avaliadas durante a safra 2005/2006

População	N (S_1)	População	N (S_1)
GO-S	90	GO-L	70
G3	50	GO-D	40
G4	50	GO-F	75
GO-G	80		

¹ MIRANDA FILHO, J.B. Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo, Docente, Departamento de Genética.

Para os estudos de depressão por endogamia foram utilizadas as mesmas sete populações de milho (S_0), juntamente com as respectivas amostras de famílias S_1 e S_2 , mais as testemunhas IPR 114, variedade comercial de polinização aberta, de grãos semi-dentados amarelos, do Instituto Agrônomo do Paraná, e P30R50, híbrido simples, de grãos semi-duros amarelos da empresa Pioneer, perfazendo um total de 23 tratamentos. As características das populações são apresentadas a seguir:

GO-S: Material submetido à seleção recorrente a partir do sintético Suwan, sendo este originalmente introduzido da Tailândia e melhorado pela EMBRAPA – Centro Nacional de Milho e Sorgo, denominado comercialmente como variedade BR 105.

G3 e G4: Populações sintetizadas a partir do intercruzamento de 5 populações, em cada uma, após seleção para capacidade de combinação e padrão heterótico com base nos dados de avaliação de cruzamento dialélico completo entre 28 populações (Santos et al. 1994; Nass e Miranda Filho, 1999).

GO-G, GO-L, GO-D e GO-F: Populações obtidas por meio de seleção em experimentos envolvendo avaliações de famílias de meios-irmãos, irmãos germanos, híbridos provenientes de *testcrosses* e cruzamentos envolvendo linhagens S_1 (Rio Verde-GO, ano 1994/95), com base no aspecto visual para espigas grossas, espigas longas, grãos dentados e grãos duros, respectivamente (Silva, 2001).

2.2.2. Métodos

2.2.2.1. Instalação dos experimentos

Os ensaios para os estudos de variabilidade genética, utilizando-se as famílias S_1 , foram distribuídos em 11 experimentos sob delineamento de blocos ao acaso com duas repetições, onde a parcela útil foi representada por uma linha de cinco metros de comprimento espaçadas 80 cm entre linhas e 20 cm entre plantas. As testemunhas utilizadas foram as populações base de cada experimento e o híbrido DKB 390, intercalados a cada 10 parcelas.

Para a avaliação de depressão por endogamia o delineamento utilizado foi o de blocos ao acaso com parcelas subdivididas. As gerações de autofecundação foram

alocadas nas parcelas e as populações dentro das gerações, nas subparcelas. O total de 23 tratamentos, dos quais sete foram os ciclos S_0 das populações GO-S, GO-G, GO-L, GO-D, GO-F, G3 e G4, sete amostras de famílias S_1 e sete amostras de famílias S_2 provenientes das mesmas populações. As testemunhas utilizadas foram a variedade IPR 114 e o híbrido simples P30R50. Os ensaios foram distribuídos nas localidades de Londrina, no Instituto Agrônomo do Paraná, e Piracicaba, na área experimental da ESALQ, durante o ano agrícola 2006/2007. A parcela útil foi composta por duas linhas de 5 metros de comprimento espaçadas 80 cm entre linhas e 5 plantas por metro linear, de modo a atingir um estande final equivalente a $62.500 \text{ plantas.ha}^{-1}$. Os tratos culturais foram realizados de acordo com o recomendado para o sistema de produção de cada localidade.

2.2.2.2. Coleta de dados

Os dados coletados, tanto para o estudo de variabilidade genética, quanto para o estudo de depressão por endogamia referem-se às variáveis:

Altura de Planta (AP) e Altura de espiga (AE) - medidas em cm, tomada na média de cinco plantas ao acaso no meio da parcela.

Comprimento de espigas (CE) e Diâmetros de espigas (DE) – medidas em cm, tomada na média de cinco espigas colhidas ao acaso no meio da parcela.

Para os estudos de depressão por endogamia foi considerada a variável peso de grãos como referência de produtividade; já para o estudo de variabilidade genética, em virtude de problemas com maquinário, a referência foi a variável peso de espigas despalhadas. Em ambos os casos os dados foram ajustados para os estandes iniciais através do método de covariância (Miranda Filho *op. cit.* Vencovsky e Barriga, 1992), sendo de 25 plantas para o estudo de variabilidade e de 50 plantas para o estudo de depressão de endogamia. A variável Peso de grãos (PG) foi corrigida para kg.ha^{-1} , a 13,5% de umidade conforme as eq. (1) e (2):

$$PG = \left[PG_{\text{original}} \times \left(\frac{100 - UD}{86,5} \right) \right] \times \left(\frac{10}{\text{Área Útil}} \right), \text{ onde} \quad (1)$$

PG: Peso de grãos corrigido para kg.ha^{-1} , padronizado a 13,5% de umidade.

$\text{PG}_{\text{original}}$: Peso de grãos colhidos na parcela experimental

UD: umidade de grãos

$$\text{Área Útil} = \text{CL} \times \text{EeL} \times \text{NL} \quad (2)$$

CL: comprimento da linha (metros); EeL: Espaçamento entre linhas (metros); NL: Número de linhas que correspondem a parcela útil

2.2.2.3. Análises estatísticas

2.2.2.3.1. Estudo de variabilidade genética - análises individuais

Para os estudos de variabilidade genética, o modelo utilizado será o de blocos casualizados (Tabela 1), adotando-se o seguinte modelo matemático: $Y_{ij} = \mu + t_i + b_j + e_{ij}$, onde Y_{ij} é a observação referente ao tratamento i no bloco j ; μ é a média geral das observações; t_i é o efeito de tratamentos (Famílias S_1); b_j é o efeito de blocos e e_{ij} é o erro experimental (Barbin, 2003; Pimentel Gomes, 1977).

Tabela 1 - Esquema do resultado de análise de variância individual e esperanças de quadrados médios para modelo em blocos ao acaso

F.V.	G.L.	Q.M.	E(Q.M.)
Repetições	J-1	QMB	-----
Famílias S_1	I-1	QMF	$\sigma^2 + r\sigma_{s_1}^2$
Erro	(J-1)(I-1)	QMR	σ^2

$$CV\% = 100 \frac{\sqrt{QMR}}{\mu}$$

μ = média geral

2.2.2.3.1.1. Parâmetros genéticos

As estimativas de variância genotípica foram obtidas pela eq. (3):

$$\hat{\sigma}_G^2 = \frac{(QMF - QMR)}{J} \quad (3)$$

em que $\hat{\sigma}_G^2$ é a estimativa da variância genotípica entre famílias S_1 , onde os componentes que a definem são $\sigma_A^2 + \frac{1}{4}\sigma_D^2 + D_1 + \frac{1}{8}D_2$, sendo σ_A^2 : variância genética aditiva, σ_D^2 : variância genética dominante; D_1 : covariância entre os efeitos aditivos e dominantes nos homozigotos, podendo ser positiva ou negativa; D_2 : variância dos efeitos de dominância nos homozigotos (Harris, 1964; Cockerham, 1983).

A herdabilidade, no sentido amplo, ao nível de médias ($h_{\bar{x}}^2$), resposta à seleção praticada em 20 famílias S_1 de cada população ($GS_{20 \text{ fam.}}$), e ganhos com a seleção em valores percentuais, (GS%) foram calculadas conforme as eq. (4) (5) e (6), como apresentado por Vencovsky e Barriga (1992).

$$h_{\bar{x}}^2 = \frac{\hat{\sigma}_G^2}{\hat{\sigma}_F^2} \quad (4)$$

em que $h_{\bar{x}}^2$ é a herdabilidade calculada ao nível de médias; $\hat{\sigma}_G^2$, variância genotípica entre famílias; $\hat{\sigma}_F^2$, variância fenotípica entre médias de famílias.

$$GS = (\bar{X}_s - \bar{X}_o) \cdot h_{\bar{x}}^2 \quad (5)$$

em que GS é o ganho com a seleção praticada nas 20 melhores famílias avaliadas das 7 populações; $\bar{X}_s$ é a média das famílias selecionadas, $\bar{X}_o$ é a média de todas as famílias avaliadas; $h_{\bar{x}}^2$ é a herdabilidade do caráter avaliado.

$$GS\% = \left(\frac{GS}{\bar{X}_o} \right) \times 100 \quad (6)$$

onde GS% é o ganho com a seleção em valores percentuais.

Ainda, foram estimados os coeficientes de variação ambiental ($CV_e\%$) e o coeficiente de variação genético ($CV_g\%$) segundo as eq. (7) e (8).

$$CV_e\% = \frac{\sqrt{QMR}}{\bar{X}_o} \cdot 100 \quad (7)$$

$$CV_g\% = \frac{\sigma_g}{\bar{X}_o} \cdot 100 \quad (8)$$

2.2.2.3.2. Estudo de depressão por endogamia - análises individuais

Para os estudos de depressão por endogamia, as análises de variância individuais foram realizadas seguindo o modelo de blocos casualizados com disposição em parcelas subdivididas (Tabela 2). As gerações de autofecundação foram alocadas nas parcelas e as populações dentro das gerações, nas subparcelas. O arranjo em parcelas subdivididas foi adotado com vistas a uma redução na competição entre linhas de diferentes níveis de endogamia. O modelo matemático adotado foi: $Y_{ijk} = \mu + g_i + r_j + (gr)_{ij} + p_k + (gp)_{ik} + e_{ijk}$ (Barbin, 2003; Pimentel Gomes, 1977), em que μ é a média geral, g_i é efeito fixo de gerações, r_j é o efeito aleatório de repetições, $(gr)_{ij}$ é o erro experimental para parcelas (erro “a”), p_k é o efeito devido a diferenças entre populações, $(gp)_{ik}$ é a interação gerações x efeito de populações e e_{ijk} é o erro experimental para subparcelas (erro “b”).

Tabela 2 - Esquema do resultado de análise de variância em blocos ao acaso com arranjo em parcelas subdivididas

FV	GL	QM	F
Blocos	J-1	QM _B	QM _B /e _a
Gerações	I-1	QM _g	QM _g /e _b
Erro a	(J-1)(I-1)	QM _a	----
Populações	K-1	QM _o	QM _o /e _b
Populações x Gerações	(K-1)(I-1)	QM _{Pxg}	QM _{Pxg} /e _b
Erro b	I(K-1)(J-1)	QM _b	----

$$CV\% \text{ Gerações} = \frac{\sqrt{QMR_a}}{\mu} \times 100 \quad CV\% \text{ Populações} = \frac{\sqrt{QMR_b}}{\mu} \times 100$$

μ = média geral

2.2.2.3.3. Estudo de depressão por endogamia - análise conjunta

As análises estatísticas conjuntas seguiram o modelo fatorial triplo adaptado de Vencovsky e Barriga (1992), tendo como fixas as populações e as gerações de autofecundação, e como aleatórios os locais (Tabela 3). O modelo utilizado foi:

$$Y_{ijk} = \mu + p_i + g_j + l_q + (pg)_{ij} + (pl)_{iq} + (gl)_{jq} + (pgl)_{ijq} + b_{k(iq)} + \bar{\varepsilon}_{ijk}, \quad \text{onde } Y_{ijk}:$$

observação da i-ésima população, na j-ésima geração, no q-ésimo bloco e no k-ésimo local; μ : média geral dos ensaios; $b_{k(iq)}$: efeito do bloco k dentro da população i no local q; p_i : efeito da população i; g_j : efeito da geração de autofecundação j; l_q : efeito do local q; $(pg)_{ij}$: efeito da interação entre a população i e a geração j; $(pl)_{iq}$: efeito da interação entre a população i e o local q; $(gl)_{jq}$: efeito da interação entre a geração j e o local q; $(pgl)_{ijq}$: efeito da interação tripla entre a população i, a geração j e o local q; $\bar{\varepsilon}_{ijk}$: erro aleatório associado a observação ijqk.

Tabela 3 - Esquema do resultado de análise de variância conjunta em modelo fatorial triplo, para genótipos fixos e ambientes aleatórios. Adaptado de Vencovsky e Barriga (1992)

FV	GL	QM	F
Blocos/(Px L)	(K-1)IQ	Q1	Q1/Q9
Populações (P)	(I-1)	Q2	Q2/Q6
Gerações (G)	(J-1)	Q3	Q3/Q7
Locais (L)	(Q-1)	Q4	Q4/Q1
P x G	(I-1) x (J-1)	Q5	Q5/Q8
P x L	(I-1) x (Q-1)	Q6	Q6/Q9
G x L	(J-1) x (Q-1)	Q7	Q7/Q1
P x G x L	(I-1) x (J-1) x (Q-1)	Q8	Q8/Q9
erro	IQ x (K-1) x (J-1)	Q9	-----

$$CV_e \% = \frac{\sqrt{QMR}}{\mu} \cdot 100$$

2.2.2.3.4. Cálculos das estimativas de depressão por endogamia

Nas análises de variância as somas de quadrados para gerações dentro de populações foram decompostas por meio de regressão linear e desvios de regressão. As gerações S_0 , S_1 e S_2 foram representadas por 0, $\frac{1}{2}$ e $\frac{3}{4}$, respectivamente, como valores da variável independente. A média da população original (μ_0) e do coeficiente de regressão (β) representa os parâmetros no vetor β da equação de matriz $Y = X\beta + \varepsilon$, segundo modelo proposto por Miranda Filho et al. (no prelo):

$$Y = \begin{bmatrix} \overline{Y}_0 \\ \overline{Y}_1 \\ \overline{Y}_2 \end{bmatrix} \quad \beta = \begin{bmatrix} \mu_0 \\ \beta \end{bmatrix} \quad e \quad X = \begin{bmatrix} 1 & 0 \\ 1 & 1/2 \\ 1 & 3/4 \end{bmatrix}$$

onde $\bar{Y}_0$, $\bar{Y}_1$ e $\bar{Y}_2$ são as médias observadas (com base no número de repetições) da população original (S_0) e amostras de famílias S_1 e S_2 , respectivamente.

A solução dos mínimos quadrados a partir do sistema de equações de matriz, $\hat{\beta} = (X'X)^{-1}X'Y$, e os parâmetros são estimados através das eq. (17) e (18):

$$\hat{\mu}_0 = \frac{1}{14}(13T_1 - 20T_2) \quad (17)$$

$$\hat{\beta} = \frac{2}{7}(12T_2 - 5T_1) \quad (18)$$

onde:

$$T_1 = \bar{Y}_0 + \bar{Y}_1 + \bar{Y}_2$$

$$T_2 = \frac{1}{2}\bar{Y}_1 + \frac{3}{4}\bar{Y}_2$$

O coeficiente de regressão linear (β) é a mudança esperada na média da população para uma unidade de mudança no nível de homozigose. A unidade na variável independente representa 100% de homozigose, enquanto que $\beta/2$ e $\beta/4$ representam mudanças na média da população para 50% e 25% de aumento na homozigose, respectivamente; e $\beta/100$ representa a depressão por endogamia esperada para 1% de mudança na homozigose (Miranda Filho et al., no prelo).

Com relação ao modelo aditivo-dominante, a média da população não endógama pode ser representada por $Y_0 = \mu^* + a^* + d^*$, onde μ^* é a média geral entre homozigotos, a^* é a contribuição geral (desvios de μ^*) dos homozigotos e d^* a contribuição dos heterozigotos (Vencovsky e Barriga, 1992; Lima et al., 1984).

Quanto à endogamia, para qualquer valor de F (Coeficiente de endogamia de Wright), a média da população endógama é representada por $Y_s = \mu^* + a^* + (1-F)d^*$. Para a completa homozigose ($F = 1$), o modelo se reduz para $Y_\infty = \mu^* + a^*$, sendo a

média esperada de uma amostra aleatória de linhagens totalmente endógamas extraídas de uma determinada população base.

Para uma melhor visualização dos níveis de decréscimo das médias em função do aumento da homozigose, foram realizados testes de separação de médias pelo método de Tukey a 5% de probabilidade. Um dos testes foi realizado para as médias das populações dentro de cada nível de endogamia, e outro para as médias dos níveis de endogamia dentro de cada população.

2.3. Resultados e Discussão

2.3.1. Estudo de variabilidade genética

2.3.1.1. Análises de variância individuais

Com base nos resultados das análises de variâncias individuais das sete populações (Tabelas 4 a 10), pôde ser verificado que estas apresentaram significância ao nível de 1% pelo teste F, para a fonte de variação progênies, com relação aos cinco caracteres avaliados nos estudo.

Os coeficientes de variação experimental ($CV_e\%$), para a variável AP ficaram compreendidos entre um valor mínimo de 4,00 % (GO-G, Tabela 7), e um valor máximo de 5,96% (G4, Tabela 9). A variável AE apresentou valores entre 4,69% (GO-F, Tabela 5) e 9,33% (G4). Os valores para PE ficaram dentro de um intervalo delimitado por um mínimo de 8,40% (GO-S, Tabela 10) e um máximo de 10,20% (GO-D, Tabela 4). CE e DE apresentaram como valores mínimos 4,37% (GO-S) e 2,35% (G3, Tabela 8), e valores máximos 6,34% (GO-G) e 4,09% (GO-L, Tabela 6), respectivamente. Segundo as classificações propostas por Pimentel Gomes (1977) e Scapim et al. (1995), de uma maneira geral, os CVs refletiram a alta precisão experimental.

As médias (Tabela 11) das populações originais ficaram compreendidas entre 11232 kg.ha⁻¹ (GO-L) a 12784 kg.ha⁻¹ (G3). A produtividade da testemunha oscilou entre os experimentos de 12969 a 14815 kg.ha⁻¹. As progênies S₁ de G4 foram as que apresentaram o maior valor percentual em relação à produtividade da testemunha DKB 390 (52,8%).

Analisando as médias das progênies S₁, em relação às médias das populações originais, observa-se que para a variável PE ocorrem decréscimos de produtividade que variam de 37,5% para a população G4, à 48% para população G3, sendo a média dessas quedas oscilando em torno de 43,5%. Diversos trabalhos apresentam, em valores médios, efeitos de depressão por endogamia para rendimento de grãos variando de 37,5% a 68% (Mota, 1974; Vianna et al., 1982; Gama et al., 1985; Miranda

Filho e Meireles, 1986; Nass e Miranda Filho 1995; Packer 1998; Simon, 2004), e para peso de espiga em torno de 44% (Nass e Miranda Filho, 1995).

Levando-se em consideração que a testemunha DKB 390 é um híbrido simples com elevado potencial produtivo, pode-se constatar que as populações e os compostos utilizados no presente estudo, de um modo geral, apresentam altas produtividades.

2.3.1.2. Estimativas de parâmetros genéticos

Através dos parâmetros estimados (Tabelas 12 a 16), com relação a variável AP, pôde ser verificado que a população G4 apresentou, em termos de variância fenotípica e genotípica ($\hat{\sigma}_F^2$ e $\hat{\sigma}_G^2$, respectivamente), os maiores valores quando comparados aos das demais populações (Tabela 12). Os valores dos coeficientes de variação genéticos ($CV_g\%$), que serve como indicativo do percentual de variabilidade genética existente na média da população, ficaram compreendidos dentro de um intervalo de 3,99% (G3) a 6,51% (G4).

O quociente entre CV_g e CV_e (índice b), representa uma informação a mais para o melhorista com relação à seleção de progênies (Vencovsky, 1987). Como exemplo, pode-se mencionar a utilização do índice em estudos com progênies de meios irmãos onde, Vencovsky e Barriga (1992), sugerem que valores acima de 1,0 indicam uma situação muito favorável para seleção. No caso de progênies S_1 , não há estudos que permitam estabelecer um valor de referência, no que diz respeito a situação ser favorável ou não à seleção, sendo assim, foi considerado o mesmo valor de referência para meios irmãos.

Para a variável AP apenas a população G3 apresentou índice b abaixo de 1,0 (0,83), as demais apresentaram valores entre 1,02 (GO-D) e 1,53 (GO-G). No entanto, os valores máximos das médias das populações originais, bem como nos conjuntos de progênies S_1 , verificados, ambos para a população G3 (247 e 213 cm, respectivamente) foram considerados baixos, não sendo realmente necessário ser dado uma ênfase maior em uma seleção para a redução desta variável, nas populações avaliadas.

Com relação às estimativas de herdabilidade média (h_x^2) para AP, foram verificados valores entre 0,58 (G3) a 0,82 (GO-G). Os valores ficaram acima dos

encontrados por Pinto et al. (2000) para amostras de 25, 50, 75 e 100 progênies, e próximos aos de Franchini et al. (1998). Nájera e Moreno (2004), avaliando famílias S_1 em solos ácidos constataram que houve uma redução no porte da planta e inserção da espiga sendo que as estimativas de h^2_x nessas variáveis foram consideradas altas, podendo este fato ser atribuído aos efeitos aditivos que atuaram no comportamento das populações, e uma outra possível explicação poderia estar ligada ao CV_e , uma vez que em solos ácidos existe uma grande variação na área experimental, que ocasiona a obtenção de erros experimentais elevados.

Os maiores valores para os dados referentes a $\hat{\sigma}^2_F$ e $\hat{\sigma}^2_G$, com relação a variável AE (Tabela 13), foram verificados para a populações G4 (158,56) e GO-G (116,03). A população GO-G ainda apresentou o maior valor para CV_g (9,65%). A maior relação entre CV_g e CV_e foi verificada para a população GO-F. A população GO-D (Tabela 13) apresentou os menores valores para $\hat{\sigma}^2_F$, $\hat{\sigma}^2_G$, CV_g e b indicando ser a população com menor variabilidade para AE dentre as sete estudadas.

Outra característica marcante da população GO-D está relacionada à variável PE, onde esta veio a apresentar os maiores valores para $\hat{\sigma}^2_F$ e $\hat{\sigma}^2_G$, bem como para CV_g (28,27%) e para o índice b (2,77). No que diz respeito às estimativas de CV_g e índice b, de um modo geral, foram verificados valores elevados para as sete populações em estudo. Os menores valores para CV_g e índice b foram, ambos, verificados para a população G3 (18,28%; 2,03), não deixando de serem expressivos. As menores estimativas para os valores $\hat{\sigma}^2_F$ e $\hat{\sigma}^2_G$ foram apresentados pela população GO-F. Os valores para h^2_x oscilaram entre 0,89 (G3) a 0,94 (GO-D e GO-S). Daros et al. (2004) trabalhando com 222 famílias S_1 de milho pipoca encontrou valores de h^2_x % para peso de grãos de 84,15%. Packer (1998) obteve valores de herdabilidade entre 54,4 e 65,3% para progênies de irmãos germanos, e 68,96 e 85,67% para progênies S_1 obtidas de quatro populações. Ressalta-se, assim, o aumento médio que surge na variabilidade genética devido ao aumento da endogamia (Rodriguez e Hallauer, 1991; Edwards e Lamkey, 2002), podendo implicar em um aumento no progresso esperado por ciclo de seleção (Paterniani e Miranda Filho, 1987). Com base nos resultados encontrados para

PE pode-se considerar que as sete populações apresentam variabilidade suficiente para ser explorada em programas de seleção recorrente.

No tocante à variável CE (Tabela 15), verificaram-se para $\hat{\sigma}_F^2$ e $\hat{\sigma}_G^2$, baixas amplitudes entre os menores e os maiores valores, bem como para CV_g (G3 e GO-F, respectivamente). A população GO-F apresentou, ao lado da população GO-S a maiores estimativas de $h_{\bar{X}}^2$ (0,88), e a população GO-G o menor valor $h_{\bar{X}}^2$ para DE (0,77). Os índices b das sete populações ficaram acima de 1,0, indicando, teoricamente, uma situação favorável à seleção para esta variável.

Os menores valores para DE (Tabela 16), foram verificados para as populações G3 e G4 com relação às $\hat{\sigma}_F^2$ e $\hat{\sigma}_G^2$, respectivamente. A população GO-G apresentou os maiores valores para estes parâmetros, bem como o maior valor para CV_g (6,71%). As estimativas de $h_{\bar{X}}^2$ estiveram dentro de um intervalo de 0,75 (G4) a 0,92 (GO-D). Os índices b, assim como as demais variáveis, apresentaram valores acima de 1,0.

De um modo geral as sete populações apresentaram variabilidade suficiente para ser explorada nos programas de melhoramento genético, com relação às variáveis AP, AE e PE. Para as variáveis CE e DE, os valores apresentados pelas estimativas de $\hat{\sigma}_F^2$ e $\hat{\sigma}_G^2$, não foram considerados elevados, apesar do índice b apresentar valores acima de 1,0. Este fato pode estar ligado a valores baixos de CV_e , e não propriamente dito a uma alta variabilidade genética para estas variáveis.

Porém, deve ser levado em consideração, as magnitudes das correlações genéticas existentes entre estas variáveis, bem como as respostas que serão obtidas através de um sistema de seleção direta sobre uma determinada variável, ou mesmo respostas em caracteres complexos, como PE, por meio de seleção indireta sobre uma variável secundária, preferencialmente de alta herdabilidade.

2.3.1.3. Ganhos esperados com a seleção

No que se refere aos ganhos esperados, em relação as variáveis AP e AE, foram realizadas duas seleções para verificação dos efeitos destas em outras variáveis. Na primeira situação foi realizada uma seleção para redução de porte e inserção de espiga,

a outra, uma seleção para valores positivos destas variáveis. Quanto as variáveis PE, CE e DE as seleções foram praticadas com ênfase no aumento do valor médio. Os efeitos de seleção direta sobre as variáveis em estudo foram calculados pelos ganhos de seleção nas unidades trabalhadas (GS) e em valores percentuais (GS%). Os efeitos indiretos nas demais variáveis foram calculados pelo diferencial de seleção (ds), uma vez que este serve como indicativo da magnitude do aumento ou decréscimo no valor médio de uma dada variável, em função da seleção praticada.

Estimativas do coeficiente de herdabilidade geralmente são úteis para fazer inferências sobre o progresso por seleção. No presente estudo as estimativas de $h^2_{\bar{X}}$ devem resultar em distorções em relação ao progresso esperado por seleção (GS). Isto se deve ao fato de que $h^2_{\bar{X}}$ é função não somente do componente σ_A^2 , a variância que está diretamente relacionada com GS; os demais componentes da σ_G^2 , representada por σ_D^2 , D_1 e D_2 , podem resultar em desvios imprevisíveis em GS. Os componentes σ_D^2 e D_2 são variâncias que dependem do grau de dominância, de modo que o GS para caracteres que apresentem pouca dominância, como altura de plantas e espigas, são pouco afetados, ao contrário de peso de espigas que apresenta forte grau de dominância. O componente D_1 é uma covariância de efeitos genéticos e, como tal, pode ser positiva ou negativa resultando em desvios positivos ou negativos nas estimativas de GS.

Com base na tabela 24 é possível verificar que a seleção direta para redução nos valores médios de AP e AE acarretou, de um modo geral, em redução nos ds das demais variáveis (Tabelas 17 a 23), sendo mais evidenciada para a PE, onde os diferenciais oscilaram entre -117 (GO-S) a -607 kg.ha⁻¹ (GO-L) quando a seleção direta foi praticada sobre a variável AP, e -158 (GO-S) a -903 kg.ha⁻¹ (GO-D), quando a seleção incidiu sobre AE.

Dados da literatura ressaltam a ocorrência de correlações genotípicas positivas e significativas, entre as variáveis AP e peso de grãos, assim como AE e peso de grãos (Moraes,1989; Araújo,1992), podendo ser esta a causa da redução acentuada em PE quando praticada a seleção direta sobre AP e AE.

Josephson e Kincer (1977), em um estudo de seleção tendo como objetivo a redução da posição relativa da espiga (PRE) em dois sintéticos de milho, observaram que ao longo dos ciclos, a redução de PRE foi acompanhada pela redução em peso de grãos. Fischer et al. (1987), em um estudo semelhante, porém, selecionando também para uma menor área foliar acima da espiga, obtiveram progressos tanto nas variáveis em seleção como também para peso de grãos.

No presente caso pode-se observar que, quando a seleção é praticada diretamente sobre a variável PE, os ds para a variável AP ficam compreendidos entre um mínimo de 1,94 cm (GO-F) e um máximo de 7,50 cm (G4), e para a variável AE estes valores oscilam entre 1,55 cm (GO-F) e 7,47 cm (GO-L), ou seja os ganhos em PE entre 16,38% (G3) e 29,08% (GO-S), não implicam em aumentos substanciais em termos de porte e inserção de espiga para uma seleção de 20 progênies, ou seja, estas progênies selecionadas apresentam pequena amplitude de variação para as variáveis AP e AE.

Os elevados ganhos porcentuais para PE, bem como os altos valores para $\hat{\sigma}_G^2$, h_X^2 , $CV_g\%$ e índice b, eram esperados uma vez que, ao se trabalhar com progênies S_1 , expõe-se grande parte da chamada variabilidade genética latente, presente dentro dos blocos poligênicos (Ramalho, 1977), aumentando-se, assim, a estimativa da $\hat{\sigma}_G^2$ (Rodriguez e Hallauer, 1991; Edwards e Lamkey, 2002). No caso da utilização de populações não endógamas, como meios irmãos ou irmãos germanos, os decréscimos acentuados que ocorrem na variância genética aditiva do ciclo 0 para o ciclo I são explicados pela utilização da variabilidade livre existente no ciclo 0, e a tendência desta estimativa de variabilidade permanecer constante do ciclo I para o ciclo II, verificada em diversas populações (Ramalho, 1977; Aguiar, 1986; Pacheco, 1987; Carvalho et al., 1994, 1995, 1998a, 1998b), é explicada pela variabilidade latente, que é liberada de forma gradativa ao longo dos ciclos de seleção, através da permuta genética (Ramalho, 1977).

Em relação a variável CE foram observados ganhos (Tabela 24), em valores absolutos entre 0,91 cm (GS%=5,87; GO-D) a 1,68 cm (GS%=11,21; GO-S), onde, dentro desta amplitude de variação os ds em PE ficaram compreendidos entre 381

kg.ha⁻¹ (G4) e 934 kg.ha⁻¹ (GO-S). A existência de correlações positivas entre as variáveis peso de grãos e CE (Carpentieri-Pipolo et al., 2002; Cavallet et al., 2000), explica os ganhos indiretos na variável peso de espigas em razão da seleção praticada em CE, no entanto esses ganhos estão bem abaixo daqueles atingidos quando a seleção foi praticada diretamente sobre PE, refletindo em ganhos tanto para a variável CE quanto DE. Para a variável DE os ganhos diretos ficaram compreendidos, em valores absolutos, entre um mínimo de 0,16 cm (GS%=3,79; G4) e um máximo de 0,36 cm (GS%=8,29; GO-G) e os indiretos em PE pelos ds (Tabelas 17 a 23) ficaram entre 359 kg.ha⁻¹ (G3) e 850 kg.ha⁻¹ (GO-G).

Santos et al. (2005) em seus trabalhos com milho verde, nos quais os caracteres CE e DE apresentam grande importância para a comercialização, verificaram a existência de correlações simples positivas entre essas variáveis. No entanto quando se analisa as correlações parciais, onde exclui-se os efeitos das demais variáveis sobre as duas nas quais está se avaliando (Cruz et al., 2004), constataram que existe uma correlação negativa entre essas variáveis o que pode explicar os ganhos percentuais negativos, mesmo de baixa magnitude, em DE, com seleção praticada em CE, para as populações GO-F (-0,42%), GO-L (-0,06%) e GO-G (-0,36%), e ganhos negativos em CE com seleção em DE para a população G3 (-0,77%).

2.3.2. Estudo de depressão por endogamia

2.3.2.1. Análises de variância e estudos das médias

Os resultados das análises de variância individuais e conjunta (Tabelas 25, 26 e 27) indicam diferenças significativas ($P < 0,01$) pelo teste F em relação a fonte de variação (FV) Gerações (G) para as cinco variáveis, sendo que somente para a variável CE na análise conjunta a significância foi detectada ao nível de 5%. Para a FV Populações (P) pode ser considerado que com relação à variável peso de grãos (PG), houve diferenças altamente significativas ($P < 0,01$), tanto nas análises individuais quanto na conjunta, indicando que as populações utilizadas apresentaram respostas diferenciadas quanto aos seus potenciais produtivos.

Para a análise conjunta (Tabela 27), ainda pôde ser verificado que o efeito das interações P_xL e G_xL, para esta variável, foram significativas ($P < 0,01$), ou seja, houve diferenças substanciais nas produtividades médias entre os locais onde foram alocados os ensaios, tanto entre populações, quanto entre os níveis de endogamia. Para o efeito de interação P_xG foi constatado nas análises individuais diferenças ao nível de 5% pelo teste F, porém quando se verifica a análise conjunta, esta diferença é detectada ao nível de 1%. Esta diferença quanto ao nível de detecção pode ser devida ao efeito de locais, no entanto a magnitude das respostas não foi alta o suficiente para que fosse possível detectar uma interação tripla P_xG_xL, evidenciando que as intensidades de depressão por endogamia comportaram-se de modo semelhante entre as populações, nas duas localidades, permitindo que o foco das discussões nas estimativas dos valores de depressão por endogamia fosse mais direcionado para a relação média dos locais. Ainda, para a FV Locais, verifica-se que as variáveis AE e DE não apresentaram diferenças significativas ($P > 0,05$) enquanto para AP e PG essas diferenças se concentraram ao nível de 1% e para CE ao nível de 5%.

Por meio dos coeficientes de variação experimental para Gerações (CV_a), Populações (CV_b) e para análise conjunta (CV_e), considerando as classificações propostas por Scapim et al. (1995) e Pimentel Gomes (1977), pôde-se constatar uma alta precisão do experimentos em razão dos baixos CVs para as cinco variáveis utilizadas no presente estudo. A variável PG apresentou valores de 6,59% a 17,13% nas análises individuais e seriam classificados como baixo e alto. Essa diferença ocorreu devido a uma mancha de solo localizada na área do ensaio em Piracicaba que atingiu partes da segunda e terceira repetições, o que culminou em falhas consideráveis em algumas parcelas experimentais onde, mesmo após a realização de correções e, em determinados casos, a predição de dados, acabou por refletir em altos $CV_a\%$ (17,13%) e $CV_b\%$ (11,42%). Em Londrina os valores obtidos para os CVs% refletiram a alta precisão experimental, o que contribuiu para que o $CV_e\%$ da análise conjunta apresentasse um valor reduzido (10,15%).

As médias das 5 variáveis analisadas, mais o índice de inserção de espiga, porcentuais de acamamento e quebramento de plantas e prolificidade, para os ensaios individuais e a média das duas localidades encontram-se nas tabelas 28 a 30. Pôde-se

constatar no ensaio de Londrina (Tabela 28) que apesar de apresentar uma alta precisão experimental, o índice médio de quebramento de plantas, em valores percentuais (QB%) foi mais elevado (14%) se comparado a localidade de Piracicaba (2%) (Tabela 29). Este fato pode estar ligado aos ventos que atingiram a área onde foi instalado o experimento durante a safra 2006/2007, em meados do mês janeiro, classificados como brando a moderados, com algumas rajadas classificadas como moderadas a fortes (SGA-IAPAR, 2007). Nesta época, as plantas se apresentavam na fase final de enchimento de grãos (R5) e próximos da maturidade fisiológica (R6), onde o colmo encontra-se mais frágil em razão do deslocamento de N e P das partes vegetativas para espigas e acúmulo de amido na formação dos grãos “bolha” que se iniciaram em R2 (Magalhães e Durães, 2006).

Analisando-se as médias por um panorama geral, através dos valores para as 5 variáveis obtidos dentro de cada nível de endogamia e pelas testemunhas (Tabelas 28 a 30), pôde ser verificado que houveram decréscimos, quer seja de maiores ou menores magnitudes, dos valores obtidos para as populações originais (S_0) em relação aos seus conjuntos de progênie S_1 (50% de endogamia) e S_2 (75% de endogamia), tanto nas análises individuais quanto na análise conjunta, concordando com o que é encontrado frequentemente na literatura. As médias obtidas pelo híbrido simples (HS) P 30R50, em relação a PG, foram as mais elevadas, tanto nas médias por local (Tabelas 28 e 29), quanto na médias entre os locais (Tabela 30), sendo que o segundo colocado (G4) obteve uma produtividade 15,3% (8267 kg.ha^{-1}) abaixo de P 30R50 (9756 kg.ha^{-1}) na média entre locais.

Quando são analisadas as médias tomando como referencial a variedade comercial IPR-114, é possível observar que as populações G4 e G3 apresentaram produtividades médias, em valores absolutos, acima de IPR-114 com 8267 e 8219 kg.ha^{-1} , respectivamente, o que as posicionou nas segunda e terceira colocação no ranqueamento, ficando à frente da variedade comercial, além de apresentarem porte de planta e inserção de espiga dentro dos padrões comerciais, assim como uma boa relação altura de espiga / altura de planta. Porém devem ser ressaltados os percentuais de quebramento de plantas, considerados elevados, tanto em Londrina (G4=17%; G3=20%), quanto na média dos locais (G4=9%; G3=10%), sendo que IPR-114

apresentou percentuais de quebramento abaixo da média entre locais e dentro de cada local de avaliação. Outro fato está relacionado às médias de produtividade de G4, G3 e IPR-114, onde estas não apresentaram diferenças estatísticas significativas, pelo teste de Tukey a 5% de probabilidade, em quaisquer dos casos (Tabelas 28, 29 e 30).

Em termos de índice de relação AE/AP (IND) e prolificidade (PRO), nota-se que os materiais avaliados apresentaram valores próximos de 0,5 para IND e 1 para PRO, indicando que as espigas estarão situadas na metade das plantas, produzindo 1 espiga por plantas, em média.

As médias gerais entre as localidades (Tabela 30), para as variáveis CE e DE foram de 4,30 cm e 15,8 cm, respectivamente, onde os maiores valores para diâmetro e comprimento de espiga foram obtidos pela variedade IPR-114 (4,82 cm) e a população GO-L-S₀ (18,3 cm). Um ponto que deve ser ressaltado em relação a CE diz respeito a obtenção da população GO-L-S₀, obtida a partir de avaliações e inter cruzamento de diferentes famílias seguido de seleção visual para espigas que apresentassem um comprimento mais acentuado, o que refletiu não só na população original com espigas mais longas mas, também, nas progênies S₁ e S₂ que apresentaram os maiores valores dentro dos seus respectivos conjuntos, com 16,1 cm para GO-L-S₁, 14,7 cm para GO-L-S₂.

O mesmo tipo de seleção foi aplicado para a variável DE, resultando na obtenção da população GO-G-S₀, porém o maior valor observado dentre as populações experimentais foi para G3-S₀ com 4,67 cm. Para o conjunto de progênies S₁ o maior valor foi o de GO-S-S₁ (4,40 cm), e para o conjunto de progênies S₂, o maior valor foi obtido por G3-S₂ com 4,13 cm.

Nas duas situações de seleção é possível observar que as populações originais (S₀) apresentaram produtividades abaixo de 8100 kg.ha⁻¹, tomando-se como referência o valor absoluto obtido pela variedade comercial IPR-114 (8189 kg.ha⁻¹); desse modo não é possível afirmar que a seleção praticada com ênfase em espigas longas (GO-L-S₀) e grossas (GO-G-S₀) tenham refletido em ganhos expressivos em termos de produtividade média, considerando ainda que as médias das populações experimentais e da variedade comercial não diferiram estatisticamente pelo teste de Tukey a 5% de probabilidade (Tabelas 28 a 30).

Para as cinco variáveis em estudo pôde ser constatado que a decomposição da FV Gerações dentro de Populações (Tabelas 31, 32 e 33) apresentou, na maioria dos casos, significância ao nível de 1% pelo teste F, para a análise conjunta, indicando que os níveis de endogamia testados, para cada uma das 7 populações, apresentaram diferenças estatísticas. Para as análises individuais foi constatado que em determinadas situações não foi possível detectar uma significância ($P > 0,05$) para as FVs G/P e β como o caso das populações GO-D e GO-S em Londrina, referente às variáveis CE e AE, respectivamente, e em Piracicaba para a população GO-G em relação às variáveis AE e DE, sendo este fato atribuído a um efeito isolado de interação entre essas populações com as localidades.

As significâncias detectadas, em sua maioria ao nível de 1%, para os coeficientes de regressão linear (β), com atenção especial à análise conjunta, indicaram que os valores médios para decréscimo destas atenderam uma escala linear, ou seja, os valores médios para as cinco variáveis em estudo são reduzidos à medida que se aumenta o nível de endogamia. Os desvios não significativos em relação a reta de regressão, com algumas exceções, indicam que há uma diferença de baixa magnitude entre os valores preditos no estudo de regressão e os valores observados, justificando desse modo a utilização deste tipo de análise em estudos de depressão por endogamia.

A diferença que ocorre na intensidade de redução das médias em razão do aumento do nível de homozigose, nas diferentes variáveis, depende dos efeitos genéticos que atuam sobre cada variável. Lima et al. (1984), citam que os efeitos de depressão por endogamia são menores para AP e AE, uma vez que os efeitos de dominância são menos expressivos quando comparados à variável rendimento de grãos, por exemplo.

Para uma comparação entre duas populações no caso em que a contribuição dos diferentes locos seja semelhante, terá maior depressão por endogamia a população com maior frequência de locos em heterozigose e, por conseguinte, uma maior liberação de variabilidade será esperada (Lima et al., 2000).

2.3.2.2. Depressão por endogamia – Altura de plantas e espigas

Com base nas tabelas 34 a 36, que mensuram os valores de depressão por endogamia para a variável AP é possível verificar que, em Londrina, as médias diferiram entre gerações (S_0 , S_1 e S_2) pelo teste de Tukey ao nível de 5%, em geral formando dois grupos. Somente no caso da população GO-S não se detectou diferença estatística. Para a FV Populações não se detectou diferença dentro dos níveis de endogamia tanto nas análises de Londrina, quanto de Piracicaba. Para a análise de Piracicaba (Tabela 35) pôde-se verificar a formação de grupos distintos entre os níveis de endogamia, sendo que G4 neste caso apresentou 3 grupos. Para a variável AE em Londrina e Piracicaba (Tabelas 37 e 38, respectivamente) não houve separação de grupos para populações dentro de gerações. Para as análises da gerações dentro de populações em Londrina ocorreu a predominância de dois grupos em Londrina, onde somente a população GO-G apresentou três grupos. Em Piracicaba predominou a formação de três grupos para GO-S, G3, GO-L e GO-F, e as demais a separação se restringiu a 2 grupos.

Nas análises conjuntas de AP e AE (Tabelas 36 e 39) houve uma separação em 2 grupos distintos entre populações somente para S_0 , enquanto que, nos conjuntos de progênies S_1 e S_2 , não foi verificada diferença estatística entre as populações para as duas variáveis. No que se refere às gerações de autofecundação para AP, com exceção de GO-S, nas demais populações predominou a formação de dois grupos, onde as populações originais diferiram estatisticamente de S_1 e S_2 , e estas por sua vez não apresentaram diferenças estatísticas ao nível testado ($P > 0,05$). Para AE as gerações de endogamia das populações G3 e GO-F foram separadas em 3 grupos, enquanto que as demais foram separadas em 2 grupos. GO-S, G4 e GO-G apresentaram um grupo formado pelas gerações S_0 e S_1 e outro pela geração S_2 . GO-L e GO-D, por sua vez, apresentaram como grupo isolado a geração S_0 , sendo que as gerações S_1 e S_2 constituíram o outro grupo.

A predominância das separações de S_0 em um grupo isolado com relação as demais gerações de autofecundação, pode ser atribuída ao salto no nível homozigose de 0 para 50% (S_0 para S_1), que conduz a uma redução brusca nos valores médios

destas variáveis, sendo de menor magnitude quando se avança de 50 para 75% no aumento da homozigose (S_1 para S_2).

Com base nos valores de depressão por endogamia total ($\beta\%$), pode-se constatar que, para a variável AP em Londrina, o maior valor foi obtido pela população GO-F (-23,83%), e o menor valor foi constatado para GO-S (-13,77%). Já em Piracicaba e na média dos locais a população com maior $\beta\%$ foi G4 (-35,81% em Piracicaba; -27,09% na média dos locais) e a que apresentou os menores valores foi GO-G (-21,17% em Piracicaba; -19,61% na média dos locais). Para a variável AE os maiores valores foram verificados para a população G3 nas 3 situações, com uma atenção especial para a média dos locais, em virtude da falta de interação tripla $P \times G \times L$, com -46,82%, enquanto que os menores valores foram obtidos por diferentes populações em cada uma das situações sendo GO-S em Londrina (-13,22%), GO-G em Piracicaba (-22,56%), e GO-D na média dos locais (-29,10%).

Para comparações diretas com outros estudos, as estimativas de $\beta/2$ são mais apropriadas uma vez que se referem a depressão por endogamia para 50% de homozigose, que é o nível esperado em um conjunto de progênies S_1 .

Para as estimativas de $\beta/2$, em relação a AP, os valores médios entre locais (Tabela 36) oscilaram entre -9,80 para GO-G, e -13,54% para G4. Estes valores ficaram próximos ao encontrados por Hallauer e Sears (1973), avaliando a depressão por endogamia no sintético Iowa Stiff Stalk (BSSS), por Nass e Miranda Filho (1995), utilizando populações semi-exóticas de milho, e Weyhrich et al. (1998b), para estimativas obtidas com amostras de 20 e 30 progênies S_1 . Os valores foram superiores aos relatados por Maldonado e Miranda Filho (2002), com poucas exceções, em seus trabalhos com populações de tamanho reduzido. Para AE os valores ficaram compreendidos em um mínimo de 14,55% para a população GO-D, e um máximo de 23,41% para G3, sendo estes valores superiores aos relatados por Weyhrich et al. (1998b) e Maldonado e Miranda Filho (2002). Contudo as amplitudes foram menores se comparadas ao valores encontrados por Simon et al. (2004) e Scapim et al. (2006) com estimativas de depressão por endogamia em milho pipoca, e superiores as amplitudes relatadas por Weyhrich et al. (1998b), com milho comum.

As médias esperadas de uma amostra ao acaso de linhagens completamente homozigotas ($\mu_0 + a$), para a variável AP, entre as 7 populações, estarão compreendidas entre um mínimo de 149 cm, obtido pela população GO-S, um valor máximo de 164 cm, para a população GO-G. Para AE, estima-se que a população G3 poderá apresentar o menor valor (61 cm), e GO-D o maior valor para esta variável (75cm).

2.3.2.3. Depressão por endogamia – Peso de grãos

Por meio das análises individuais de depressão por endogamia para PG (Tabelas 40 e 41) não foi possível detectar diferenças estatísticas entre populações dentro de cada nível de endogamia ($F=0$, $F=0,50$ e $F=0,75$).

Contudo na análise das médias entre locais (Tabela 42) observou-se que, ao contrário das variáveis AP e AE (Tabelas 36 e 39), onde foi possível se detectar uma diferença entre populações dentro de S_0 , e não em S_1 e S_2 , para PG ocorreu o inverso. As diferenças puderam ser detectadas dentro de S_1 , com a formação de dois grupos, e em S_2 com a formação de três grupos entre as populações avaliadas, e não em S_0 . Ainda, quando se analisa entre os níveis de endogamia é possível verificar a formação de 3 grupos de médias para todas as populações.

Jones (*apud* Hallauer e Miranda Filho, 1988) verificou que com 5 gerações de autofecundação a variável altura de plantas apresentou uma redução de 30% na média em relação a população original, e de 5 até 30 gerações as linhagens não apresentaram mudanças significativas no nível de redução. Já para rendimento de grãos os decréscimos devido a autofecundação em 5 gerações foram da ordem de 36% e, após 30 gerações estes decréscimos foram da ordem de 79% abaixo da população original. Constatou que regressões lineares para os decréscimos nas médias devido ao incremento de homozigose foram similares para altura de plantas e rendimento de grãos.

Jones (1939) discutiu as possíveis razões que ocorrem para as diferenças na depressão por endogamia para duas variáveis, tomando como exemplo altura de plantas e rendimento de grãos. Considerando que o nível de heterozigose seja reduzido 50%, em média, com cada autofecundação, o fato da variável altura de plantas atingir

mais rapidamente a estabilidade das médias pode estar relacionado a uma menor complexidade da herança quando comparado a rendimento de grãos. Se poucos fatores genéticos influenciam a expressão da variável AP, a homozigose pode ser alcançada com um menor número de gerações de autofecundação quando comparado a caracteres mais complexos, particularmente rendimento de grãos. Deve-se ressaltar ainda que o caráter rendimento de grãos é a última manifestação do desempenho de um determinado genótipo, que inclui a expressão dos mecanismos fisiológicos dentro de um determinado ano ou safra.

Através dos valores de endogamia total ($\beta\%$), obtido na média dos locais, é possível verificar que as populações GO-S e GO-G foram as que apresentaram os menores valores (-52,23% e -55,86%, respectivamente), enquanto que a população G4 apresentou o maior valor (-80,77%). Analisando-se o nível de endogamia esperado para os conjuntos de progênies S_1 ($\beta/2$) foi possível constatar que os valores ficaram bem abaixo dos relatados por Vianna et al. (1982), onde estes estudando 14 populações introduzidas do Cimmyt concluíram que se uma variedade sintética é resultado da combinação de linhagens, então, um menor número de genes recessivos deletérios são esperados em uma segregação resultando, conseqüentemente, em menores efeitos de endogamia. A população Suwan naquela ocasião havia apresentado os menores efeitos de depressão por endogamia, concordando com os resultados de GO-S do presente trabalho. Este fato, dentre outros, foi de grande importância na época onde, após o melhoramento da população para as condições brasileiras, culminou com o lançamento em 1987 da variedade comercial BR-105 pela atual Embrapa- Milho e Sorgo, sendo plantada extensivamente ao longo das décadas de 80 e 90, juntamente com a variedade BR-106, que ainda está presente no mercado de sementes.

Lima et al. (1984) utilizando variedades de polinização aberta, sintéticos e compostos, em seus estudos de depressão por endogamia, confirmaram a hipótese de que populações derivadas de linhagens, como no caso de GO-S, ou populações que foram submetidas à seleção contra genes deletérios, tenham uma menor carga genética se comparada a populações altamente heterozigotas que nunca foram submetidas a qualquer sistema de endogamia e, dessa forma, os genes letais ou deletérios permanecem na condição heterozigota. Ainda ressaltaram que a exposição

das populações a um alto nível de homozigose via endogamia pode ser recomendado como um meio de elevar o potencial genético dessas populações como fontes de linhagens.

Para os valores percentuais, relativos ao incremento de 1% no nível de homozigose (Tabela 42), constatou-se decréscimos de $-42,46 \text{ kg.ha}^{-1}$ (GO-S) à $-67,00 \text{ kg.ha}^{-1}$ (G4), o que equivale, considerando um estande de 62.500 plantas, para o qual fora corrigidos os dados, a $0,68$ e $1,07 \text{ gr.planta}^{-1}$, respectivamente. Estes dados estão próximos aos encontrados por Nass e Miranda Filho (1995) em seus trabalhos com populações semi-exóticas, onde os valores relatados foram de $0,71$ e $1,02 \text{ gr.planta}^{-1}$ para rendimento de grãos, e $0,85$ e $1,20 \text{ gr.planta}^{-1}$ para rendimento de espiga. Hallauer e Miranda Filho (1988) apresentaram, ainda, estimativas de $0,80$ a $1,40 \text{ gr.planta}^{-1}$ para rendimento de grãos, com uma média de $1,20 \text{ gr.planta}^{-1}$.

Para uma amostra ao acaso de linhagens completamente homozigotas (μ_0+a), os conjuntos que apresentaram as maiores médias seriam os originados das populações GO-S, com 3884 kg.ha^{-1} , e GO-L com 3441 kg.ha^{-1} . Os menores valores seriam obtidos por G4, com 1596 kg.ha^{-1} , e GO-F com 1997 kg.ha^{-1} .

Como citado anteriormente as populações G3-S₀ e G4-S₀ apresentaram, para produtividade, consideráveis desempenhos *per se*, tanto na média das duas localidades, quanto dentro de cada localidade, no entanto, apresentaram uma queda de produção de 40,01% (G3) e 39,13% (G4) de S₀ para S₁. O valor apresentado por G4 ficou próximo ao encontrado para peso de espigas no estudo de avaliação de progênies (37,5%), que foi o valor mais baixo, enquanto G3 apresentou uma depressão de 48%, sendo o maior naquele experimento. Ainda, quando se analisa de S₁ para S₂ verifica-se que a queda de produção continua acentuada para as duas populações. Ou seja, com base nesses dados, as populações G3 e G4 podem ser direcionadas mais especificamente para trabalhos de melhoramento intrapopulacional, como havia sido constatado por Silva (2001), principalmente no que se refere a uma redução nos índices de acamamento e quebramento de plantas. No entanto, segundo dados apresentados por Fuzatto (2003), os compostos G3 e G4 seriam promissores não só para fins de seleção recorrente, como, também, para programas de híbridos de linhagens, com base no fato destes pertencerem a diferentes grupos heteróticos, devido, ainda, às altas

médias e a amplitude de variação dos híbridos, obtidos a partir de 100 linhagens S_1 de cada população, testados em esquema dialélico parcial circulante interpopulacional. Desse modo é possível inferir que o melhoramento intrapopulacional pode elevar o potencial dessas populações tanto para utilização *per se*, como para extração de linhagens divergentes.

GO-S e GO-L além de apresentarem um considerável desempenho *per se* podem ser utilizadas como boas fontes para extração de linhas endogâmicas. Silva (2001), utilizando as mesmas populações do presente estudo em cruzamentos dialélicos, verificou que em três ambientes dos quatro estudados, o cruzamento GO-GxG3, e em um dos ambientes, os cruzamentos GO-LxG3, GO-FxG4 e G3xG4 foram considerados os mais divergentes para os caracteres de produção, tendo apresentado os maiores níveis de heterose média.

Segundo Miranda Filho (1999), os valores de heterose em relação à média dos pais para PG podem chegar a 20 ou até 25% na maioria dos casos em que se utilizam populações de base genética ampla e que não se tem grande influência da endogamia. O autor mostrou teoricamente que a expressão final da heterose é dependente da divergência entre as populações base e da endogamia acumulada ao longo do processo evolutivo. Desta forma, quando populações contrastantes, porém com base genética muito estreita são cruzadas, a expressão final da heterose é função da divergência entre elas e da recuperação da depressão endogâmica acumulada.

Assim, o aumento da homozigose por autofecundações sucessivas seguido de seleção contra genes recessivos deletérios pode vir a elevar o potencial não só das populações GO-S e GO-L, como também das demais, nas suas utilizações como fontes promissoras para extração de linhagens.

2.3.2.4. Depressão por endogamia – Comprimento e Diâmetro de espiga

Os trabalhos recentes aplicados a estudos de depressão por endogamia tem priorizado variáveis como altura de plantas, altura de espigas e rendimento de grãos, sendo escassos os dados referentes a componentes de rendimento como comprimento

e diâmetro de espigas, entre outros. Desse modo, acaba-se limitando as discussões com base em outros trabalhos.

Por meio da tabela 27 de análise de variância conjunta, onde foram constatadas diferenças estatísticas para as FV PxL e para a interação tripla PxGxL, para a variável DE, foi dada uma atenção especial ao comportamento das populações dentro de cada ambiente de avaliação. Para a variável CE o foco das discussões foi direcionado para a análise conjunta uma vez que estas FV apresentaram uma não significância pelo teste F ($P > 0,05$).

Para DE em Piracicaba (Tabela 47) não foram observadas diferenças estatísticas, pelo teste de Tukey a 5% de probabilidade, para populações em quaisquer dos níveis de endogamia. Em Londrina (Tabela 46) este comportamento foi verificado para os níveis de S_0 e S_1 , enquanto que em S_2 as médias das populações foram diferenciadas pela formação de dois grupos. Para análises conjuntas das variáveis CE e DE (Tabelas 45 e 48) pôde-se constatar uma diferença na separação das médias de populações à medida que se aumentou o nível de homozigose. Para CE (Tabela 35) dentro de S_0 , ocorreu a separação das médias em dois grupos, enquanto que em S_1 e S_2 não se detectou diferenças estatísticas entre populações. Para DE ocorreu o inverso, ou seja, não foi detectada diferença dentro de S_0 , e houve a formação de dois grupos em S_1 tendo seus valores extremos entre 4,40 cm para GO-S (Grupo a), e 4,10 cm para GO-F (Grupo b), sendo que em S_2 as diferenças entre as médias foram mais acentuadas.

Para as diferenças entre os níveis de endogamia dentro de cada população verificou-se, ainda, que para CE (Tabela 45) as médias foram separadas em dois grupos sendo os maiores valores para S_0 (Grupo A) e os menores valores para S_2 (Grupo B), enquanto que para S_1 os valores, dependendo da população avaliada foram agrupados como AB ou então B. Para DE (Tabela 48) as médias foram separadas em até três grupos, e no caso que houve separação em dois grupos estes foram distintos, não ocorrendo nenhuma situação de alguma média ser classificada como AB.

Os comportamentos diferenciados tanto dentro dos níveis de endogamia, quanto dentro de populações, entre as duas variáveis, pode estar relacionada a uma pequena diferença existente nas complexidades dos controles genéticos dos caracteres. Hallauer

e Miranda Filho (1988) apresentando dados de diferentes literaturas, nos quais foram utilizados os delineamentos I, II e III, e algumas estimativas com utilização de F_2 , encontraram herdabilidades em torno de 38,1% para CE e 36,1% para DE. Porém, quando se trabalha com progênies S_1 para obtenção destas estimativas, não só os valores *per se* são aumentados, como também, a diferença entre eles. Grombacher et al. (1989), utilizando progênies S_1 , constataram para CE herdabilidades de 75% e, para DE, herdabilidades de 69%. É claro que essas diferenças entre as estimativas *per se* não apresentam elevada magnitude, no entanto, pode-se considerar que, no caso de se utilizar mais um nível de endogamia (S_2) estas diferenças possam se elevar um pouco mais, ao ponto de, talvez, refletir no comportamento diferenciado dessas variáveis entre populações e entre os níveis de endogamia frente às variações ambientais. No entanto não há trabalhos na literatura que confirmem quais seriam os limites para que um certo nível de endogamia influencie a complexidade dos caracteres a ponto de se alterar o comportamento destas variáveis em razão das oscilações ambientais.

As populações GO-F e GO-L apresentaram os maiores e menores valores, respectivamente, para $\beta\%$ e, conseqüentemente, para $\beta/2$ e $\beta/4$ em relação à variável DE. O incremento de 1% no nível de homozigose indica que as populações tendem a apresentar decréscimos entre -0,0067cm (GO-L) a -0,0095 (GO-F), ficando estes valores próximos aos relatados por Good e Hallauer (1977) e Nass e Miranda Filho (1995), e abaixo dos encontrados por Hallauer e Sears (1973).

Considerando o conjunto de locais (Tabela 48), espera-se em amostras aleatórias na homozigose completa que a população GO-F venha a apresentar o menor valor para DE (3,54 cm), enquanto que os maiores valores sejam obtidos pelas populações GO-S (3,94 cm) e G3 (3,95 cm). Esta última observação pode estar relacionada, não somente aos baixos valores de depressão por endogamia total (GO-S=15,62%; G3=15,49%), mas também aos desempenhos dessas populações em S_0 , que apresentaram os maiores valores dentre as sete populações avaliadas.

Para a variável CE os maiores valores obtidos para $\beta\%$ foram das populações GO-F, G3 e GO-L, próximos de 26%, bem como para $\beta/2$ e $\beta/4$, próximos de 13% e 6,5%, respectivamente. A população GO-L ainda apresentou a maior estimativa de perda em razão do aumento em 1% na homozigose (-0,0474 cm), seguida das

populações G3 (-0,0466 cm) e GO-F (0,0454 cm). Os menores valores foram obtidos pelas populações GO-S (-0,0297 cm) e GO-G (-0,0231 cm). Esses valores foram próximos aos encontrados por Good e Hallauer (1977) e Nass e Miranda Filho (1995). Em amostras aleatórias na homozigose total as estimativas ficarão compreendidas em um mínimo de 12,8 cm de comprimento para a população GO-F e um valor máximo de 13,9 cm para GO-G, com uma média de $\beta\%$ da ordem de 21,78%.

3. CONCLUSÕES

Os resultados obtidos no presente trabalho permitem inferir que:

De um modo geral as sete populações apresentaram variabilidade suficiente para ser explorada nos programas de seleção recorrente, com relação às variáveis AP, AE e PE, enquanto para as variáveis CE e DE, os valores apresentados pelas estimativas de $\hat{\sigma}_F^2$ e $\hat{\sigma}_G^2$, não foram considerados elevados.

Os ganhos em PE entre 16,38% (G3) e 29,08% (GO-S), não implicam em ganhos substanciais em termos de porte de planta e inserção de espiga em decorrência de pequena amplitude de variação para as variáveis AP e AE.

As populações G3 e G4, além de apresentarem altas produtividades, podem ser direcionadas mais especificamente para trabalhos de melhoramento intrapopulacional, principalmente no que se refere a uma redução nos índices de acamamento e quebramento de plantas, podendo elevar o potencial dessas populações tanto para utilização *per se*, como para extração de linhagens divergentes.

GO-S e GO-L além de apresentarem um considerável desempenho *per se* podem ser utilizadas como boas fontes para extração de linhas endogâmicas em decorrência de menores efeitos de depressão por endogamia.

O aumento da homozigose por autofecundações sucessivas acompanhado de seleção contra genes recessivos deletérios pode elevar o potencial não só de GO-S e GO-L, como também das demais populações, nas suas utilizações como fontes promissoras para extração de linhagens.

REFERÊNCIAS

ACOSTA, A.E.; CRANE, P. L. Further selection for lower ear height in maize. **Crop Science**, Madison, v.12, p.165-167, 1972.

AGUIAR, P.A. **Avaliação de progênies de meios-irmãos de milho CMS 39 em diferentes condições de ambientes**. 1986. 68p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Universidade Federal de Lavras, Lavras, 1986.

ALLARD, R.W. **Principles of plant breeding**. New York: J. Willey, 1960. 485p.

ANDRADE, J.A.C. **Seleção divergente pra tamanho de pendão e posição da espiga na população ESALQ PB-1 de milho (*Zea Mays* L.)**. 1988. 136p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo, Piracicaba 1988.

ARAÚJO, P.M. **Variabilidade genética em subpopulações de milho (*Zea mays* L.)**. 1992. 153p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 1992.

ARAÚJO, P.M.; GERAGE, A.G. Capacidade de combinação e depressão por endogamia em híbridos e populações de milho. In: CONGRESSO NACIONAL DE MILHO E SORGO, 24., 2002, Florianópolis. **Anais**. Florianópolis: ABMS, 2002. 1 CD-ROM.

BAKER, L.H.; CURNOW, R.N. Choice of population size and use of variation between replicate populations in plant breeding selection programs. **Crop Science**, Madison, v.9, p.555-560, 1969.

BARBIN, D. **Planejamento e análise estatística de experimento agrônomicos**. Arapongas: Ed. Midas, 2003, 194p.

CARPENTIERI-PÍPOLO, V.; TAKAHASHI, H.W.; ENDO, R.M.; PETEK, M.R.; SEIFERT, A.L. Correlações entre caracteres quantitativos em milho pipoca. **Horticultura Brasileira**, Brasília, v. 20, n. 4, p. 551-554, 2002.

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

CARVALHO, H.W.L. de; PACHECO, C.A.P.; SANTOS, M.X. dos; GAMA, E.E.G. e; MAGNAVACA, R. Potencial genético da população de milho (*Zea mays* L.) CMS 53 para fins de melhoramento no Nordeste brasileiro. **Ciência e Prática**, Lavras, v.19, n.1, p.37-42, 1995.

CARVALHO, H.W.L. de; PACHECO, C.A.P.; SANTOS, M.X. dos; GAMA, E.E.G. e; MAGNAVACA, R. Três ciclos de seleção entre e dentro de famílias de meios-irmãos na população de milho BR 5011 no Nordeste brasileiro. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.33, n.5, p.713-720, 1998a.

CARVALHO, H.W.L. de; SANTOS, M.X. dos; LEAL, M. de L. da S.; PACHECO, C.A.P. Melhoramento genético da variedade de milho BR 5028-São Francisco no Nordeste brasileiro. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.33, n.4, p.441-448, 1998b.

CAVALLET, L.E.; PESSOA, A.C.S.; HELMICH, J.J.; HELMICH, P.R.; OST, C.F. Produtividade do milho em resposta à aplicação de nitrogênio e inoculação das sementes com *Azospirillum* spp. **Revista Brasileira de Engenharia Agrícola e Ambiental**, Campina Grande, v.4, n.1, p.129-132, 2000.

CHAVES, A.; SOUZA JUNIOR, C.L. de; SOUZA, A.P. de. Use of partly inbred S_3 lines for the development of maize single-crosses. **Maydica**, Bergamo, v.50, n.2, p.113-121, 2005.

COCKERHAM, C.C. An extension of the concept of partitioning hereditary variance for analysis of covariance among relatives when epistasis is present. **Genetics**, Bethesda, v.39, p. 859-882, 1954.

COCKERHAM, C.C. Covariances of relatives from self-fertilization. **Crop Science**, Madison, v.23, p.1177-1180, 1983.

COCKERHAM, C.C. Effects of linkage on the covariances between relatives. **Genetics**, Bethesda, v.41, p.138-141, 1956.

COCKERHAM, C.C.; WEIR, B.S. Descent measures for two loci with some applications. **Theoretical and Population Biology**, Davis, v.4, p.300-330, 1973.

COELHO, M.A.; CRUZ, J.C.; PEREIRA FILHO, I.A. Rendimento de milho no Brasil: Chegamos ao máximo?. **Informações Agronômicas**, Piracicaba, v 101, p.1-7, 2003.

COMSTOCK, R.E.; ROBINSON, H.F. Estimation of average dominance of genes. In: **Heterosis**. Iowa: Iowa State University Press, 1952. p. 494-516.

COMSTOCK, R.E.; ROBINSON, H.F. The components of genetic variance in populations. **Biometrics**, Arlington, v.4, p. 254-266, 1948.

CROW, J.F.; KIMURA, M. **An introduction to population genetics theory**. Minneapolis: Alpha Editions, 1970, 591p.

CRUZ, C.D.; REGAZZI, J.A.; CARNEIRO, P.C.S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 3ª ed., Viçosa: Ed. UFV, v.1, 2004. 647 p.

DAROS, M; AMARAL JUNIOR, A.T.; PEREIRA, M.G.; SANTOS, F.S.; GABRIEL, A.P.C.; SCAPIM, C.A.; FREITAS JUNIOR, S.P.; SILVÉRIO, L. Selection in inbred popcorn families. **Scientia Agricola**, Piracicaba, v.61, n.6, p.609-614, 2004.

DUVICK, D.N. Heterosis: feeding people and protecting natural research. In: COORS, J.G.; PANDEY, S. (Ed.). **Genetics and exploitation of heterosis in crops**. Madison: American Society of Agronomy, 1999. 524p.

DUVICK, D.N.; CASSMAN, K.G. Post-green revolution trends in yield potential of temperate maize in the North-Central United States. **Crop Science**, Madison, v. 39, n. 6, p. 1622-1630, 1999.

EMBRAPA – Centro Nacional de Milho e Sorgo. **Consulta dos dados de cultivares de milho – Safra 2006 / 2007**. Disponível em: <<http://www.cnpms.embrapa.br/milho/cultivares/consultas2.php3>>. Acesso em: 02 jan 2007.

EDWARDS, J.W.; LAMKEY, K.R. Quantitative genetics of inbreeding in a synthetic maize population. **Crop Science**, Madison, v.42, p.1094-1104, 2002.

FALCONER, D.S. **Introduction to quantitative genetics**. 3rd ed. New York: Longman, 1989. 340p.

FARIAS NETO, A.L. de; MIRANDA FILHO, J.B. Inbreeding in two subpopulations selected for tassel size. **Scientia Agrícola**, Piracicaba, v.57, n.3, p.487-490, 2000.

FEHR, W.R. **Principles of cultivar development**. New York : MacMillan, v.1, 1987. 536p.

FISCHER, K.S.; EDMEADES, G.O.; JOHNSON, E.C. Recurrent selection for reduced tassel branch number and reduced leaf area density above the ear in tropical maize populations. **Crop Science**, Madison, v.27, p.1150-1154, 1987.

FISHER, R.A. The correlations between relatives on the supposition of Mendelian inheritance. **Transactions of the Royal Society of Edinburgh**, Edinburgh, v.52, p.399-433, 1918.

FRANCHINI, C.R.B.; AYALA-OSUNA, J.T.; LARA, F.M.; SILVA, P.C. Avaliação dos parâmetros genéticos em progênies de meios irmãos de uma sub-população de milho composto "Flint" para resistência à lagarta-da-espiga *Helicoverpa zea* (Bod.). **Anais da Sociedade Entomológica do Brasil**, v.27, n.4, p.605-609, 1998.

FREITAS, F.O. **Estudo genético-evolutivo de amostras modernas de milho (*Zea mays mays* L.) e feijão (*Phaseolus vulgaris* L.)**. 2001. 144p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", Universidade de São Paulo, Piracicaba, 2001.

FUZATTO, S.R. **Dialelo parcial circulante interpopulacional em milho (*Zea mays* L.): Efeito do número (s) de cruzamentos**. 2003. 131p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", Universidade de São Paulo, Piracicaba, 2003.

GAMA, E.E.G.; VIANNA, R.T.; NASPOLI FILHO, V.; MAGNAVACA, R. Efeito depressivo da endogamia em gerações avançadas de quatro tipos genéticos de híbridos de milho. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.20, p.1293-1300, 1985.

GARAY, G.; IGARTUA, E.; ALVAREZ, A. Responses to S_1 selection in flint and dent synthetic maize populations. **Crop Science**, Madison, v.36, 1129-1134, 1996.

GERALDI, I.O.; VENCOSKY, R. Depressão por endogamia em populações de milho. In: Reunião Brasileira de Milho e Sorgo, 13, 1980, Londrina. **ANAIS...** Londrina, IAPAR, 1980. p.45.

GOOD, R.L.; HALLAUER, A. Inbreeding depression in maize by selfing and full-sibbing. **Crop Science**, Madison, v.17, p. 935-940, 1977.

GOMES, M.S.; VON PINHO, R.G.; RAMALHO, M.A.P.; FERREIRA, D.V.; BRITO, A.H. Genetic variability in maize lines for characteristics related to silage yield. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.39, n.9, p. 879-885, 2004.

GOULAS, A.G.; LONNQUIST, J.H. Combined half-sib and S_1 family selection in maize composite population. **Crop Science**, Madison, v.16, p.461-464, 1976.

GRANATE, M.J.; CRUZ, C.D.; PACHECO, C.A.P. Predição de ganhos em famílias de meios-irmãos do milho pipoca CMS-43. **Ciência e Agrotecnologia**, Lavras, v.26, n.6, p.1228-1235, 2002.

GROMBACHER, A.W.; RUSSEL, W.A.; GUTHRIE, W.D. Effects of recurrent selection in two maize synthetics on agronomic trait of S_1 lines. **Maydica**, Bergamo, v.34, p.343-352, 1989.

HALLAUER, A.R. Relation of quantitative genetics to applied maize breeding. **Brazilian Journal of Genetics**, v.3, p.207-233, 1980.

HALLAUER, A.R. Recurrent selection in maize. **Plant Breeding Reviews**, New Jersey, v.9, p.115-179, 1992.

HALLAUER, A. R.; MIRANDA FILHO, J. B. de. **Quantitative genetics in maize breeding**. 2nd ed. Ames: Iowa State University Press, 1988. 468p.

HALLAUER, A.R.; RUSSEL, W.A.; LAMKEY, K.R. Corn breeding. In: SPRAGUE, G.F.; DUDLEY, J.W. (Ed.) **Corn and corn improvement**. 3rd ed., Madison: Iowa State University Press, 1988. p.453-464.

HALLAUER, A.R.; SEARS, J.H. Changes in quantitative traits associated with inbreeding in a synthetic variety of maize. **Crop Science**, Madison, v.13, p.327-330, 1973.

HARRIS, D.L. Genotypic covariances between inbred relatives. **Genetics**, Bethesda, v.50, n.6, 1319-1348, 1964.

HELMS, T.C.; HALLAUER, A.R.; SMITH, O.S. Genetic drift and selection evaluated from recurrent selection programs in maize. **Crop Science**, Madison, v.29, p.602-607, 1989.

HOUTHAUS, J.F.; LAMKEY, K.R. Population means and genetic variances in selected and unselected Iowa Stiff Stalk Synthetic maize population. **Crop Science**, Madison, v.35, p.1581-1589, 1995.

JONES, D.F. Continued inbreeding in maize, **Genetics**, Bethesda, v.24, 462-473, 1939.

JONES, D.F. The effect of inbreeding and crossbreeding upon development. **Connecticut Agricultural Experiment Station Bulletin**, Connecticut v.297, p.5-100, 1918.

JOSEPHSON, L.M.; KINCER, H.C. Selection for lower placement in two synthetic populations of maize. **Crop Science**, Madison, v.17, p.499-502, 1977.

KEMPTHORNE, O. The theoretical values of correlations between relatives in random mating population. **Genetics**, Bethesda, v.40, p. 153-167, 1955.

KLENKE, J.R.; RUSSEL, W.A.; GUTHRIE, W.D. Recurrent selection for resistance to European corn borer in a corn synthetic and correlated effects on agronomic traits. **Crop Science**, Madison, v.26, p.864-868, 1986.

LABATE, J.A.; LAMKEY, K.R.; LEE, M.; WOODMAN, W.W. genetic diversity after reciprocal recurrent selection in BSSS and BSCB1 maize populations. **Crop Science**, Madison, v.37, p.416-423, 1997.

LIMA, M.; MIRANDA FILHO, J.B.; GALLO, P.B. Inbreeding depression in brazilian populations of maize (*Zea mays* L.). **Maydica**, Bergamo, v.29, p.203-215, 1984.

LIMA, M.; PATERNIANI, E. Estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos em progênies de meios irmãos de milho (*Zea mays* L.) ESALQ VD-2 MI-HS III e suas implicações no melhoramento. **Relatório Científico do Departamento de Genética-ESALQ**, Piracicaba, v.11, p.84-89, 1977.

LIMA, M.W.P.; SOUZA, E.A.; RAMALHO, M.A.P. Procedimento para escolha de populações de milho promissoras para extração de linhagens. **Bragantia**, Campinas, v.59, n.2, p.153-158, 2000.

LINDSEY, M. F.; LONNQUIST, J. H.; GARDNER, C. O. Estimates of genetic variance in open-pollinated varieties of corn belt maize. **Crop Science**, Madison, 2:105-108, 1962.

MACHADO, C.T. de T.; GERRA, J.G.M.; ALMEIDA, D.L.; MACHADO, A.T. Variability among maize genotypes to phosphorus efficiency use. **Bragantia**, Campinas, v.58, n.1, p. 109-124, 1999.

MALDONADO, F.A.A.; MIRANDA FILHO, J.B. Inbreeding depression in maize populations of reduced size. **Scientia agrícola**, Piracicaba, v. 59, n.2, p. 335-340, 2002.

MAGALHÃES, P.C.; DURÃES, F.O.M. **Embrapa Milho e Sorgo - Sistemas de Produção**: Cultivo do Milho, versão eletrônica, 2ª edição, 2006. Disponível em: <http://sistemasdeproducao.cnptia.embrapa.br/FontesHTML/Milho/CultivodoMilho_2ed/ecofisiologia.htm>. Acesso em: 10 ago 2007.

MARECK, J.H.; GARDNER, C.O. Response to mass selection in maize and stability of resulting population. **Crop Science**, Madison, v.19, p.779-783, 1979.

McGILL, D.P.; LONQUIST, J.H. Effects of two cycles of recurrent selection for combining ability in an open pollinated variety of corn. **Agronomy Journal**, Madison, v.47, p.319-323, 1955.

MINISTÉRIO DA AGRICULTURA PECUÁRIA E ABASTECIMENTO. **Registro Nacional de Cultivares – Inclusões**. Disponível em: <<http://www.agricultura.gov.br/cultivares/snpc06.htm>> . Acesso em: 02 jan 2007.

MIRANDA FILHO, J.B. **Cruzamentos dialélicos e síntese de compostos de milho (*Zea mays* L.) com ênfase na produtividade e no porte da planta.** 1974. 116p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 1974.

MIRANDA FILHO, J.B. Inbreeding depression and heterosis. In: COORS, J.G.; PANDEY, S. (Ed.). International Symposium on the Genetics and Exploitation of Heterosis in Crops. **Proceedings**, México, p.69-80, 1999.

MIRANDA FILHO, J.B. Seleção e métodos de melhoramento. In: Reunião da Sociedade Brasileira de Genética, 14., 1981, Jaboticabal. **Anais**. Jaboticabal, UNESP, 1981. p. 145-150.

MIRANDA FILHO, J.B.; FERREIRA, J.M.; NASS, L.L. Inbreeding depression in maize populations selected for resistance to *Puccinia polysora*. **Scientia Agricola**, Piracicaba, v.4, 2007. No prelo.

MIRANDA FILHO, J.B. de; MEIRELLES, W.F. Depressão por endogamia em progênes S_1 de duas populações de milho. In: CONGRESSO NACIONAL DE MILHO E SORGO, 16., Belo Horizonte, 1986. **Anais**. Sete Lagoas: EMBRAPA, CNPMS, 1986. p.320-327.

MIRANDA FILHO, J.B.; VIÉGAS, G.P. Milho Híbrido. In: PATERNIANI, E.; VIÉGAS, G.P. (Ed) . **Melhoramento e produção do milho**. Campinas: Fundação Cargill, 1987. v.1, p.277-340.

MOCK, J.J.; PEARCE, R.B. An ideotype of maize. **Euphytica**, Wageningen, v.24, p.77-86, 1982.

MORAES, M.L.T. **Estimativas de parâmetros genéticos para os caracteres: Produção de grãos, altura de planta e altura de espiga em populações de milho.** Piracicaba: Departamento de Genética / ESALQ, 1989, 40p.

MORAIS, O.P; SILVA, J.C.; CRUZ, C.D.; REGAZZI, A.J.; NEVES, P.C.F.; Estimação dos parâmetros genéticos da população de arroz irrigado CNA-IRAT 4/0/3. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.32, n.4, p. 421-433, 1997.

MOTA, M.G.C. **Comportamento de progênies de meios irmãos e S₁ na variedade de milho (*Zea mays* L.) Centralmex**. 1974. 73p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", Universidade de São Paulo, Piracicaba, 1974.

NAJERA, G.C.; MORENO, L.L. Comportamiento de familias S₁ de maíz em distintos pH dels suelo. **Bragantia**, Campinas, v.63, n.1, p.63-72, 2004.

NASS, L.L; MIRANDA FILHO, J.B. Inbreeding depression rates of two semi-exotic maize (*Zea mays* L.) populations. **Brazilian Journal of Genetics**, Ribeirão Preto, v.18, p.585-592, 1995

NASS, L.L; MIRANDA FILHO, J.B. Synthesis of new composites of maize (*Zea mays* L.) for population improvement in Brazil. In: Reunión Latinoamericana del Maíz, 18, 1999, Sete Lagoas. **Memórias**. Sete Lagoas: CIMMYT e EMBRAPA-CNPMS, 1999. p.309-317.

ODHIAMBO, M.O.; COMPTON, W.A. Twenty cycles of divergent mass selection for seed size in corn. **Crop Science**, Madison, v.27, p.1113-1116, 1987.

PACHECO, C.A.P. **Avaliação de progênies de meios-irmãos na população de milho CMS-39 em diferentes condições de ambientes: 2º ciclo de seleção**. 1987. 100p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Universidade Federal de Lavras, Lavras, 1987.

PACHECO, C.A.P; SANTOS, M.X; CRUZ, C.D.; PARENTONI, S.N.; GUIMARÃES, P.E.O.; GAMA, E.E.G.; SILVA, A.E.; CARVALHO, H.W.L.; VIEIRA JUNIOR, P.A. Inbreeding depression of 28 maize elite open pollinated varieties. **Genetics and Molecular Biology**, Ribeirão Preto, v. 25, n.4, p. 441-448, 2002.

PACKER, D. **Variabilidade genética e endogamia em quatro populações de milho (*Zea mays* L.)** 1998. 102p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas)– Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", Universidade de São Paulo, Piracicaba, 1998.

PAIVA, J.R.; BARROS, L.M.; CRISÓSTOMO, J.R.; ARAÚJO, J.P.P.; ROSSETTI, A.G.; CAVALCANTE, J.J.V.; FELIPE, E.M. Depressão por endogamia em progênies de cajueiro anão precoce var. nanum. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.33, n.4, p.425-431, 1998.

PANDEY, S.; DIALLO, A. O.; ISLAM, T. M. T.; DEUTSCH, J.A. Progress from selection in eight tropical maize populations using international testing. **Crop Science**, Madison, v.26, p.879-884, 1986.

PANDEY, S.; SHORT, K. Maize improvement through international testing at CIMMYT. 1993. International testing: Evaluating and distributing maize germplasm products. **Maize Program Special Report**. México, p.11-12, 1993.

PATERNIANI, E. Melhoramento de populações de milho. **Ciência e Cultura**, São Paulo, v.21, p.3-10, 1969.

PATERNIANI, E.; MIRANDA FILHO, J.B. Melhoramento de populações. In: PATERNIANI, E.; VIÉGAS, G.P. (Ed.). **Melhoramento e produção do milho**. Campinas: Fundação Cargill, 1987. v.1, p.217-274.

PATERNIANI, M.E.A.G.Z.; DUDIENAS, C; SAWAZAKI, E.; LUDERS, R.R. Genetic variability of maize three-way cross hybrids for tropical rust resistance. **Revista Brasileira de Milho e Sorgo**, Sete Lagoas, v.1, n.1, p.63-69, 2002.

POEHLMAN, J.M.; SLEPER, D.A. **Breeding field crops**. 4 ed. Ames: Iowa State Univesity Press, 1996. 494 p.

PIMENTEL GOMES, F. **Curso de estatística experimental**. Piracicaba, 7ª ed., 1977, 448p.

PINTO, R.M.; LIMA NETO, F.P; SOUZA JUNIOR, C.L. Estimativa do número apropriado de progênies S_1 para seleção recorrente em milho. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.35, n.1, p.63-73, 2000.

RAMALHO, M.A.P. **Eficiência relativa de alguns processos de seleção intrapopulacional no milho baseados em famílias não-endogâmicas**. 1977. 122f. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas)- Escola Superior de Agricultura "Luiz Queiroz", Universidade de São Paulo, Piracicaba.1977.

RAPOSO, F.V.; RAMALHO, M.A.P. Genetic variance components in populations derived from single cross maize hybrids. **Revista Brasileira de Milho e Sorgo**, Sete Lagoas, v.3, n.3, p. 402-413, 2004.

REIS, F.P.; SILVA, J.C.; REGAZZI, A.J.; OLIVEIRA, L.M. Herdabilidades, correlações e índices de seleção em milho. **Revistas Ceres**, Viçosa, v.29, p.268-283, 1982.

RISSI, R. **Estimação de parâmetros genéticos em duas subpopulações da variedade de milho (*Zea mays* L.) Piranão**. 1980. 87 p. (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 1980.

RODRIGUEZ, O.A.; HALLAUER, A.R. Variation among full-sib families of corn for different generations of inbreeding. **Crop Science**, Madison, v.31, p.43-47, 1991.

SANTOS, I.C.; MIRANDA, G.V.; MELO, A.V.; MATTOS, R.N.; OLIVEIRA, L.R.; LIMA, J.S.; GALVÃO, J.C.C. Comportamento de cultivares de milho produzidos organicamente e correlações entre caracteres das espigas colhidas no estágio verde. **Revista Brasileira de Milho e Sorgo**, Sete Lagoas, v.4, n.1, p.45-53, 2005.

SANTOS, M.X.; MIRANDA FILHO, J.B. Genetic potential of two Brazilian races of maize (*Zea mays* L.) for inbreeding purposes. **Journal of Genetics and Breeding**, Roma, v.46, 83-90. 1992.

SANTOS, M.X.; PACHECO, C.A.P.; GUIMARÃES, P.E.O.; GAMA, E.E.G.; SILVA, A.E.; OLIVEIRA, A.C. Diallel among twenty eighth varieties of maize. **Revista Brasileira de Genética**, Ribeirão Preto, v.17, n.3, p. 277-282, 1994.

SATO, A.S.; MORI, E.S. Detection of inbreeding in seeds of *Eucalyptus grandis* Hill ex Maiden. Detecção de endogamia em sementes de *Eucalyptus grandis* Hill ex Maiden. **Revista do Instituto Florestal**, São Paulo, v.8, n.2, p.131-134, 1996.

SCAPIM, C.A.; CARVALHO, C.G.P.; CRUZ, C.D. Uma proposta de classificação dos coeficientes de variação para a cultura do milho. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 30, n.5, p.683 – 686, 1995.

SCAPIM, C.A.; LUCCA E BACCINI, A.; PINTO, R.J.B.; AMARAL JUNIOR, A.T.; RODOVALHO, M.A.; SILVA, R.M.; MOTERLE, L.M. Componentes genéticos de médias e depressão por endogamia em populações de milho pipoca. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 36, n.1, p. 36-41, 2006.

SCAPIM, C.A.; RODRIGUES, J.A.S.; CRUZ, C.D.; GOMES, J.A.; BRACCINI, A.L. Efeitos gênicos, heterose e depressão endogâmica em caracteres de sorgo granífero. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.33, n.11, p.1847-1857, 1998.

SCHNELL, F.W. The covariance between relatives in the presence of linkage. In: HANDSON, W.D.; ROBINSON, H.F. **Statistical genetics and plant breeding**. NAS-NRC, Washington, n. 982, p. 468-483. 1963

SHULL, G.H. A pure line method of corn breeding. **American Breeder's Association Report**, Philadelphia, v.5, p.51-59, 1909

SHULL, G.H. Hybridization methos in corn breeding. **American Breeder's Association Report**, Philadelphia, v.6, p.63-72, 1910

SILVA, R.M. **Valor Genético e Potencial heterótico de populações de milho (*Zea mays* L.)**. Piracicaba, 2001. 121p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo, 2001.

SIMON, G.A.; SCAPIM, C.A.; PACHECO, C.A.P.; PINTO, R.J.B.; BRACCINI, A.L.; TONET, A. Depressão por endogamia em populações de milho pipoca. **Bragantia**, Campinas, v.63, n.1, p.55-62, 2004.

SISTEMA DE GERENCIAMENTO AGROMETEOROLÓGICO – SGA / IAPAR. **Dados Agrometeorológicos, período:** setembro de 2006 a março de 2007. Disponível em <<http://200.201.27.14/sga/rel/dadosagromet.php>>. Acesso em: 09 set. 2007.

SMITH, O.S. Evaluation of recurrent selection in BSSS, BCB1 and BS13 maize populations. **Crop Science**, Madison, v.23, p.35-40, 1983.

SMITH, O.S. Comariosn of effects of reciprocal recurrent selection in the BSSS(R), BSCB1(R) and BS6 populations . **Maydica**, Bergamo, v.24, p.1-8, 1984.

TROYER, A.F. Background of US hybrid corn II: Breeding, climate, and food. **Crop Science**, Madison, v. 44, n. 2, p. 370-380, 2004.

VENCOVSKY, R. Herança quantitativa. In: PATERNIANI, E.; VIÉGAS, G.P. **Melhoramento e produção do milho**. Campinas: Fundação Cargill, 1987. v.1, p.122-201.

VENCOVSKY, R.; BARRIGA, P. **Genética biométrica no fitomelhoramento**. Sociedade Brasileira de genética, Ribeirão Preto, 1992, 496p.

VENCOVSKY, R. MIRANDA FILHO, J.B.; SOUZA JUNIOR, C.L.; Quantitative genetics and corn breeding in Brazil. In: INTERNATIONAL CONFERENCE ON QUANTITATIVE GENETICS, 2nd, 1988, Sunderland. **Proceedings...** Sunderland: Sinauer Associates Press, 1988. p.465-477.

VIANNA, R.T.; GOMES e GAMA, E.E.; NASPOLI FILHO, V.; MÔRO, J.R.; VENCOVSKY, R. Inbreeding depression of several introduced populations of maize (*Zea mays* L.) **Maydica**, Bergamo, v.27, p.151-157, 1982.

WEIR, B.S.; COCKERHAM, C.C. Two-Locus theory in quantitative genetics. In: INTERNATIONAL CONFERENCE ON QUANTITATIVE GENETICS, 1976, Ames **Proceedings...** Ames: Iowa State University Press, 1976. p. 247-269.

WEYHRICH, R.A.; LAMKEY, K.R.; HALLAUER, A.R. Responses to seven methods of recurrent selection in the BS11 maize population. **Crop Science**, Madison, v.38, p.308-321, 1998a.

WEYHRICH, R.A.; LAMKEY, K.R.; HALLAUER, A.R. Effective population size and response to S_1 -Progeny selection in the BS11 maize population. **Crop Science**, Madison, v.38, p.1149-1158, 1998b.

ANEXOS

Tabela 4 – Quadrados médios obtidos por análise de variância com relação a cinco variáveis analisadas, para a população GO-D - Safra 2005 / 2006

FV	GL	Quadrados Médios				
		(a)AP	(a)AE	(a)PE ⁽¹⁾	(a)CE	(a)DE
Tratamentos	39	265,78 **	77,15 **	700,65 **	3,92 **	0,1506 **
Erro	39	87,01	35,67	42,81	0,73	0,0118
CV _e %		4,66	5,74	10,20	5,53	2,49
Média progênes		200	104	6416	15,5	4,4
Média Pop S ₀		235	130	11275	18,8	4,8
Média DKB 390		208	108	12969	16,0	5,2

⁽¹⁾; QM para PE x 10⁴

**; significativo a 1% de probabilidade pelo teste F

(a); AP: Altura de plantas (cm); AE: Altura de Espigas (cm); PE: Peso de espigas (kg.ha⁻¹); CE: Comprimento de espigas (cm); DE: diâmetro de espigas (cm)

Tabela 5 – Quadrados médios obtidos por análise de variância com relação a cinco variáveis analisadas, para a população GO-F - Safra 2005 / 2006

FV	GL	Quadrados Médios				
		(a)AP	(a)AE	(a)PE ⁽¹⁾	(a)CE	(a)DE
Tratamentos	74	398,24 **	151,54 **	310,32 **	4,18 **	0,1650 **
Erro	74	80,94	23,79	28,68	0,49	0,0235
CV _e %		4,52	4,69	8,82	4,49	3,66
Média progênes		199	104	6070	15,6	4,2
Média Pop S ₀		241	141	11447	18,7	4,7
Média DKB 390		213	106	13630	17,2	5,2

⁽¹⁾; QM para PE x 10⁴

**; significativo a 1% de probabilidade pelo teste F

(a); AP: Altura de plantas (cm); AE: Altura de Espigas (cm); PE: Peso de espigas (kg.ha⁻¹); CE: Comprimento de espigas (cm); DE: diâmetro de espigas (cm)

Tabela 6 – Quadrados médios obtidos por análise de variância com relação a cinco variáveis analisadas, para a população GO-L - Safra 2005 / 2006

FV	GL	Quadrados Médios				
		(a)AP	(a)AE	(a)PE ⁽¹⁾	(a)CE	(a)DE
Tratamentos	69	434,43 **	252,13 **	348,53 **	4,09 **	0,1302 **
Erro	69	101,31	82,55	32,70	0,62	0,0295
CV _e %		4,82	8,26	9,22	4,85	4,09
Média progênies		209	110	6205	16,2	4,2
Média Pop S ₀		241	134	11232	18,5	4,8
Média DKB 390		207	111	13365	16,6	5,2

⁽¹⁾; QM para PE x 10⁴

**; significativo a 1% de probabilidade pelo teste F

(a); AP: Altura de plantas (cm); AE: Altura de Espigas (cm); PE: Peso de espigas (kg.ha⁻¹); CE: Comprimento de espigas (cm); DE: diâmetro de espigas (cm)

Tabela 7 – Quadrados médios obtidos por análise de variância com relação a cinco variáveis analisadas, para a população GO-G - Safra 2005 / 2006

FV	GL	Quadrados Médios				
		(a)AP	(a)AE	(a)PE ⁽¹⁾	(a)CE	(a)DE
Tratamentos	79	404,47 **	281,03 **	444,89 **	4,11 **	0,1942 **
Erro	79	70,93	48,97	37,07	0,94	0,0206
CV _e %		4,00	6,27	9,20	6,34	3,27
Média progênies		210	112	6616	15,3	4,4
Média Pop S ₀		240	126	12077	17,9	4,9
Média DKB 390		216	113	13849	16,5	5,2

⁽¹⁾; QM para PE x 10⁴

**; significativo a 1% de probabilidade pelo teste F

(a); AP: Altura de plantas (cm); AE: Altura de Espigas (cm); PE: Peso de espigas (kg.ha⁻¹); CE: Comprimento de espigas (cm); DE: diâmetro de espigas (cm)

Tabela 8 – Quadrados médios obtidos por análise de variância com relação a cinco variáveis analisadas, para a população G3 - Safra 2005 / 2006

FV	GL	Quadrados Médios				
		(a)AP	(a)AE	(a)PE ⁽¹⁾	(a)CE	(a)DE
Tratamentos	49	249,31 **	213,28 **	330,94 **	3,26 **	0,1143 **
Erro	49	104,54	49,12	35,82	0,69	0,0106
CV _e %		4,80	6,31	9,01	5,29	2,35
Média progênie		213	111	6646	15,7	4,4
Média Pop S ₀		247	125	12784	18,3	4,8
Média DKB 390		216	120	13992	17,7	5,1

⁽¹⁾; QM para PE x 10⁴

**; significativo a 1% de probabilidade pelo teste F

(a); AP: Altura de plantas (cm); AE: Altura de Espigas (cm); PE: Peso de espigas (kg.ha⁻¹); CE: Comprimento de espigas (cm); DE: diâmetro de espigas (cm)

Tabela 9 – Quadrados médios obtidos por análise de variância com relação a cinco variáveis analisadas, para a população G4 - Safra 2005 / 2006

FV	GL	Quadrados Médios				
		(a)AP	(a)AE	(a)PE ⁽¹⁾	(a)CE	(a)DE
Tratamentos	49	530,13 **	317,11 **	528,67 **	4,10 **	0,1224 **
Erro	49	156,82	109,31	46,74	0,63	0,0308
CV _e %		5,96	9,33	9,26	5,02	4,05
Média progênie		210	112	7381	15,8	4,3
Média Pop S ₀		245	130	11808	18,1	4,6
Média DKB 390		213	116	13972	16,8	5,2

⁽¹⁾; QM para PE x 10⁴

**; significativo a 1% de probabilidade pelo teste F

(a); AP: Altura de plantas (cm); AE: Altura de Espigas (cm); PE: Peso de espigas (kg.ha⁻¹); CE: Comprimento de espigas (cm); DE: diâmetro de espigas (cm)

Tabela 10 – Quadrados médios obtidos por análise de variância com relação a cinco variáveis analisadas, para a população GO-S - Safra 2005 / 2006

FV	GL	Quadrados Médios				
		(a)AP	(a)AE	(a)PE ⁽¹⁾	(a)CE	(a)DE
Tratamentos	89	373,31 **	153,65 **	556,14 **	3,72 **	0,1432 **
Erro	89	75,22	49,81	34,45	0,43	0,0191
CV _e %		4,40	6,72	8,40	4,37	3,15
Média progênes		197	105	6987	15,0	4,4
Média Pop S ₀		228	125	11442	17,5	4,8
Média DKB 390		209	113	14815	17,5	5,2

⁽¹⁾; QM para PE x 10⁴

**; significativo a 1% de probabilidade pelo teste F

(a); AP: Altura de plantas (cm); AE: Altura de Espigas (cm); PE: Peso de espigas (kg.ha⁻¹); CE: Comprimento de espigas (cm); DE: diâmetro de espigas (cm)

Tabela 11 – Produtividades médias de espigas, em kg.ha⁻¹ da população original ($\bar{X}_0$), de progênes S₁ ($\bar{X}_1$), queda percentual de produtividade de S₀ para S₁ ($\bar{X}_0\%$), média da testemunha DKB 390 ($\bar{X}_T$) e percentual de produtividade das progênes S₁ em relação à produtividade de DKB 390 ($\bar{X}_T\%$). Safra 2005/2006

População	$\bar{X}_0$	$\bar{X}_1$	(a) $\bar{X}_0\%$	$\bar{X}_T$	(b) $\bar{X}_T\%$
	-----kg.ha ⁻¹ -----			kg.ha ⁻¹	
GO-D	11275	6416	43,1	12969	49,5
GO-F	11447	6070	47,0	13630	44,5
GO-L	11232	6205	44,8	13365	46,4
GO-G	12077	6616	45,2	13849	47,8
G3	12784	6646	48,0	13992	47,5
G4	11808	7381	37,5	13972	52,8
GO-S	11442	6987	38,9	14815	47,2
Médias	-----	-----	43,5	-----	48,0

^(a); Queda percentual de produtividade de S₀ para S₁

^(b); Percentual de produtividade de S₁ em relação à produtividade de DKB 390

Tabela 12– Parâmetros genéticos obtidos com relação a variável Altura de plantas (AP)
 analisadas para 7 populações – Safra 2005 / 2006

	GO-D	GO-F	GO-L	GO-G	G3	G4	GO-S
⁽¹⁾ $\hat{\sigma}_F^2$	132,89	199,12	217,22	202,24	124,66	265,06	186,66
⁽¹⁾ $\hat{\sigma}_G^2$	89,39	158,65	166,56	166,77	72,38	186,65	149,05
⁽¹⁾ $\hat{\sigma}_E^2$	43,51	40,47	50,65	35,47	52,27	78,41	37,61
$\hat{h}^2$	0,67	0,80	0,77	0,82	0,58	0,70	0,80
CV _e %	4,66	4,52	4,82	4,00	4,80	5,96	4,40
CV _g %	4,73	6,33	6,18	6,14	3,99	6,51	6,20
b	1,02	1,40	1,28	1,53	0,83	1,09	1,41

⁽¹⁾; σ^2 em (cm.planta⁻¹)²

Tabela 13– Parâmetros genéticos obtidos com relação a variável Altura de espigas (AE)
 analisadas para 7 populações – Safra 2005 / 2006

	GO-D	GO-F	GO-L	GO-G	G3	G4	GO-S
⁽¹⁾ $\hat{\sigma}_F^2$	38,58	75,77	126,07	140,51	106,64	158,56	76,83
⁽¹⁾ $\hat{\sigma}_G^2$	20,74	63,88	84,79	116,03	82,08	103,90	51,92
⁽¹⁾ $\hat{\sigma}_E^2$	17,84	11,90	41,28	24,49	24,56	54,65	24,90
$\hat{h}^2$	0,54	0,84	0,67	0,83	0,77	0,66	0,68
CV _e %	5,74	4,69	8,26	6,27	6,31	9,33	6,72
CV _g %	4,38	7,68	8,37	9,65	8,16	9,10	6,86
b	0,76	1,64	1,01	1,54	1,29	0,97	1,02

⁽¹⁾; σ^2 em (cm.planta⁻¹)²

Tabela 14– Parâmetros genéticos obtidos com relação a variável Peso de espigas (PE) analisadas para 7 populações – Safra 2005 / 2006

	GO-D	GO-F	GO-L	GO-G	G3	G4	GO-S
⁽¹⁾ $\hat{\sigma}_F^2$	350,32	155,16	174,26	222,45	165,47	264,33	278,07
⁽¹⁾ $\hat{\sigma}_G^2$	328,92	140,82	157,91	203,91	147,56	240,96	260,84
⁽¹⁾ $\hat{\sigma}_E^2$	21,40	14,34	16,35	18,54	17,91	23,37	17,23
$\hat{h}^2$	0,94	0,91	0,91	0,92	0,89	0,91	0,94
CV _e %	10,20	8,82	9,22	9,20	9,01	9,26	8,40
CV _g %	28,27	19,55	20,25	21,58	18,28	21,03	23,12
b	2,77	2,22	2,20	2,35	2,03	2,27	2,75

⁽¹⁾; $\sigma^2 \times 10^4$ em (kg.ha⁻¹)²

Tabela 15– Parâmetros genéticos obtidos com relação a variável Comprimento de espigas (CE) analisadas para 7 populações – Safra 2005 / 2006

	GO-D	GO-F	GO-L	GO-G	G3	G4	GO-S
⁽¹⁾ $\hat{\sigma}_F^2$	1,96	2,09	2,04	2,06	1,63	2,05	1,86
⁽¹⁾ $\hat{\sigma}_G^2$	1,59	1,85	1,74	1,59	1,28	1,74	1,65
⁽¹⁾ $\hat{\sigma}_E^2$	0,37	0,25	0,31	0,47	0,34	0,31	0,21
$\hat{h}^2$	0,81	0,88	0,85	0,77	0,79	0,85	0,88
CV _e %	5,53	4,49	4,85	6,34	5,29	5,02	4,37
CV _g %	8,14	8,71	8,13	8,26	7,22	8,35	8,56
b	1,47	1,94	1,68	1,30	1,36	1,66	1,96

⁽¹⁾; σ^2 em (cm.espiga⁻¹)²

Tabela 16– Parâmetros genéticos obtidos com relação a variável Diâmetro de espigas (DE) analisadas para 7 populações – Safra 2005 / 2006

	GO-D	GO-F	GO-L	GO-G	G3	G4	GO-S
⁽¹⁾ $\hat{\sigma}_F^2$	0,0753	0,0825	0,0651	0,0971	0,0572	0,0612	0,0716
⁽¹⁾ $\hat{\sigma}_G^2$	0,0694	0,0707	0,0503	0,0868	0,0519	0,0458	0,0621
⁽¹⁾ $\hat{\sigma}_E^2$	0,0059	0,0118	0,0148	0,0103	0,0053	0,0154	0,0095
$\hat{h}^2$	0,92	0,86	0,77	0,89	0,91	0,75	0,87
CV _e %	2,49	3,66	4,09	3,27	2,35	4,05	3,15
CV _g %	6,04	6,35	5,34	6,71	5,20	4,93	5,67
b	2,43	1,73	1,31	2,05	2,21	1,22	1,80

⁽¹⁾; σ^2 em (cm.espiga⁻¹)²

Tabela 17– Diferenciais de seleção (ds) em função da seleção direta em cinco variáveis, e efeitos causados sobre as demais variáveis em estudo, na população GO-D. Safra 2005/2006

	----- AP (-) -----			----- AE (-) -----			----- AP (+) -----		
	$\bar{X}_0$	$\bar{X}_s$	ds	$\bar{X}_0$	$\bar{X}_s$	ds	$\bar{X}_0$	$\bar{X}_s$	ds
AP	199,50	190,00	-9,50	199,50	193,63	-5,87	199,50	209,00	9,50
AE	103,60	100,00	-3,60	103,60	98,48	-5,12	103,60	107,00	3,40
PE	6416	6164	-252	6416	5513	-903	6416	6688	272
CE	15,5	15,44	-0,06	15,5	15,37	-0,13	15,5	15,62	0,12
DE	4,36	4,38	0,02	4,36	4,32	-0,04	4,36	4,35	-0,01

	----- AE (+) -----			----- PE (+) -----			----- CE (+) -----		
	$\bar{X}_0$	$\bar{X}_s$	ds	$\bar{X}_0$	$\bar{X}_s$	ds	$\bar{X}_0$	$\bar{X}_s$	ds
AP	199,50	205,38	5,88	199,50	202,30	2,80	199,50	202,00	2,50
AE	103,60	108,78	5,18	103,60	106,75	3,15	103,60	104,75	1,15
PE	6416	7319	903	6416	7757	1341	6416	7075	659
CE	15,5	15,63	0,13	15,5	15,8	0,30	15,5	16,62	1,12
DE	4,36	4,41	0,05	4,36	4,43	0,07	4,36	4,4	0,04

	----- DE (+) -----		
	$\bar{X}_0$	$\bar{X}_s$	ds
AP	199,50	199,95	0,45
AE	103,60	104,25	0,65
PE	6416	7087	671
CE	15,5	15,65	0,15
DE	4,36	4,57	0,21

(-): Seleção praticada para redução do valor médio; (+): Seleção praticada para aumento do valor médio

AP: altura de plantas (cm); AE: altura de espigas (cm); PE: peso de espigas (kg.ha⁻¹); CE: comprimento de espiga (cm); DE: diâmetro de espiga (cm).

Tabela 18– Diferenciais de seleção (ds) em função da seleção direta em cinco variáveis, e efeitos causados sobre as demais variáveis em estudo, na população GO-F. Safra 2005/2006

	----- AP (-) -----			----- AE (-) -----			----- AP (+) -----		
	$\bar{X}_0$	$\bar{X}_s$	ds	$\bar{X}_0$	$\bar{X}_s$	ds	$\bar{X}_0$	$\bar{X}_s$	ds
AP	198,86	181,8	-17,06	198,86	187,88	-10,98	198,86	214,95	16,09
AE	104,15	99,28	-4,87	104,15	94,3	-9,85	104,15	109,28	5,13
PE	6070	5948	-122	6070	5753	-317	6070	6162	92
CE	15,56	15,5	-0,06	15,56	15,51	-0,05	15,56	15,8	0,24
DE	4,19	4,22	0,03	4,19	4,18	-0,01	4,19	4,16	-0,03

	----- AE (+) -----			----- PE (+) -----			----- CE (+) -----		
	$\bar{X}_0$	$\bar{X}_s$	ds	$\bar{X}_0$	$\bar{X}_s$	ds	$\bar{X}_0$	$\bar{X}_s$	ds
AP	198,86	207,05	8,19	198,86	200,8	1,94	198,86	201,35	2,49
AE	104,15	114,8	10,65	104,15	105,7	1,55	104,15	106,25	2,10
PE	6070	6325	255	6070	7622	1552	6070	6579	509
CE	15,56	15,81	0,25	15,56	15,85	0,29	15,56	17,29	1,73
DE	4,19	4,14	-0,05	4,19	4,38	0,19	4,19	4,17	-0,02

	----- DE (+) -----		
	$\bar{X}_0$	$\bar{X}_s$	ds
AP	198,86	200,53	1,67
AE	104,15	104,05	-0,10
PE	6070	6669	599
CE	15,56	15,62	0,06
DE	4,19	4,54	0,35

(-): Seleção praticada para redução do valor médio; (+): Seleção praticada para aumento do valor médio

AP: altura de plantas (cm); AE: altura de espigas (cm); PE: peso de espigas (kg.ha⁻¹); CE: comprimento de espiga (cm); DE: diâmetro de espiga (cm).

Tabela 19– Diferenciais de seleção (ds) em função da seleção direta em cinco variáveis, e efeitos causados sobre as demais variáveis em estudo, na população GO-L. Safra 2005/2006

	----- AP (-) -----			----- AE (-) -----			----- AP (+) -----		
	$\bar{X}_0$	$\bar{X}_s$	ds	$\bar{X}_0$	$\bar{X}_s$	ds	$\bar{X}_0$	$\bar{X}_s$	ds
AP	208,55	192,95	-15,60	208,55	201,4	-7,15	208,55	225,88	17,33
AE	109,66	103,78	-5,88	109,66	97,5	-12,16	109,66	114,5	4,84
PE	6205	5598	-607	6205	5945	-260	6205	6468	263
CE	16,23	15,82	-0,41	16,23	16,07	-0,16	16,23	16,52	0,29
DE	4,25	4,12	-0,13	4,25	4,19	-0,06	4,25	4,3	0,05

	----- AE (+) -----			----- PE (+) -----			----- CE (+) -----		
	$\bar{X}_0$	$\bar{X}_s$	ds	$\bar{X}_0$	$\bar{X}_s$	ds	$\bar{X}_0$	$\bar{X}_s$	ds
AP	208,55	215,78	7,23	208,55	212,45	3,90	208,55	208,5	-0,05
AE	109,66	123,18	13,52	109,66	117,13	7,47	109,66	111,93	2,27
PE	6205	7063	858	6205	7622	1417	6205	6696	491
CE	16,23	16,67	0,44	16,23	16,84	0,61	16,23	17,86	1,63
DE	4,25	4,32	0,07	4,25	4,42	0,17	4,25	4,25	0,00

	----- DE (+) -----		
	$\bar{X}_0$	$\bar{X}_s$	ds
AP	208,55	213,18	4,63
AE	109,66	112,15	2,49
PE	6205	6901	696
CE	16,23	16,35	0,12
DE	4,25	4,56	0,31

(-): Seleção praticada para redução do valor médio; (+): Seleção praticada para aumento do valor médio

AP: altura de plantas (cm); AE: altura de espigas (cm); PE: peso de espigas (kg.ha⁻¹); CE: comprimento de espiga (cm); DE: diâmetro de espiga (cm).

Tabela 20– Diferenciais de seleção (ds) em função da seleção direta em cinco variáveis, e efeitos causados sobre as demais variáveis em estudo, na população GO-G. Safra 2005/2006

	----- AP (-) -----			----- AE (-) -----			----- AP (+) -----		
	$\bar{X}_0$	$\bar{X}_s$	ds	$\bar{X}_0$	$\bar{X}_s$	ds	$\bar{X}_0$	$\bar{X}_s$	ds
AP	210,38	194,85	-15,53	210,38	198,7	-11,68	210,38	229,13	18,75
AE	111,64	103,35	-8,29	111,64	98,48	-13,16	111,64	121,2	9,56
PE	6616	6163	-453	6616	6270	-346	6616	7076	460
CE	15,25	14,58	-0,67	15,25	14,5	-0,75	15,25	15,96	0,71
DE	4,39	4,4	0,01	4,39	4,47	0,08	4,39	4,35	-0,04

	----- AE (+) -----			----- PE (+) -----			----- CE (+) -----		
	$\bar{X}_0$	$\bar{X}_s$	ds	$\bar{X}_0$	$\bar{X}_s$	ds	$\bar{X}_0$	$\bar{X}_s$	ds
AP	210,38	223,83	13,45	210,38	217,7	7,32	210,38	217,45	7,07
AE	111,64	128,05	16,41	111,64	113,75	2,11	111,64	115,23	3,59
PE	6616	6716	100	6616	8484	1868	6616	7499	883
CE	15,25	15,56	0,31	15,25	15,83	0,58	15,25	17,17	1,92
DE	4,39	4,37	-0,02	4,39	4,49	0,10	4,39	4,38	-0,01

	----- DE (+) -----		
	$\bar{X}_0$	$\bar{X}_s$	ds
AP	210,38	208,63	-1,75
AE	111,64	111,73	0,09
PE	6616	7466	850
CE	15,25	15,5	0,25
DE	4,39	4,79	0,40

(-): Seleção praticada para redução do valor médio; (+): Seleção praticada para aumento do valor médio

AP: altura de plantas (cm); AE: altura de espigas (cm); PE: peso de espigas (kg.ha⁻¹); CE: comprimento de espiga (cm); DE: diâmetro de espiga (cm).

Tabela 21– Diferenciais de seleção (ds) em função da seleção direta em cinco variáveis, e efeitos causados sobre as demais variáveis em estudo, na população G3. Safra 2005/2006

	----- AP (-) -----			----- AE (-) -----			----- AP (+) -----		
	$\bar{X}_0$	$\bar{X}_s$	ds	$\bar{X}_0$	$\bar{X}_s$	ds	$\bar{X}_0$	$\bar{X}_s$	ds
AP	212,66	201,9	-10,76	212,66	206,03	-6,63	212,66	223,75	11,09
AE	111,27	105,38	-5,89	111,27	102,63	-8,64	111,27	116,9	5,63
PE	6646	6292	-354	6646	6346	-300	6646	6869	223
CE	15,69	15,42	-0,27	15,69	15,14	-0,55	15,69	15,9	0,21
DE	4,38	4,36	-0,02	4,38	4,34	-0,04	4,38	4,39	0,01

	----- AE (+) -----			----- PE (+) -----			----- CE (+) -----		
	$\bar{X}_0$	$\bar{X}_s$	ds	$\bar{X}_0$	$\bar{X}_s$	ds	$\bar{X}_0$	$\bar{X}_s$	ds
AP	212,66	219,3	6,64	212,66	215,9	3,24	212,66	214,58	1,92
AE	111,27	120,83	9,56	111,27	114,65	3,38	111,27	115,08	3,81
PE	6646	6855	209	6646	7867	1221	6646	7342	696
CE	15,69	16,13	0,44	15,69	16,46	0,77	15,69	16,87	1,18
DE	4,38	4,35	-0,03	4,38	4,45	0,07	4,38	4,42	0,04

	----- DE (+) -----		
	$\bar{X}_0$	$\bar{X}_s$	ds
AP	212,66	210,43	-2,23
AE	111,27	108,6	-2,67
PE	6646	7005	359
CE	15,69	15,54	-0,15
DE	4,38	4,60	0,22

(-): Seleção praticada para redução do valor médio; (+): Seleção praticada para aumento do valor médio

AP: altura de plantas (cm); AE: altura de espigas (cm); PE: peso de espigas (kg.ha⁻¹); CE: comprimento de espiga (cm); DE: diâmetro de espiga (cm).

Tabela 22– Diferenciais de seleção (ds) em função da seleção direta em cinco variáveis, e efeitos causados sobre as demais variáveis em estudo, na população G4. Safra 2005/2006

	----- AP (-) -----			----- AE (-) -----			----- AP (+) -----		
	$\bar{X}_0$	$\bar{X}_s$	ds	$\bar{X}_0$	$\bar{X}_s$	ds	$\bar{X}_0$	$\bar{X}_s$	ds
AP	210,18	195,53	-14,65	210,18	202,95	-7,23	210,18	225,33	15,15
AE	111,98	105,35	-6,63	111,98	101,35	-10,63	111,98	118,45	6,47
PE	7381	7225	-156	7381	6922	-459	7381	7706	325
CE	15,78	15,54	-0,24	15,78	15,75	-0,03	15,78	15,76	-0,02
DE	4,34	4,38	0,04	4,34	4,42	0,08	4,34	4,33	-0,01

	----- AE (+) -----			----- PE (+) -----			----- CE (+) -----		
	$\bar{X}_0$	$\bar{X}_s$	ds	$\bar{X}_0$	$\bar{X}_s$	ds	$\bar{X}_0$	$\bar{X}_s$	ds
AP	210,18	220,33	10,15	210,18	217,68	7,50	210,18	210,53	0,35
AE	111,98	123,28	11,30	111,98	116,8	4,82	111,98	112,4	0,42
PE	7381	7876	495	7381	9000	1619	7381	7762	381
CE	15,78	15,88	0,10	15,78	16,08	0,30	15,78	17,06	1,28
DE	4,34	4,27	-0,07	4,34	4,43	0,09	4,34	4,4	0,06

	----- DE (+) -----		
	$\bar{X}_0$	$\bar{X}_s$	ds
AP	210,18	211,93	1,75
AE	111,98	110,13	-1,85
PE	7381	7960	579
CE	15,78	16,04	0,26
DE	4,34	4,56	0,22

(-): Seleção praticada para redução do valor médio; (+): Seleção praticada para aumento do valor médio

AP: altura de plantas (cm); AE: altura de espigas (cm); PE: peso de espigas (kg.ha⁻¹); CE: comprimento de espiga (cm); DE: diâmetro de espiga (cm).

Tabela 23– Diferenciais de seleção (ds) em função da seleção direta em cinco variáveis, e efeitos causados sobre as demais variáveis em estudo, na população GO-S. Safra 2005/2006

	----- AP (-) -----			----- AE (-) -----			----- AP (+) -----		
	$\bar{X}_0$	$\bar{X}_s$	ds	$\bar{X}_0$	$\bar{X}_s$	ds	$\bar{X}_0$	$\bar{X}_s$	ds
AP	197,12	180,23	-16,89	197,12	185,73	-11,39	197,12	216,03	18,91
AE	105,26	97,73	-7,53	105,26	94,58	-10,68	105,26	113,50	8,24
PE	6987	6870	-117	6987	6829	-158	6987	7517	530
CE	15,03	14,50	-0,53	15,03	14,73	-0,30	15,03	15,50	0,47
DE	4,39	4,37	-0,02	4,39	4,42	0,03	4,39	4,41	0,02

	----- AE (+) -----			----- PE (+) -----			----- CE (+) -----		
	$\bar{X}_0$	$\bar{X}_s$	ds	$\bar{X}_0$	$\bar{X}_s$	ds	$\bar{X}_0$	$\bar{X}_s$	ds
AP	197,12	208,55	11,43	197,12	200,50	3,38	197,12	200,60	3,48
AE	105,26	116,63	11,37	105,26	108,58	3,32	105,26	108,78	3,52
PE	6987	7159	172	6987	9153	2166	6987	7921	934
CE	15,03	15,24	0,21	15,03	15,84	0,81	15,03	16,85	1,82
DE	4,39	4,31	-0,08	4,39	4,54	0,15	4,39	4,43	0,04

	----- DE (+) -----		
	$\bar{X}_0$	$\bar{X}_s$	ds
AP	197,12	196,65	-0,47
AE	105,26	104,15	-1,11
PE	6987	7496	509
CE	15,03	15,34	0,31
DE	4,39	4,73	0,34

(-): Seleção praticada para redução do valor médio; (+): Seleção praticada para aumento do valor médio

AP: altura de plantas (cm); AE: altura de espigas (cm); PE: peso de espigas (kg.ha⁻¹); CE: comprimento de espiga (cm); DE: diâmetro de espiga (cm).

Tabela 24 – Resultados de ganhos por seleção em valores absolutos (GS) e em valores percentuais (GS%) para cinco variáveis em estudo obtidos a partir de progênies S₁ de sete populações de milho. Safra 2005/2006

Variáveis	GO-D		GO-F		GO-L		GO-G	
	GS	GS%	GS	GS%	GS	GS%	GS	GS%
AP (-)	-6,34	-3,18	-13,57	-6,82	-11,97	-5,74	-12,81	-6,09
AE (-)	-2,83	-2,73	-8,31	-7,98	-8,18	-7,46	-10,89	-9,75
AP (+)	6,05	3,03	12,75	6,41	13,04	6,24	15,46	7,35
AE (+)	2,69	2,58	9,27	8,92	8,74	7,95	13,51	12,10
PE	1259,07	19,62	1408,57	23,21	1284,04	20,69	1712,12	25,88
CE	0,91	5,87	1,5	9,62	1,44	8,91	1,50	9,86
DE	0,19	4,44	0,3	7,16	0,31	7,36	0,36	8,29

Variáveis	G3		G4		GO-S	
	GS	GS%	GS	GS%	GS	GS%
AP (-)	-6,24	-2,93	-10,32	-4,91	-13,49	-6,85
AE (-)	-6,64	-5,97	-6,95	-6,21	-7,28	-6,91
AP (+)	6,39	3,00	10,56	5,03	15,17	7,70
AE (+)	7,70	6,93	7,21	6,44	8,11	7,72
PE	1088,84	16,38	1475,86	20,00	2031,8	29,08
CE	0,95	6,02	1,12	7,08	1,68	11,21
DE	0,20	4,56	0,16	3,79	0,29	6,71

(-): Seleção praticada para redução da variável em estudo; (+): Seleção praticada para aumento da variável em estudo

AP: altura de plantas (cm); AE: altura de espigas (cm); PE: peso de espigas (kg.ha⁻¹); CE: comprimento de espiga (cm); DE: diâmetro de espiga (cm).

Tabela 25– Quadrados médios obtidos por análise de variância em blocos ao acaso, com arranjo em parcelas subdivididas, para ensaio de depressão por endogamia em Londrina. Safra 2006 / 2007

FV	GL	Quadrados médios					PG ⁽¹⁾ kg.ha ⁻¹
		AP	AE	DE	CE		
		----- cm -----					
Blocos	2	644,25	75,92	0,0018	5,27		36,92
Gerações	2	4362,35 **	3983,35 **	1,6752 **	32,49 **		8960,84 **
erro a	4	105,85	159,54	0,0053	0,57		14,74
Populações	6	364,62 **	218,40 *	0,1109 **	4,11 *		96,64 **
Gerações x Populações	12	59,89	114,74	0,0335	1,15		42,27 *
erro b	36	91,85	80,37	0,0293	1,34		21,05
CV Gerações (a)	-----	5,62	13,83	1,71	5,30		6,59
CV Populações (b)	-----	5,24	9,82	4,02	8,11		7,88
Média geral	-----	183	91	4,26	14,3		5825
Média S ₀	-----	199	106	4,55	15,7		8175
Média S ₁	-----	180	89	4,23	13,9		5003
Média S ₂	-----	171	79	3,99	13,3		4296
Média IPR 114 (V)	-----	173	87	4,78	14,5		7721
Média P 30R50 (HS)	-----	186	92	4,84	16,5		10591

* **, significativo a 5 e 1% de probabilidade pelo teste F

⁽¹⁾; QM para PG x 10⁴

Tabela 26– Quadrados médios obtidos por análise de variância em blocos ao acaso, com arranjo em parcelas subdivididas, para ensaio de depressão por endogamia em Piracicaba. Safra 2006 / 2007

FV	GL	Quadrados médios					PG ⁽¹⁾ kg.ha ⁻¹
		AP	AE	DE	CE		
		----- cm -----					
Blocos	2	1035,62	889,25	0,0592	0,635		20,20
Gerações	2	10594,48 **	4978,78 **	2,1716 **	58,070 **		9096,67 **
erro a	4	102,45	156,94	0,0392	1,115		90,15
Populações	6	290,79	143,80 *	0,1248 **	1,619		222,13 **
Gerações x Populações	12	88,20	68,30	0,0364	2,076		86,26 *
erro b	36	129,95	46,53	0,0225	1,414		40,11
CV Gerações (a)	-----	5,35	13,52	4,65	6,18		17,13
CV Populações (b)	-----	6,03	7,36	3,53	6,96		11,42
Média geral	-----	189	93	4,23	17,1		5543
Média S ₀	-----	213	108	4,57	18,8		7751
Média S ₁	-----	186	94	4,27	17,0		5260
Média S ₂	-----	168	77	3,93	15,5		3618
Média IPR 114 (V)	-----	184	85	4,87	18,6		8657
Média P 30R50 (HS)	-----	206	87	4,55	17,7		8921

* **, significativo a 5 e 1% de probabilidade pelo teste F

⁽¹⁾; QM para PG x 10⁴

Tabela 27– Quadrados médios obtidos por análise de variância conjunta em esquema fatorial simples, para os ensaios de depressão por endogamia em Londrina-PR e Piracicaba-SP. Safra 2006 / 2007

FV	GL	Quadrados médios									
		AP		AE		DE		CE	PG ⁽¹⁾		
		----- cm -----							kg.ha ⁻¹		
Populações (P)	6	529,46	**	242,96	*	0,1707	**	3,337	**	23,57	*
Gerações (G)	2	14250,89	**	8869,81	**	3,8161	**	87,753	*	1781,22	*
Locais (L)	1	1146,03	**	61,46		0,0001		248,840	*	24,93	*
P x G	12	59,31		84,16		0,0187		1,224		9,08	*
P x L	6	125,96		119,24		0,0650	*	2,394		8,31	*
G x L	2	705,94	**	92,32		0,0307		2,810		24,53	*
P x G x L	12	88,78		98,87		0,0512	*	2,001		3,78	
Erro	56	113,10		79,14		0,0257		1,386		3,33	
CV%	----	5,72		9,67		3,76		7,51		10,15	
Média geral	----	186		92		4,26		15,6		5684	
Média S ₀	----	206		107		4,56		17,2		7963	
Média S ₁	----	183		92		4,25		15,4		5132	
Média S ₂	----	170		78		3,96		14,4		3957	
Média IPR 114 (V)	----	179		86		4,82		16,5		8189	
Média P 30R50 (HS)	----	196		89		4,69		17,1		9756	

* **, significativo a 5 e 1% de probabilidade pelo teste F

⁽¹⁾; QM para PG x 10⁵

Tabela 28– Médias obtidas para o ensaio de depressão de endogamia na localidade de Londrina, posicionadas pela variável peso de grãos (PG). Safra 2006 / 2007

Rank	Tratamentos	PG (kg.ha ⁻¹)	UD (%)	AP (cm)	AE (cm)	IND AE/AP	AC (%)	QB (%)	PRO esp/pl	DE (cm)	CE (cm)
1	P 30R50	10591	18,8	186	92	0,49	1	6	0,99	4,84	16,5
2	G4 - S ₀	8562	19,0	198	102	0,51	4	17	0,93	4,55	17,3
3	G3 - S ₀	8346	18,1	205	112	0,54	4	20	0,95	4,67	16,1
4	GO-D - S ₀	8270	18,0	200	105	0,52	5	23	0,95	4,66	14,8
5	GO-S - S ₀	8124	18,9	180	87	0,48	2	6	1,03	4,53	14,7
6	GO-F - S ₀	8122	18,2	208	112	0,54	3	13	1,02	4,52	14,6
7	GO-G - S ₀	7971	18,7	195	115	0,59	5	26	0,97	4,51	14,8
8	GO-L - S ₀	7827	18,1	205	110	0,54	3	18	0,97	4,43	17,4
9	IPR 114	7721	18,0	173	87	0,50	2	7	0,96	4,78	14,5
10	GO-S - S ₁	5797	17,3	167	80	0,48	3	7	0,93	4,19	13,2
11	GO-S - S ₂	5472	16,9	162	78	0,49	2	10	0,96	4,04	13,2
12	GO-D - S ₁	5199	16,9	190	93	0,49	3	17	0,89	4,30	14,0
13	GO-L - S ₁	5076	16,8	181	84	0,46	0	12	0,97	4,33	14,6
14	G3 - S ₁	5028	17,0	179	87	0,48	3	15	0,96	4,39	13,8
15	GO-G - S ₁	5018	17,9	183	95	0,52	5	21	0,93	4,19	13,6
16	G4 - S ₁	4501	16,9	177	90	0,51	4	21	0,99	4,17	14,3
17	GO-F - S ₁	4404	16,9	182	97	0,53	5	17	0,97	4,01	13,6
18	GO-L - S ₂	4393	17,7	170	77	0,46	4	18	0,97	3,83	13,4
19	G3 - S ₂	4328	16,9	176	73	0,42	5	14	0,92	4,17	13,2
20	GO-D - S ₂	4247	16,7	173	87	0,50	4	14	0,97	4,04	13,9
21	GO-G - S ₂	4070	17,0	168	75	0,45	1	21	0,89	4,13	13,1
22	G4 - S ₂	3816	17,3	173	80	0,46	3	12	0,99	4,09	13,9
23	GO-F - S ₂	3745	17,1	172	80	0,47	5	15	0,92	3,64	12,1
	Média	6565	17,7	182	91	0,50	3	14	0,96	4,38	14,5
	DMS Tukey 5%	1630									

DMS: Diferença mínima significativa. As variáveis referem-se a peso de grãos corrigido para 13,5% de umidade (PG), umidade de grãos (UD), altura de plantas (AP), altura de espigas (AE), índice de inserção de espigas (IND), percentual de plantas acamadas (AC) e quebradas (QB), prolificidade (PRO), diâmetro de espigas (DE) e comprimento de espigas (CE)

Tabela 29– Médias obtidas para o ensaio de depressão de endogamia na localidade de Piracicaba, posicionadas pela variável peso de grãos (PG). Safra 2006 / 2007

Rank	Tratamentos	PG (kg.ha ⁻¹)	UD (%)	AP (cm)	AE (cm)	IND AE/AP	AC (%)	QB (%)	PRO esp/pl	DE (cm)	CE (cm)
1	P 30R50	8921	12,6	206	87	0,43	3	0	0,95	4,55	17,7
2	IPR 114	8657	13,0	184	85	0,46	3	1	0,91	4,87	18,6
3	GO-S - S ₀	8103	12,4	205	106	0,52	2	0	1,02	4,73	18,3
4	G3 - S ₀	8091	12,8	220	116	0,53	3	1	0,92	4,67	20,0
5	G4 - S ₀	7971	13,0	218	102	0,47	7	0	1,02	4,47	17,9
6	GO-F - S ₀	7851	13,1	218	113	0,52	4	2	0,94	4,40	20,1
7	GO-L - S ₀	7848	12,9	215	114	0,53	6	5	0,85	4,47	19,3
8	GO-G - S ₀	7414	12,6	210	98	0,47	4	1	0,93	4,73	17,5
9	GO-D - S ₀	6982	13,5	204	104	0,51	5	6	0,97	4,53	18,7
10	GO-S - S ₁	6315	11,9	183	91	0,50	3	1	0,86	4,60	17,4
11	GO-L - S ₁	5894	11,3	191	98	0,51	7	0	0,95	4,13	17,5
12	G4 - S ₁	5563	12,8	181	94	0,52	3	1	0,99	4,27	17,6
13	GO-D - S ₁	5206	11,5	179	87	0,48	8	0	0,97	4,27	17,3
14	GO-L - S ₂	4841	12,2	176	84	0,48	3	3	1,01	4,00	15,9
15	G3 - S ₁	4831	12,4	185	94	0,51	5	3	1,08	4,20	16,8
16	GO-F - S ₁	4674	11,6	194	97	0,50	5	1	0,85	4,20	15,8
17	GO-S - S ₂	4354	12,5	154	67	0,43	1	0	1,18	4,07	15,2
18	GO-G - S ₁	4338	12,4	190	94	0,50	7	0	0,82	4,20	16,3
19	GO-F - S ₂	3695	11,3	177	82	0,47	10	5	0,96	3,80	16,1
20	GO-G - S ₂	3657	11,7	176	80	0,45	4	2	0,84	3,93	15,8
21	G3 - S ₂	3447	11,4	167	72	0,43	7	3	0,85	4,10	16,0
22	GO-D - S ₂	2721	11,5	168	78	0,46	8	0	0,79	3,93	14,5
23	G4 - S ₂	2611	11,1	158	75	0,47	4	4	0,87	3,67	14,8
	Média	5825	12,2	190	92	0,48	5	2	0,94	4,30	17,2
	DMS Tukey 5%	2371									

DMS: Diferença mínima significativa. As variáveis referem-se a peso de grãos corrigido para 13,5% de umidade (PG), umidade de grãos (UD), altura de plantas (AP), altura de espigas (AE), índice de inserção de espigas (IND), percentual de plantas acamadas (AC) e quebradas (QB), prolificidade (PRO), diâmetro de espigas (DE) e comprimento de espigas (CE)

Tabela 30– Médias obtidas para os ensaios de depressão de endogamia nas localidades de Londrina-PR e Piracicaba-SP, posicionadas pela variável peso de grãos (PG). Safra 2006 / 2007

Rank	Tratamentos	PG (kg.ha ⁻¹)	UD (%)	AP (cm)	AE (cm)	IND AE/AP	AC (%)	QB (%)	PRO esp/pl	DE (cm)	CE (cm)
1	P 30R50	9756	15,7	196	89	0,46	2	3	0,97	4,69	17,1
2	G4 - S ₀	8267	16,0	208	102	0,49	6	9	0,98	4,51	17,6
3	G3 - S ₀	8219	15,5	213	114	0,54	4	10	0,93	4,67	18,0
4	IPR 114	8189	15,5	179	86	0,48	3	4	0,94	4,82	16,5
5	GO-S - S ₀	8114	15,7	193	97	0,50	2	3	1,03	4,63	16,5
6	GO-F - S ₀	7986	15,6	213	112	0,53	3	8	0,98	4,46	17,4
7	GO-L - S ₀	7838	15,5	210	112	0,54	4	12	0,91	4,45	18,3
8	GO-G - S ₀	7692	15,7	203	107	0,53	5	14	0,95	4,62	16,2
9	GO-D - S ₀	7626	15,7	202	105	0,52	5	15	0,96	4,60	16,7
10	GO-S - S ₁	6056	14,6	175	86	0,49	3	4	0,89	4,40	15,3
11	GO-L - S ₁	5485	14,1	186	91	0,49	4	6	0,96	4,23	16,1
12	GO-D - S ₁	5203	14,2	185	90	0,49	6	9	0,93	4,28	15,7
13	G4 - S ₁	5032	14,9	179	92	0,51	3	11	0,99	4,22	15,9
14	G3 - S ₁	4930	14,7	182	90	0,50	4	9	1,02	4,30	15,3
15	GO-S - S ₂	4913	14,7	158	73	0,46	1	5	1,07	4,05	14,2
16	GO-G - S ₁	4678	15,2	187	95	0,51	6	11	0,88	4,19	14,9
17	GO-L - S ₂	4617	14,9	173	81	0,47	3	11	0,99	3,92	14,7
18	GO-F - S ₁	4539	14,3	188	97	0,52	5	9	0,91	4,10	14,7
19	G3 - S ₂	3887	14,2	172	73	0,43	6	9	0,89	4,13	14,6
20	GO-G - S ₂	3864	14,4	172	77	0,45	2	12	0,87	4,03	14,5
21	GO-F - S ₂	3720	14,2	175	81	0,47	7	10	0,94	3,72	14,1
22	GO-D - S ₂	3484	14,1	171	82	0,48	6	7	0,88	3,99	14,2
23	G4 - S ₂	3213	14,2	166	78	0,47	4	8	0,93	3,88	14,4
	Média	5970	14,9	186	92	0,49	4	9	0,95	4,30	15,8
	DMS Tukey 5%	1405									

DMS: Diferença mínima significativa. As variáveis referem-se a peso de grãos corrigido para 13,5% de umidade (PG), umidade de grãos (UD), altura de plantas (AP), altura de espigas (AE), índice de inserção de espigas (IND), percentual de plantas acamadas (AC) e quebradas (QB), prolificidade (PRO), diâmetro de espigas (DE) e comprimento de espigas (CE).

Tabela 31– Quadrados médios obtidos por análise de variância de cinco caracteres em sete populações de milho, com decomposição da variação de gerações dentro de populações (G/P) de acordo com modelo de regressão linear. Londrina, safra 2006/2007

População	Efeito	GL	Quadrados médios							
			PG ⁽¹⁾		AP		AE		CE	DE
GO-D	G/P	2	132,62	**	544,44	**	258,33	*	0,6059	0,2908 **
	β	1	242,81	**	1066,67	**	504,17	**	0,9761	0,5766 **
	desvio	1	22,43	**	22,22		12,50		0,2358	0,0050
GO-F	G/P	2	167,04	**	1077,78	**	752,78	**	4,8440	0,5862 **
	β	1	287,28	**	2016,67	**	1504,17	**	9,5761	1,1616 **
	desvio	1	46,79	**	138,89		1,39		0,1120	0,0108
GO-L	G/P	2	99,16	**	972,33	**	913,44	**	12,3995	0,3100 **
	β	1	176,95	**	1872,67	**	1633,50	**	23,4433	0,5400 **
	desvio	1	21,37	**	72,00	*	193,39		1,3558	0,0800 **
GO-G	G/P	2	124,17	**	536,11	**	1200,00	**	2,3878	0,1223 **
	β	1	228,23	**	1066,67	**	2400,00	**	4,5067	0,2091 **
	desvio	1	20,12	**	5,56		0,002		0,2689	0,0356
G3	G/P	2	138,20	**	770,78	**	1136,11	**	6,8071	0,1932 **
	β	1	242,13	**	1261,50	**	2204,17	**	12,2694	0,3851 **
	desvio	1	34,28	**	280,06	*	68,06		1,3448	0,0014
G4	G/P	2	197,49	**	550,78	**	352,78	**	10,1399	0,1858 **
	β	1	337,96	**	962,67	**	704,17	**	16,9344	0,3267 **
	desvio	1	57,01	**	138,89		1,39		3,3454	0,0450 *
GO-S	G/P	2	62,77	**	269,44	**	58,33		2,2043	0,1879 **
	β	1	105,47	**	504,17	**	104,17		3,4656	0,3602 **
	desvio	1	20,06	**	34,72		12,50		0,9430	0,0156

*, **, significativo a 5 e 1% de probabilidade pelo teste F

⁽¹⁾; Quadrados médios para PG x 10⁵

Tabela 32– Quadrados médios obtidos por análise de variância de cinco caracteres em sete populações de milho, com decomposição da variação de gerações dentro de populações (G/P) de acordo com modelo de regressão linear. Piracicaba, safra 2006/2007

População	Efeito	GL	Quadrados médios								
			PG ⁽¹⁾		AP		AE		CE		DE
GO-D	G/P	2	137,43 **		1021,00 **		525,78 *		0,271 **		13,35 **
	β	1	272,34 **		1944,00 **		1014,00 *		0,540 **		25,63 **
	desvio	1	2,52		98,00		37,56		0,002		1,08
GO-F	G/P	2	141,63 **		1232,33 **		690,11 *		0,280 **		16,89 **
	β	1	259,13 **		2440,17 **		1380,17 **		0,540 **		23,21 **
	desvio	1	24,13		24,50		0,06		0,020		10,58 *
GO-L	G/P	2	69,83 **		1137,33 **		661,44 *		0,173 *		8,34 **
	β	1	135,60 **		2242,67 **		1320,17 **		0,327 **		16,67 **
	desvio	1	4,07		32,00		2,72		0,020		0,01
GO-G	G/P	2	120,19 **		876,00 **		286,33		0,498 **		2,22
	β	1	211,73 **		1734,00 **		522,67		0,960 **		4,17
	desvio	1	28,66		18,00		50,00		0,036		0,27
G3	G/P	2	170,59 **		2155,44 **		1474,33 **		0,274 **		13,44 **
	β	1	323,59 **		4160,67 **		2948,17 **		0,482 **		24,00 **
	desvio	1	17,58		150,22		0,50		0,067		2,88
G4	G/P	2	216,24 **		2684,78 **		592,44 *		0,520 **		8,66 **
	β	1	431,00 **		5280,67 **		1120,67 *		0,960 **		14,11 **
	desvio	1	1,48		88,89		64,22		0,080		3,21
GO-S	G/P	2	105,51 **		2016,78 **		1158,11 **		0,373 **		7,63 **
	β	1	210,86 **		4004,17 **		2281,50 **		0,667 **		14,42 **
	desvio	1	0,15		29,39		34,72		0,080		0,85

*, **; significativo a 5 e 1% de probabilidade pelo teste F

⁽¹⁾; Quadrados médios para PG x 10⁵

Tabela 33– Quadrados médios obtidos por análise de variância de cinco caracteres em sete populações de milho, com decomposição da fonte de variação gerações dentro de populações (G/P) de acordo com modelo de regressão linear. Londrina-PR e Piracicaba-SP, safra 2006/2007

População	Efeito	GL	Quadrados médios							
			PG ⁽¹⁾		AP		AE		CE	DE
GO-D	G/P	2	259,84 **		1479,39 **		760,39 **		9,2274 **	0,5583 **
	β	1	514,73 **		2945,33 **		1474,08 **		18,3027 **	1,1163 **
	desvio	1	4,96		13,44		79,14		0,1521	0,0003
GO-F	G/P	2	307,56 **		2293,39 **		1441,72 **		17,7780 **	0,8217 **
	β	1	546,05 **		4446,75 **		2883,00 **		31,2987 **	1,6428 **
	desvio	1	69,06 **		140,03		0,44		4,2573	0,0007
GO-L	G/P	2	166,61 **		2103,50 **		1533,17 **		20,3069 **	0,4317 **
	β	1	311,18 **		4107,00 **		2945,33 **		39,8216 **	0,8533 **
	desvio	1	22,04 *		100,00		121,00		0,7921	0,0100
GO-G	G/P	2	244,10 **		1381,06 **		1303,17 **		4,6039 *	0,5518 **
	β	1	439,80 **		2760,33 **		2581,33 **		8,6700 *	1,0325 **
	desvio	1	48,41 **		1,78		25,00		0,5378	0,0711
G3	G/P	2	306,63 **		2711,17 **		2582,72 **		19,6876 **	0,4541 **
	β	1	562,77 **		5002,08 **		5125,33 **		35,2947 **	0,8640 **
	desvio	1	50,48 **		420,25		40,11		4,0804	0,0441
G4	G/P	2	393,10 **		2800,67 **		912,06 **		15,4886 **	0,6029 **
	β	1	766,14 **		5376,33 **		1800,75 **		30,9765 **	1,2033 **
	desvio	1	20,06 *		225,00		23,36		0,0007	0,0025
GO-S	G/P	2	157,84 **		1837,56 **		841,56 **		8,0048 **	0,5079 **
	β	1	307,30 **		3675,00 **		1680,33 **		16,0083 **	1,0034 **
	desvio	1	8,38		0,11		2,78		0,0013	0,0125

*, **, significativo a 5 e 1% de probabilidade pelo teste F

⁽¹⁾; Quadrados médios para PG x 10⁵

Tabela 34 – Médias de altura de plantas (cm) obtidas para população original (S_0), e para progênies S_1 e S_2 , média estimada para a população original (μ_0), mudança esperada na média da população para mudança de uma unidade no nível de homozigose (β) estimada também em valores percentuais ($\beta \%$), e para 50% ($\beta /2$), 25% ($\beta /4$) e 1% ($\beta 1\%$) no aumento de homozigose. Londrina, safra 2006/2007

Populações	----- $S_0^{(1)}$ -----			----- $S_1^{(1)}$ -----			----- $S_2^{(1)}$ -----			T_1	T_2	μ_0
GO-S	180	A	a	167	A	a	162	A	a	508	205	180
G3	205	A	a	179	B	a	176	B	a	560	221	204
G4	198	A	a	177	B	a	173	B	a	549	218	197
GO-G	195	A	a	183	AB	a	168	B	a	547	218	196
GO-L	205	A	a	181	B	a	170	B	a	556	218	205
GO-D	200	A	a	190	AB	a	173	A	a	563	225	202
GO-F	208	A	a	182	B	a	172	B	a	562	220	208

Populações	β	$\beta \%$	$\beta /2$	$\beta /4$	$\beta 1\%$	$\mu + a$
GO-S	-24,76	-13,77	-6,89	-3,44	-0,248	155
G3	-40,67	-19,98	-9,99	-5,00	-0,407	163
G4	-34,95	-17,70	-8,85	-4,43	-0,350	163
GO-G	-33,81	-17,22	-8,61	-4,31	-0,338	163
GO-L	-47,14	-23,00	-11,50	-5,75	-0,471	158
GO-D	-33,33	-16,53	-8,26	-4,13	-0,333	168
GO-F	-49,52	-23,83	-11,91	-5,96	-0,495	158

⁽¹⁾; Médias seguidas de mesmas letras maiúsculas na horizontal e letras minúsculas na vertical não diferem entre si ao nível de 5% pelo teste Tukey

Tabela 35 – Médias de altura de plantas (cm) obtidas para população original (S_0), e para progênies S_1 e S_2 , média estimada para a população original (μ_0), mudança esperada na média da população para mudança de uma unidade no nível de homozigose (β) estimada também em valores percentuais ($\beta \%$), e para 50% ($\beta /2$), 25% ($\beta /4$) e 1% ($\beta 1\%$) no aumento de homozigose. Piracicaba, safra 2006/2007

Populações	----- $S_0^{(1)}$ -----			----- $S_1^{(1)}$ -----			----- $S_2^{(1)}$ -----			T_1	T_2	μ_0
GO-S	205	A	a	183	A	a	154	B	a	542	207	208
G3	220	A	a	185	B	a	167	B	a	572	218	220
G4	218	A	a	181	B	a	158	C	a	557	209	218
GO-G	210	A	a	190	AB	a	176	B	a	576	227	211
GO-L	215	A	a	191	B	a	176	B	a	582	228	215
GO-D	204	A	a	179	B	a	168	B	a	552	216	204
GO-F	218	A	a	194	B	a	177	B	a	589	230	218

Populações	β	$\beta \%$	$\beta /2$	$\beta /4$	$\beta 1\%$	$\mu + a$
GO-S	-65,33	-31,41	-15,71	-7,85	-0,653	143
G3	-70,19	-31,90	-15,95	-7,98	-0,702	150
G4	-78,19	-35,81	-17,90	-8,95	-0,782	140
GO-G	-44,57	-21,17	-10,58	-5,29	-0,446	166
GO-L	-50,83	-23,62	-11,81	-5,90	-0,508	164
GO-D	-48,29	-23,66	-11,83	-5,91	-0,483	156
GO-F	-52,86	-24,21	-12,10	-6,05	-0,529	166

⁽¹⁾; Médias seguidas de mesmas letras maiúsculas na horizontal e letras minúsculas na vertical não diferem entre si ao nível de 5% pelo teste Tukey

Tabela 36 – Médias de altura de plantas (cm) obtidas para população original (S_0), e para progênies S_1 e S_2 , média estimada para a população original (μ_0), mudança esperada na média da população para mudança de uma unidade no nível de homozigose (β) estimada também em valores percentuais ($\beta \%$), e para 50% ($\beta /2$), 25% ($\beta /4$) e 1% ($\beta 1\%$) no aumento de homozigose. Londrina-PR e Piracicaba-SP, safra 2006/2007

Populações	----- $S_0^{(1)}$ -----			----- $S_1^{(1)}$ -----			----- $S_2^{(1)}$ -----			T_1	T_2	μ_0
GO-S	193	A	b	175	B	a	158	C	a	526	206	194
G3	213	A	a	182	B	a	172	B	a	567	220	212
G4	208	A	ab	179	B	a	166	B	a	553	214	208
GO-G	203	A	ab	187	B	a	172	B	a	562	223	204
GO-L	210	A	ab	186	B	a	173	B	a	569	223	210
GO-D	202	A	ab	185	B	a	171	B	a	558	221	203
GO-F	213	A	a	188	B	a	175	B	a	576	225	213

Populações	β	$\beta \%$	$\beta /2$	$\beta /4$	$\beta 1\%$	$\mu + a$
GO-S	-45,14	-23,25	-11,63	-5,81	-0,45	149
G3	-55,71	-26,25	-13,13	-6,56	-0,56	157
G4	-56,29	-27,09	-13,54	-6,77	-0,56	152
GO-G	-40,00	-19,61	-9,80	-4,90	-0,40	164
GO-L	-49,14	-23,39	-11,69	-5,85	-0,49	161
GO-D	-40,29	-19,87	-9,93	-4,97	-0,40	163
GO-F	-50,57	-23,73	-11,87	-5,93	-0,51	163

⁽¹⁾; Médias seguidas de mesmas letras maiúsculas na horizontal e letras minúsculas na vertical não diferem entre si ao nível de 5% pelo teste Tukey

Tabela 37– Médias de altura de espigas (cm) obtidas para população original (S_0), e para progênies S_1 e S_2 , média estimada para a população original (μ_0), mudança esperada na média da população para mudança de uma unidade no nível de homozigose (β) estimada também em valores percentuais ($\beta \%$), e para 50% ($\beta /2$), 25% ($\beta /4$) e 1% ($\beta 1\%$) no aumento de homozigose. Londrina, safra 2006/2007

Populações	----- $S_0^{(1)}$ -----			----- $S_1^{(1)}$ -----			----- $S_2^{(1)}$ -----			T_1	T_2	μ_0
GO-S	87	A	a	80	A	a	78	A	a	245	99	86
G3	112	A	a	87	B	a	73	B	a	272	98	112
G4	102	A	a	90	AB	a	80	B	a	272	105	102
GO-G	115	A	a	95	B	a	75	C	a	285	104	116
GO-L	110	A	a	84	B	a	77	B	a	271	100	109
GO-D	105	A	a	93	AB	a	87	B	a	285	112	105
GO-F	112	A	a	97	AB	a	80	B	a	288	108	113

Populações	β	$\beta \%$	$\beta /2$	$\beta /4$	$\beta 1\%$	$\mu + a$
GO-S	-11,43	-13,22	-6,61	-3,31	-0,114	75
G3	-50,95	-45,58	-22,79	-11,40	-0,510	61
G4	-28,10	-27,47	-13,74	-6,87	-0,281	74
GO-G	-51,43	-44,17	-22,09	-11,04	-0,514	65
GO-L	-45,24	-41,48	-20,74	-10,37	-0,452	64
GO-D	-24,29	-23,10	-11,55	-5,78	-0,243	81
GO-F	-40,48	-35,83	-17,91	-8,96	-0,405	73

⁽¹⁾; Médias seguidas de mesmas letras maiúsculas na horizontal e letras minúsculas na vertical não diferem entre si ao nível de 5% pelo teste Tukey

Tabela 38 – Médias de altura de espigas (cm) obtidas para população original (S_0), e para progênies S_1 e S_2 , média estimada para a população original (μ_0), mudança esperada na média da população para mudança de uma unidade no nível de homozigose (β) estimada também em valores percentuais ($\beta \%$), e para 50% ($\beta /2$), 25% ($\beta /4$) e 1% ($\beta 1\%$) no aumento de homozigose. Piracicaba, safra 2006/2007

Populações	----- $S_0^{(1)}$ -----			----- $S_1^{(1)}$ -----			----- $S_2^{(1)}$ -----			T_1	T_2	μ_0
GO-S	106	A	a	91	B	a	67	C	a	265	96	109
G3	116	A	a	94	B	a	72	C	a	282	101	118
G4	102	A	a	94	A	a	75	B	a	272	103	105
GO-G	98	A	a	94	A	a	80	B	a	272	107	100
GO-L	114	A	a	98	B	a	84	C	a	295	112	114
GO-D	104	A	a	87	B	a	78	B	a	269	102	104
GO-F	113	A	a	97	B	a	82	C	a	292	110	114

Populações	β	$\beta \%$	$\beta /2$	$\beta /4$	$\beta 1\%$	$\mu + a$
GO-S	-48,95	-45,07	-22,53	-11,27	-0,49	60
G3	-57,14	-48,50	-24,25	-12,13	-0,57	61
G4	-33,52	-32,07	-16,04	-8,02	-0,34	71
GO-G	-22,57	-22,56	-11,28	-5,64	-0,23	78
GO-L	-38,52	-33,66	-16,83	-8,41	-0,39	76
GO-D	-34,57	-33,22	-16,61	-8,30	-0,35	70
GO-F	-39,05	-34,34	-17,17	-8,58	-0,39	75

⁽¹⁾; Médias seguidas de mesmas letras maiúsculas na horizontal e letras minúsculas na vertical não diferem entre si ao nível de 5% pelo teste Tukey

Tabela 39 – Médias de altura de espigas (cm) obtidas para população original (S_0), e para progênies S_1 e S_2 , média estimada para a população original (μ_0), mudança esperada na média da população para mudança de uma unidade no nível de homozigose (β) estimada também em valores percentuais ($\beta \%$), e para 50% ($\beta /2$), 25% ($\beta /4$) e 1% ($\beta 1\%$) no aumento de homozigose. Londrina-PR e Piracicaba-SP, safra 2006/2007

Populações	----- $S_0^{(1)}$ -----			----- $S_1^{(1)}$ -----			----- $S_2^{(1)}$ -----			T_1	T_2	μ_0
GO-S	97	A	b	86	A	a	73	B	a	256	98	98
G3	114	A	a	90	B	a	73	C	a	277	100	115
G4	102	A	ab	92	A	a	78	B	a	272	105	103
GO-G	107	A	ab	95	A	a	77	B	a	279	105	109
GO-L	112	A	ab	91	B	a	81	B	a	284	106	112
GO-D	105	A	ab	90	B	a	82	B	a	277	107	105
GO-F	112	A	ab	97	B	a	81	C	a	290	109	113

Populações	β	$\beta \%$	$\beta /2$	$\beta /4$	$\beta 1\%$	$\mu + a$
GO-S	-30,57	-31,17	-15,59	-7,79	-0,31	68
G3	-53,71	-46,82	-23,41	-11,71	-0,54	61
G4	-30,29	-29,32	-14,66	-7,33	-0,30	73
GO-G	-37,71	-34,69	-17,35	-8,67	-0,38	71
GO-L	-41,43	-37,01	-18,51	-9,25	-0,41	71
GO-D	-30,57	-29,10	-14,55	-7,27	-0,31	75
GO-F	-39,71	-35,08	-17,54	-8,77	-0,40	74

⁽¹⁾; Médias seguidas de mesmas letras maiúsculas na horizontal e letras minúsculas na vertical não diferem entre si ao nível de 5% pelo teste Tukey

Tabela 40 – Médias de peso de grãos (kg.ha⁻¹) obtidas para população original (S₀), e para progênies S₁ e S₂, média estimada para a população original (μ_0), mudança esperada na média da população para mudança de uma unidade no nível de homozigose (β) estimada também em valores percentuais ($\beta \%$), e para 50% ($\beta /2$), 25% ($\beta /4$) e 1% ($\beta 1\%$) no aumento de homozigose. Londrina, safra 2006/2007

Populações	----- S ₀ ⁽¹⁾ -----			----- S ₁ ⁽¹⁾ -----			----- S ₂ ⁽¹⁾ -----			T ₁	T ₂	μ_0
GO-S	8124	A	a	5797	B	a	5472	B	a	19393	7003	8004
G3	8346	A	a	5028	B	a	4328	B	a	17702	5760	8209
G4	8562	A	a	4501	B	a	3816	B	a	16879	5113	8370
GO-G	7971	A	a	5018	B	a	4070	C	a	17059	5562	7896
GO-L	7827	A	a	5076	B	a	4393	B	a	17296	5833	7728
GO-D	8270	A	a	5199	B	a	4247	C	a	17716	5785	8187
GO-F	8122	A	a	4404	B	a	3745	B	a	16271	5011	7951

Populações	β	$\beta \%$	$\beta /2$	$\beta /4$	$\beta 1\%$	$\mu + a$
GO-S	-3695	-46,17	-23,09	-11,54	-36,957	4309
G3	-5539	-67,49	-33,74	-16,87	-55,400	2669
G4	-6584	-78,67	-39,33	-19,67	-65,843	1786
GO-G	-5301	-67,15	-33,58	-16,79	-53,020	2594
GO-L	-4710	-60,95	-30,48	-15,24	-47,106	3018
GO-D	-5475	-66,88	-33,44	-16,72	-54,751	2712
GO-F	-6064	-76,28	-38,14	-19,07	-60,646	1886

⁽¹⁾; Médias seguidas de mesmas letras maiúsculas na horizontal e letras minúsculas na vertical não diferem entre si ao nível de 5% pelo teste Tukey

Tabela 41 – Médias de peso de grãos (kg.ha⁻¹) obtidas para população original (S₀), e para progênies S₁ e S₂, média estimada para a população original (μ_0), mudança esperada na média da população para mudança de uma unidade no nível de homozigose (β) estimada também em valores percentuais (β %), e para 50% (β /2), 25% (β /4) e 1% (β 1%) no aumento de homozigose. Piracicaba, safra 2006/2007

Populações	----- S ₀ ⁽¹⁾ -----			----- S ₁ ⁽¹⁾ -----			----- S ₂ ⁽¹⁾ -----			T ₁	T ₂	μ_0
GO-S	8103	A	a	6315	B	a	4354	C	a	18772	6423	8256
G3	8091	A	a	4831	B	a	3447	C	a	16369	5001	8056
G4	7971	A	a	5563	B	a	2611	C	a	16146	4740	8221
GO-G	7414	A	a	4338	B	a	3657	B	a	15409	4912	7291
GO-L	7848	A	a	5894	B	a	4841	B	a	18583	6578	7859
GO-D	6982	A	a	5206	B	a	2721	C	a	14909	4644	7210
GO-F	7851	A	a	4674	B	a	3695	B	a	16220	5108	7764

Populações	β	β %	β /2	β /4	β 1%	$\mu + a$
GO-S	-4796	-58,09	-29,05	-14,52	-47,96	3460
G3	-6240	-77,45	-38,72	-19,36	-62,40	1817
G4	-6814	-82,88	-41,44	-20,72	-68,14	1407
GO-G	-5172	-70,94	-35,47	-17,73	-51,72	2119
GO-L	-3994	-50,83	-25,41	-12,71	-39,94	3864
GO-D	-5377	-74,58	-37,29	-18,64	-53,77	1833
GO-F	-5658	-72,87	-36,43	-18,22	-56,58	2107

⁽¹⁾; Médias seguidas de mesmas letras maiúsculas na horizontal e letras minúsculas na vertical não diferem entre si ao nível de 5% pelo teste Tukey

Tabela 42 – Médias de peso de grãos (kg.ha⁻¹) obtidas para população original (S₀), e para progênies S₁ e S₂, média estimada para a população original (μ_0), mudança esperada na média da população para mudança de uma unidade no nível de homozigose (β) estimada também em valores percentuais ($\beta \%$), e para 50% ($\beta /2$), 25% ($\beta /4$) e 1% ($\beta 1\%$) no aumento de homozigose. Londrina-PR e Piracicaba-SP, safra 2006/2007

Populações	----- S ₀ ⁽¹⁾ -----			----- S ₁ ⁽¹⁾ -----			----- S ₂ ⁽¹⁾ -----			T ₁	T ₂	μ_0
GO-S	8114	A	a	6056	B	a	4913	C	a	19083	6713	8130
G3	8219	A	a	4930	B	b	3887	C	bc	17036	5380	8133
G4	8267	A	a	5032	B	b	3213	C	c	16512	4926	8296
GO-G	7692	A	a	4678	B	b	3864	C	bc	16234	5237	7593
GO-L	7838	A	a	5485	B	ab	4617	C	ab	17940	6205	7794
GO-D	7626	A	a	5203	B	ab	3484	C	c	16313	5215	7699
GO-F	7986	A	a	4539	B	b	3720	C	bc	16245	5060	7857

Populações	β	$\beta \%$	$\beta /2$	$\beta /4$	$\beta 1\%$	$\mu + a$
GO-S	-4246	-52,23	-26,11	-13,06	-42,46	3884
G3	-5890	-72,43	-36,21	-18,11	-58,91	2243
G4	-6700	-80,77	-40,38	-20,19	-67,00	1596
GO-G	-5235	-68,96	-34,48	-17,24	-52,36	2357
GO-L	-4353	-55,86	-27,93	-13,96	-43,53	3441
GO-D	-5425	-70,48	-35,24	-17,62	-54,26	2273
GO-F	-5860	-74,59	-37,29	-18,65	-58,60	1997

⁽¹⁾; Médias seguidas de mesmas letras maiúsculas na horizontal e letras minúsculas na vertical não diferem entre si ao nível de 5% pelo teste Tukey

Tabela 43 – Médias de comprimento de espigas (cm) obtidas para população original (S_0), e para progênie S_1 e S_2 , média estimada para a população original (μ_0), mudança esperada na média da população para mudança de uma unidade no nível de homozigose (β) estimada também em valores percentuais ($\beta \%$), e para 50% ($\beta /2$), 25% ($\beta /4$) e 1% ($\beta 1\%$) no aumento de homozigose. Londrina, safra 2006/2007

Populações	----- $S_0^{(1)}$ -----			----- $S_1^{(1)}$ -----			----- $S_2^{(1)}$ -----			T_1	T_2	μ_0
GO-S	14,7	A	a	13,2	A	a	13,2	A	a	41,1	16,5	14,59
G3	16,1	A	a	13,8	AB	a	13,2	B	a	43,1	16,8	16,01
G4	17,3	A	a	14,3	B	a	13,9	B	a	45,5	17,6	17,11
GO-G	14,8	A	a	13,6	A	a	13,1	A	a	41,5	16,6	14,82
GO-L	17,4	A	a	14,6	B	a	13,4	B	a	45,4	17,4	17,36
GO-D	14,8	A	a	14,0	A	a	13,9	A	a	42,7	17,5	14,71
GO-F	14,6	A	a	13,6	AB	a	12,1	B	a	40,4	15,9	14,78
Populações	β			$\beta \%$			$\beta /2$			$\beta /4$	$\beta 1\%$	$\mu + a$
GO-S	-2,15			-14,72			-7,36			-3,68	-0,021	12,4
G3	-3,91			-24,44			-12,22			-6,11	-0,039	12,1
G4	-4,69			-27,41			-13,70			-6,85	-0,047	12,4
GO-G	-2,33			-15,75			-7,87			-3,94	-0,023	12,5
GO-L	-5,32			-30,63			-15,31			-7,66	-0,053	12,0
GO-D	-1,14			-7,72			-3,86			-1,93	-0,011	13,6
GO-F	-3,18			-21,52			-10,76			-5,38	-0,032	11,6

⁽¹⁾; Médias seguidas de mesmas letras maiúsculas na horizontal e letras minúsculas na vertical não diferem entre si ao nível de 5% pelo teste Tukey

Tabela 44 – Médias de comprimento de espigas (cm) obtidas para população original (S_0), e para progênie S_1 e S_2 , média estimada para a população original (μ_0), mudança esperada na média da população para mudança de uma unidade no nível de homozigose (β) estimada também em valores percentuais ($\beta \%$), e para 50% ($\beta /2$), 25% ($\beta /4$) e 1% ($\beta 1\%$) no aumento de homozigose. Piracicaba, safra 2006/2007

Populações	----- $S_0^{(1)}$ -----			----- $S_1^{(1)}$ -----			----- $S_2^{(1)}$ -----			T_1	T_2	μ_0
GO-S	18,3	A	a	17,4	AB	a	15,2	B	a	50,9	20,1	18,6
G3	20,0	A	a	16,8	B	a	16,0	B	a	52,8	20,4	19,9
G4	17,9	A	a	17,6	A	a	14,8	B	a	50,3	19,9	18,3
GO-G	17,5	A	a	16,3	A	a	15,8	A	a	49,5	20,0	17,4
GO-L	19,3	A	a	17,5	AB	a	15,9	B	a	52,7	20,7	19,4
GO-D	18,7	A	a	17,3	A	a	14,5	B	a	50,5	19,6	19,0
GO-F	20,1	A	a	15,8	B	a	16,1	B	a	52,0	20,0	19,7

Populações	β	$\beta \%$	$\beta /2$	$\beta /4$	$\beta 1\%$	$\mu + a$
GO-S	-3,80	-20,49	-10,24	-5,12	-0,04	14,8
G3	-5,49	-27,59	-13,79	-6,90	-0,05	14,4
G4	-3,58	-19,59	-9,80	-4,90	-0,04	14,7
GO-G	-2,25	-12,88	-6,44	-3,22	-0,02	15,2
GO-L	-4,30	-22,21	-11,11	-5,55	-0,04	15,1
GO-D	-5,10	-26,91	-13,45	-6,73	-0,05	13,9
GO-F	-5,71	-28,99	-14,49	-7,25	-0,06	14,0

⁽¹⁾; Médias seguidas de mesmas letras maiúsculas na horizontal e letras minúsculas na vertical não diferem entre si ao nível de 5% pelo teste Tukey

Tabela 45 – Médias de comprimento de espigas (cm) obtidas para população original (S_0), e para progênie S_1 e S_2 , média estimada para a população original (μ_0), mudança esperada na média da população para mudança de uma unidade no nível de homozigose (β) estimada também em valores percentuais ($\beta \%$), e para 50% ($\beta /2$), 25% ($\beta /4$) e 1% ($\beta 1\%$) no aumento de homozigose. Londrina-PR e Piracicaba-SP, safra 2006/2007

Populações	----- $S_0^{(1)}$ -----			----- $S_1^{(1)}$ -----			----- $S_2^{(1)}$ -----			T_1	T_2	μ_0
GO-S	16,5	A	ab	15,3	AB	a	14,2	B	a	46,00	18,3	16,6
G3	18,0	A	ab	15,3	B	a	14,6	B	a	47,90	18,6	17,9
G4	17,6	A	ab	15,9	AB	a	14,4	B	a	47,90	18,8	17,7
GO-G	16,2	A	b	14,9	AB	a	14,5	B	a	45,60	18,3	16,2
GO-L	18,3	A	a	16,1	B	a	14,7	B	a	49,10	19,1	18,3
GO-D	16,7	A	ab	15,7	AB	a	14,2	B	a	46,60	18,5	16,8
GO-F	17,4	A	ab	14,7	B	a	14,1	B	a	46,20	17,9	17,3

Populações	β	$\beta \%$	$\beta /2$	$\beta /4$	$\beta 1\%$	$\mu + a$
GO-S	-2,97	-17,93	-8,97	-4,48	-0,0297	13,6
G3	-4,66	-26,01	-13,00	-6,50	-0,0466	13,3
G4	-4,14	-23,42	-11,71	-5,85	-0,0414	13,6
GO-G	-2,31	-14,32	-7,16	-3,58	-0,0231	13,9
GO-L	-4,74	-25,86	-12,93	-6,46	-0,0474	13,6
GO-D	-3,14	-18,66	-9,33	-4,66	-0,0314	13,7
GO-F	-4,54	-26,27	-13,13	-6,57	-0,0454	12,8

⁽¹⁾; Médias seguidas de mesmas letras maiúsculas na horizontal e letras minúsculas na vertical não diferem entre si ao nível de 5% pelo teste Tukey

Tabela 46 – Médias de diâmetros espigas (cm) obtidas para população original (S_0), e para progênes S_1 e S_2 , média estimada para a população original (μ_0), mudança esperada na média da população para mudança de uma unidade no nível de homozigose (β) estimada também em valores percentuais ($\beta \%$), e para 50% ($\beta /2$), 25% ($\beta /4$) e 1% ($\beta 1\%$) no aumento de homozigose. Londrina, safra 2006/2007

Populações	----- $S_0^{(1)}$ -----			----- $S_1^{(1)}$ -----			----- $S_2^{(1)}$ -----			T_1	T_2	μ_0
GO-S	4,53	A	a	4,19	AB	a	4,04	B	ab	12,76	5,12	4,53
G3	4,67	A	a	4,39	AB	a	4,17	B	a	13,23	5,32	4,69
G4	4,55	A	a	4,17	B	a	4,09	B	ab	12,81	5,15	4,54
GO-G	4,51	A	a	4,19	AB	a	4,13	B	ab	12,83	5,19	4,49
GO-L	4,43	A	a	4,33	A	a	3,83	B	ab	12,60	5,04	4,50
GO-D	4,66	A	a	4,30	B	a	4,04	B	ab	13,00	5,18	4,67
GO-F	4,52	A	a	4,01	B	a	3,64	C	b	12,17	4,73	4,54

Populações	β	$\beta \%$	$\beta /2$	$\beta /4$	$\beta 1\%$	$\mu + a$
GO-S	-0,66	-14,48	-7,24	-3,62	-0,007	3,87
G3	-0,66	-14,06	-7,03	-3,52	-0,007	4,03
G4	-0,64	-14,17	-7,08	-3,54	-0,006	3,90
GO-G	-0,52	-11,54	-5,77	-2,88	-0,005	3,97
GO-L	-0,71	-15,88	-7,94	-3,97	-0,007	3,78
GO-D	-0,81	-17,37	-8,68	-4,34	-0,008	3,86
GO-F	-1,15	-25,41	-12,70	-6,35	-0,012	3,38

⁽¹⁾; Médias seguidas de mesmas letras maiúsculas na horizontal e letras minúsculas na vertical não diferem entre si ao nível de 5% pelo teste Tukey

Tabela 47 – Médias de diâmetros espigas (cm) obtidas para população original (S_0), e para progênies S_1 e S_2 , média estimada para a população original (μ_0), mudança esperada na média da população para mudança de uma unidade no nível de homozigose (β) estimada também em valores percentuais ($\beta \%$), e para 50% ($\beta /4$), 25% ($\beta /2$) e 1% ($\beta 1\%$) no aumento de homozigose. Piracicaba, safra 2006/2007

Populações	----- $S_0^{(1)}$ -----			----- $S_1^{(1)}$ -----			----- $S_2^{(1)}$ -----			T_1	T_2	μ_0
GO-S	4,73	A	a	4,60	A	a	4,07	B	a	13,4	5,4	4,80
G3	4,67	A	a	4,20	B	a	4,10	B	a	13,0	5,2	4,65
G4	4,47	A	a	4,27	A	a	3,67	B	a	12,4	4,9	4,54
GO-G	4,73	A	a	4,20	B	a	3,93	B	a	12,9	5,1	4,73
GO-L	4,47	A	a	4,13	B	a	4,00	B	a	12,6	5,1	4,46
GO-D	4,53	A	a	4,27	A	a	3,93	B	a	12,7	5,1	4,56
GO-F	4,40	A	a	4,20	A	a	3,80	B	a	12,4	5,0	4,44

Populações	β	$\beta \%$	$\beta /2$	$\beta /4$	$\beta 1\%$	$\mu + a$
GO-S	-0,80	-16,67	-8,33	-4,17	-0,01	4,00
G3	-0,78	-16,80	-8,40	-4,20	-0,01	3,87
G4	-0,97	-21,41	-10,70	-5,35	-0,01	3,57
GO-G	-1,07	-22,54	-11,27	-5,63	-0,01	3,67
GO-L	-0,63	-14,09	-7,04	-3,52	-0,01	3,83
GO-D	-0,76	-16,70	-8,35	-4,18	-0,01	3,80
GO-F	-0,74	-16,72	-8,36	-4,18	-0,01	3,70

⁽¹⁾; Médias seguidas de mesmas letras maiúsculas na horizontal e letras minúsculas na vertical não diferem entre si ao nível de 5% pelo teste Tukey

Tabela 48 – Médias de diâmetros espigas (cm) obtidas para população original (S_0), e para progênies S_1 e S_2 , média estimada para a população original (μ_0), mudança esperada na média da população para mudança de uma unidade no nível de homozigose (β) estimada também em valores percentuais ($\beta \%$), e para 50% ($\beta /2$), 25% ($\beta /4$) e 1% ($\beta 1\%$) no aumento de homozigose. Londrina-PR e Piracicaba-SP, safra 2006/2007

Populações	----- $S_0^{(1)}$ -----			----- $S_1^{(1)}$ -----			----- $S_2^{(1)}$ -----			T_1	T_2	μ_0
GO-S	4,63	A	a	4,40	B	a	4,05	C	a	13,08	5,24	4,66
G3	4,67	A	a	4,30	B	ab	4,13	B	a	13,10	5,25	4,67
G4	4,51	A	a	4,22	B	ab	3,88	C	ab	12,61	5,02	4,54
GO-G	4,62	A	a	4,19	B	ab	4,03	B	a	12,84	5,12	4,61
GO-L	4,45	A	a	4,23	A	ab	3,92	B	ab	12,60	5,06	4,48
GO-D	4,60	A	a	4,28	B	ab	3,99	C	ab	12,87	5,13	4,62
GO-F	4,46	A	a	4,10	B	b	3,72	C	b	12,28	4,84	4,49

Populações	β	$\beta \%$	$\beta /2$	$\beta /4$	$\beta 1\%$	$\mu + a$
GO-S	-0,73	-15,62	-7,81	-3,91	-0,0073	3,94
G3	-0,72	-15,49	-7,74	-3,87	-0,0072	3,95
G4	-0,80	-17,69	-8,85	-4,42	-0,0080	3,74
GO-G	-0,80	-17,28	-8,64	-4,32	-0,0080	3,82
GO-L	-0,67	-14,93	-7,46	-3,73	-0,0067	3,81
GO-D	-0,79	-17,07	-8,54	-4,27	-0,0079	3,83
GO-F	-0,95	-21,13	-10,57	-5,28	-0,0095	3,54

⁽¹⁾; Médias seguidas de mesmas letras maiúsculas na horizontal e letras minúsculas na vertical não diferem entre si ao nível de 5% pelo teste Tukey

APÊNDICES

APÊNDICE 1 – Médias das variáveis altura de plantas (AP), altura de espigas (AE), comprimento de espigas (CE), diâmetro de espigas (DE) e peso de espigas (PE) ordenadas por PE, para progênies S₁ da população GO-D

(continua)						
Rank	Trat	AP	AE	CE	DE	PE
			(cm)			(kg.ha ⁻¹)
1	13	207	104	17,1	4,7	12828
2	18	207	107	17,5	4,7	10939
3	28	197	108	16,5	5,0	9157
4	32	212	112	16,2	4,5	7941
5	15	205	114	17,5	4,6	7830
6	3	187	105	14,6	4,1	7658
7	17	210	102	15,1	4,4	7455
8	16	195	110	17,0	4,4	7266
9	4	180	104	17,1	4,0	7235
10	1	192	106	14,7	4,8	7214
11	21	213	109	15,1	4,5	7183
12	11	207	110	15,5	4,2	7140
13	9	205	107	15,4	4,4	7100
14	31	220	112	17,5	4,3	6975
15	39	184	97	13,0	4,5	6969
16	34	189	104	14,8	4,0	6911
17	29	203	107	13,0	4,7	6907
18	22	219	110	16,7	4,1	6884
19	19	194	109	15,1	4,2	6799
20	7	224	102	16,6	4,4	6760
21	26	185	98	18,2	4,4	6632
22	36	210	109	15,8	4,4	6178
23	27	182	95	14,8	4,3	6112
24	30	187	96	17,7	4,4	5907
25	12	197	103	16,4	4,8	5862
26	25	199	104	14,7	4,3	5788
27	37	209	110	16,0	4,0	5594
28	10	210	106	13,5	4,5	5459
29	40	187	92	15,4	4,2	5323
30	23	179	88	16,0	4,7	5322
31	35	197	94	15,6	4,0	5193
32	8	200	98	14,9	4,4	5122
33	24	197	100	14,8	4,5	5030
34	2	214	114	14,2	4,4	5026
35	14	200	99	13,6	4,3	4743

APÊNDICE 1 – Médias das variáveis altura de plantas (AP), altura de espigas (AE), comprimento de espigas (CE), diâmetro de espigas (DE) e peso de espigas (PE) ordenadas por PE, para progênie S₁ da população GO-D

(conclusão)

Rank	Trat	AP	AE	CE	DE	PE
		----- (cm) -----				(kg.ha ⁻¹)
36	5	190	100	12,5	4,4	4423
37	33	205	110	13,6	3,6	4308
38	20	202	100	15,2	4,2	3360
39	6	187	97	15,0	4,2	3357
40	38	202	100	16,0	4,0	2768
	MÉDIA	200	104	15,5	4,4	6416

APÊNDICE 2 – Médias das variáveis altura de plantas (AP), altura de espigas (AE), comprimento de espigas (CE), diâmetro de espigas (DE) e peso de espigas (PE) ordenadas por PE, para progênies S₁ da população GO-F

(continua)						
Rank	Trat	AP	AE	CE	DE	PE
			----- (cm) -----			
						(kg.ha ⁻¹)
1	73	194	104	17,1	4,5	10750
2	28	210	115	16,0	4,6	8152
3	14	212	117	15,6	4,6	7877
4	56	209	112	18,1	4,1	7841
5	19	180	98	15,9	4,2	7704
6	23	183	97	15,7	4,4	7700
7	30	247	122	14,6	4,4	7665
8	11	212	107	15,2	4,2	7578
9	38	200	107	14,5	4,5	7495
9	42	208	107	16,6	4,0	7495
11	21	202	110	18,8	4,7	7494
12	7	189	103	15,2	4,9	7444
13	71	197	97	16,5	4,8	7423
14	22	205	110	13,2	4,3	7402
15	46	204	104	15,2	4,1	7226
16	34	193	88	15,1	4,4	7191
17	66	204	107	17,1	4,1	7180
18	15	185	100	15,2	4,3	7027
19	1	209	103	16,4	4,3	7019
20	16	179	111	15,2	4,2	6788
21	74	187	107	15,5	4,1	6726
22	2	200	117	17,5	4,2	6713
23	65	207	107	14,8	4,1	6645
24	39	210	98	15,9	3,9	6607
25	9	197	100	16,0	4,4	6567
26	43	190	109	13,8	4,0	6555
27	57	208	92	12,9	4,4	6348
28	20	190	98	18,5	4,3	6243
29	10	208	104	17,1	4,1	6235
30	58	200	110	15,5	4,4	6210
31	75	182	95	16,3	4,2	6106
32	13	222	120	17,6	3,6	6058
33	70	197	103	15,6	4,8	6026
34	4	217	102	17,3	4,4	6020
35	61	224	134	16,0	4,0	6002
36	35	217	114	16,2	3,9	5993
37	5	195	102	19,7	4,0	5978
38	47	193	102	16,1	4,6	5961

APÊNDICE 2 – Médias das variáveis altura de plantas (AP), altura de espigas (AE), comprimento de espigas (CE), diâmetro de espigas (DE) e peso de espigas (PE) ordenadas por PE, para progênie S₁ da população GO-F

(conclusão)

Rank	Trat	AP	AE	CE	DE	PE
		----- (cm) -----				(kg.ha ⁻¹)
39	25	210	102	17,3	4,0	5960
40	32	185	114	16,6	4,0	5929
41	36	182	95	15,6	3,6	5880
42	6	200	103	14,7	4,0	5792
43	40	210	100	15,0	4,3	5759
44	3	182	95	16,0	4,0	5746
45	27	184	98	14,3	4,2	5690
46	50	188	113	14,1	3,9	5690
47	68	185	99	16,0	3,9	5647
48	60	215	107	13,7	4,0	5603
49	12	198	103	14,3	4,4	5556
50	8	184	95	16,1	4,4	5543
51	44	194	105	16,2	4,3	5508
52	24	197	107	14,5	4,1	5500
53	69	208	108	14,6	4,1	5438
54	63	210	107	12,4	4,5	5419
55	41	192	100	15,5	3,7	5397
56	53	202	105	15,3	4,0	5369
57	64	188	99	15,1	4,6	5367
58	17	209	104	15,0	4,5	5300
59	67	185	97	11,8	4,4	5208
60	72	215	125	18,2	3,9	5188
61	33	207	104	14,0	4,2	5155
62	59	178	104	16,4	4,3	5105
63	45	214	108	14,0	3,8	5101
64	62	204	100	15,1	3,7	5023
65	54	191	100	13,9	3,9	4907
66	31	165	89	15,4	4,4	4885
67	37	190	93	16,7	4,0	4845
68	29	224	110	15,3	4,4	4735
69	55	200	114	16,0	3,8	4661
70	52	208	107	15,8	3,7	4611
71	48	204	117	14,1	4,0	4446
72	18	200	102	15,1	4,3	4421
73	49	190	100	12,6	4,2	3526
74	26	210	84	16,2	3,8	3366
75	51	160	84	15,3	4,0	2540
MÉDIA		199	104	15,6	4,2	6070

APÊNDICE 3 – Médias das variáveis altura de plantas (AP), altura de espigas (AE), comprimento de espigas (CE), diâmetro de espigas (DE) e peso de espigas (PE) ordenadas por PE, para progênies S₁ da população GO-L

(continua)						
Rank	Trat	AP	AE	CE	DE	PE
			(cm)		(kg.ha ⁻¹)	
1	3	237	130	18,0	4,5	10403
2	27	234	135	18,8	4,7	9431
3	23	219	117	17,6	4,3	8729
4	24	202	115	16,4	4,6	8455
5	47	207	120	15,1	4,3	8110
6	41	210	119	16,3	4,5	7657
7	61	205	119	16,9	4,4	7524
8	58	190	120	17,4	4,1	7361
9	69	200	107	16,4	4,8	7327
10	63	204	107	16,6	4,8	7268
11	46	209	114	17,8	4,6	7246
12	1	203	127	18,3	4,2	7209
13	20	227	129	15,4	4,0	7198
14	39	218	113	16,4	4,1	7164
15	38	220	107	18,2	4,3	7142
16	13	213	101	14,7	4,4	6938
17	36	204	107	15,3	4,3	6896
18	19	210	108	17,2	4,6	6805
19	5	230	144	15,4	4,5	6796
20	60	210	107	18,7	4,4	6790
21	35	208	110	17,5	4,0	6781
22	43	257	105	15,4	4,2	6673
23	55	223	120	16,8	4,4	6666
24	32	202	107	15,4	4,5	6651
25	14	207	101	18,6	3,7	6527
26	30	208	122	15,4	3,9	6516
27	15	168	95	15,2	4,2	6485
28	49	200	108	14,1	4,3	6484
29	66	203	113	17,3	4,5	6396
30	8	238	130	17,0	4,5	6379
31	45	200	95	17,4	4,2	6370
32	51	199	112	16,3	4,2	6341
33	2	222	103	16,5	4,2	6267
34	56	199	103	16,5	4,0	6145
35	29	205	104	14,0	4,5	6141
36	10	185	79	16,0	4,1	6100
37	31	215	102	16,6	4,1	6070
38	4	212	115	18,0	4,5	6047

APÊNDICE 3 – Médias das variáveis altura de plantas (AP), altura de espigas (AE), comprimento de espigas (CE), diâmetro de espigas (DE) e peso de espigas (PE) ordenadas por PE, para progênie S₁ da população GO-L

(conclusão)

Rank	Trat	AP	AE	CE	DE	PE
		----- (cm) -----				(kg.ha ⁻¹)
39	53	190	112	18,3	4,0	6039
40	22	227	85	16,1	4,5	6038
41	62	205	115	17,6	4,4	6020
42	48	198	122	16,2	4,2	6016
43	37	210	95	13,9	4,3	5965
44	6	210	95	17,2	4,2	5947
44	16	220	105	15,6	4,5	5947
46	21	215	100	16,7	4,1	5940
47	57	204	102	15,1	3,9	5873
48	52	215	109	14,9	3,9	5859
49	26	183	93	18,2	3,7	5797
50	28	209	119	14,5	4,2	5782
51	34	200	109	14,7	4,1	5750
52	67	224	110	14,9	4,5	5727
53	68	200	105	16,7	3,8	5686
54	7	202	104	17,2	4,6	5666
55	12	185	102	16,2	4,0	5618
56	59	215	122	18,0	4,0	5480
57	65	199	102	15,4	4,1	5225
58	64	197	98	16,0	4,4	5091
59	18	190	105	15,6	3,9	5079
60	11	209	115	14,7	4,2	4937
61	70	222	114	14,6	4,1	4891
62	54	200	112	15,7	4,2	4871
63	33	214	105	14,7	3,8	4824
64	25	215	108	16,1	4,1	4808
65	44	195	104	15,8	4,0	4760
66	17	185	93	14,0	4,6	4699
67	50	242	127	17,2	4,3	4558
68	42	212	112	15,8	4,2	3367
69	9	215	109	17,3	4,0	2543
70	40	198	108	10,8	4,2	2040
MÉDIA		209	110	16,2	4,2	6205

APÊNDICE 4 – Médias das variáveis altura de plantas (AP), altura de espigas (AE), comprimento de espigas (CE), diâmetro de espigas (DE) e peso de espigas (PE) ordenadas por PE, para progênies S₁ da população GO-G

(continua)						
Rank	Trat	AP	AE	CE	DE	PE
		----- (cm) -----				(kg.ha ⁻¹)
1	76	202	107	17,3	4,9	12870
2	74	222	117	20,2	4,9	12034
3	22	225	110	17,6	5,0	8906
4	14	202	98	16,6	4,5	8858
5	70	253	132	17,8	4,8	8725
6	28	243	128	13,3	4,2	8525
7	79	215	107	14,9	4,6	8254
8	48	245	125	15,1	4,5	8159
8	55	217	93	15,9	4,6	8159
10	71	215	137	15,6	4,3	8089
11	19	212	105	16,5	4,2	8017
12	72	203	102	13,9	4,5	7933
13	27	205	129	16,3	4,7	7856
14	4	219	115	13,3	4,4	7719
15	33	199	108	15,1	4,2	7710
16	61	217	110	14,2	4,4	7625
17	43	215	115	17,1	4,1	7583
18	75	209	115	15,6	4,4	7570
19	24	222	108	13,1	4,4	7560
20	54	219	119	17,2	4,2	7531
21	1	209	142	13,8	4,7	7501
22	40	199	101	13,8	4,5	7352
23	47	204	102	16,7	4,7	7254
24	62	208	109	15,2	4,5	7204
25	59	212	120	16,5	4,5	7168
26	51	230	127	16,3	4,2	7123
27	21	197	107	16,7	4,0	7094
28	37	215	125	17,5	4,6	6975
29	15	209	107	15,7	4,1	6941
30	58	239	127	15,6	4,3	6925
31	64	222	124	16,3	4,3	6922
32	52	183	97	15,3	4,0	6738
33	60	222	93	14,6	4,4	6696
34	31	219	125	17,1	4,1	6585
35	3	212	117	16,5	4,4	6579
36	6	209	117	15,4	4,3	6572
37	50	232	127	17,4	3,8	6563
38	12	195	103	13,9	4,4	6413

APÊNDICE 4 – Médias das variáveis altura de plantas (AP), altura de espigas (AE), comprimento de espigas (CE), diâmetro de espigas (DE) e peso de espigas (PE) ordenadas por PE, para progênie S₁ da população GO-G

(continuação)

Rank	Trat	AP	AE	CE	DE	PE
		----- (cm) -----				(kg.ha ⁻¹)
39	49	209	94	15,0	4,2	6401
40	26	200	104	15,9	4,2	6398
41	7	185	94	13,5	5,2	6390
42	39	210	119	14,1	4,4	6319
43	69	222	118	16,4	4,0	6301
44	13	207	120	15,2	4,1	6267
45	53	209	105	13,3	5,6	6265
46	35	217	107	17,7	4,1	6264
47	46	213	112	15,0	4,4	6208
48	9	207	100	13,8	4,9	6160
49	41	202	107	13,4	4,3	6160
50	38	215	120	15,0	4,4	6110
51	25	227	130	14,5	4,2	6050
52	56	200	104	14,0	4,0	6040
53	30	180	103	12,6	4,5	5916
54	17	192	102	13,7	4,8	5891
55	73	212	125	13,5	4,7	5885
56	5	209	117	16,8	4,2	5871
57	20	203	104	14,1	4,5	5867
58	8	217	110	15,2	4,0	5828
59	36	205	107	14,3	4,5	5820
60	16	199	103	14,9	4,5	5732
61	63	200	104	14,8	4,3	5726
62	67	205	119	15,9	3,8	5675
63	29	202	92	14,9	4,4	5645
64	57	199	107	14,7	4,7	5574
65	11	200	107	15,8	4,5	5555
66	77	180	99	13,2	4,4	5539
67	23	202	100	13,5	4,3	5532
68	78	219	121	14,2	4,3	5509
69	10	202	135	14,0	4,7	5305
70	66	204	104	14,9	4,5	5266
71	34	205	107	14,4	4,2	5141
72	45	196	94	15,0	4,5	5012
73	18	204	104	13,1	4,6	4908
74	42	242	142	15,4	4,4	4875
75	32	205	107	15,6	4,0	4625

APÊNDICE 4 – Médias das variáveis altura de plantas (AP), altura de espigas (AE), comprimento de espigas (CE), diâmetro de espigas (DE) e peso de espigas (PE) ordenadas por PE, para progênie S₁ da população GO-G

(conclusão)

Rank	Trat	AP	AE	CE	DE	PE
		----- (cm) -----				(kg.ha ⁻¹)
76	44	192	102	14,6	3,8	4491
77	2	235	117	16,4	4,4	4442
78	68	203	109	15,2	4,0	4405
79	65	232	124	17,3	4,1	4373
80	80	212	103	14,5	4,2	3292
	MÉDIA	211	112	15,3	4,4	6617

APÊNDICE 5 – Médias das variáveis altura de plantas (AP), altura de espigas (AE), comprimento de espigas (CE), diâmetro de espigas (DE) e peso de espigas (PE) ordenadas por PE, para progênies S₁ da população G3

(continua)

Rank	Trat	AP	AE	CE	DE	PE
			----- (cm) -----			(kg.ha ⁻¹)
1	11	217	108	18,0	4,6	9985
2	41	215	114	16,3	4,6	9836
3	42	215	114	16,3	4,2	8646
4	3	202	111	15,8	4,7	8628
5	20	225	122	16,4	4,4	8428
6	24	237	139	15,1	4,4	8061
7	21	210	110	16,9	5,0	7842
8	6	198	109	16,9	4,4	7796
8	26	205	103	16,7	4,1	7796
10	48	215	129	16,9	4,3	7754
11	37	234	128	16,5	4,5	7627
12	22	215	107	15,8	4,4	7524
13	14	209	110	16,0	4,3	7402
14	34	210	115	15,2	4,2	7349
15	18	212	107	15,7	4,5	7344
16	5	224	113	14,3	4,4	7186
17	17	210	115	18,9	4,4	7037
18	2	220	110	15,5	4,3	7035
19	23	224	124	18,7	4,4	7032
20	50	224	108	17,3	4,8	7031
21	7	203	105	13,3	4,4	6913
22	9	197	102	15,2	4,2	6797
23	32	206	108	15,0	4,3	6750
24	28	225	112	16,0	4,4	6600
25	10	205	100	13,5	4,4	6547
26	43	225	128	14,8	4,2	6543
27	33	214	120	15,8	4,0	6500
28	1	187	107	16,5	4,2	6491
29	45	203	100	15,2	4,5	6375
30	38	208	97	16,6	4,4	6292
31	8	194	100	14,2	4,6	6249
32	30	208	109	15,9	4,2	6183
33	13	208	113	16,9	4,7	6182
34	12	230	120	14,9	4,3	6060
35	39	216	99	15,4	4,4	6039
36	19	222	143	16,0	4,2	5981
37	46	222	127	16,3	4,2	5749
38	47	214	97	14,8	4,2	5743

APÊNDICE 5 – Médias das variáveis altura de plantas (AP), altura de espigas (AE), comprimento de espigas (CE), diâmetro de espigas (DE) e peso de espigas (PE) ordenadas por PE, para progênies S₁ da população G3

(conclusão)

Rank	Trat	AP	AE	CE	DE	PE
		----- (cm) -----				(kg.ha ⁻¹)
39	44	201	101	14,1	4,7	5624
40	15	230	109	14,6	4,5	5609
41	40	211	100	13,2	4,5	5534
42	29	200	110	14,7	4,8	5409
43	35	227	110	15,6	4,4	5373
44	31	209	100	15,7	4,2	5358
45	27	210	113	14,4	5,0	5347
46	25	222	112	17,3	4,2	5337
47	16	203	108	14,7	4,2	5087
48	49	225	107	13,1	4,2	4360
49	36	192	98	16,0	3,8	4118
50	4	202	118	15,5	4,0	3850
	MÉDIA	213	111	15,7	4,4	6647

APÊNDICE 6 – Médias das variáveis altura de plantas (AP), altura de espigas (AE), comprimento de espigas (CE), diâmetro de espigas (DE) e peso de espigas (PE) ordenadas por PE, para progênie S₁ da população G4

(continua)

Rank	Trat	AP	AE	CE	DE	PE
			----- (cm) -----			(kg.ha ⁻¹)
1	25	205	109	16,9	4,4	10036
2	41	198	94	14,8	4,7	9990
3	42	232	127	16,2	4,4	9860
4	33	212	120	18,2	4,6	9703
5	8	234	110	17,5	4,7	9441
6	34	257	159	15,5	4,2	9404
7	32	200	112	16,0	4,3	9360
8	7	233	125	15,8	4,4	9332
9	45	252	137	14,0	4,1	9274
10	3	224	137	16,0	4,5	9007
11	13	208	101	17,0	4,4	8907
12	16	200	115	17,0	4,5	8884
13	36	218	100	18,5	4,9	8634
14	14	198	109	14,4	4,4	8509
15	18	227	129	16,0	4,7	8460
16	44	219	114	15,2	3,8	8385
17	21	222	124	15,7	4,0	8368
18	5	219	109	17,8	4,7	8279
19	48	202	112	15,3	4,4	8248
20	30	198	100	13,8	4,4	7931
21	23	198	114	15,8	4,4	7822
22	12	220	100	13,8	4,4	7803
23	49	227	115	16,7	4,2	7793
24	43	197	104	16,0	4,7	7732
25	1	208	112	16,5	4,3	7496
26	19	182	97	19,6	4,4	7298
27	6	213	117	17,1	4,5	7289
28	11	212	102	15,9	4,5	7282
28	29	195	100	17,4	4,3	7282
30	26	207	109	16,1	4,1	7231
31	39	229	129	14,8	3,7	6798
32	46	193	95	14,2	4,7	6630
33	27	208	121	16,4	4,0	6610
34	35	215	114	15,7	4,1	6555
35	4	211	108	16,3	4,4	6542
36	31	197	112	11,7	4,4	6248
37	37	191	111	15,0	4,5	6198
38	50	174	92	14,2	4,2	6191

APÊNDICE 6 – Médias das variáveis altura de plantas (AP), altura de espigas (AE), comprimento de espigas (CE), diâmetro de espigas (DE) e peso de espigas (PE) ordenadas por PE, para progênies S₁ da população G4

(conclusão)

Rank	Trat	AP	AE	CE	DE	PE
		----- (cm) -----				(kg.ha ⁻¹)
39	28	175	94	15,0	4,0	5798
40	22	212	127	16,2	4,2	5624
41	17	209	105	15,3	4,2	5619
42	24	205	112	16,0	4,3	5599
43	10	215	115	13,8	4,5	5440
44	15	205	112	13,9	4,1	5422
45	40	209	122	14,9	4,2	5413
46	38	200	112	17,9	4,2	5305
47	9	220	108	15,8	4,5	5144
48	20	219	105	14,2	4,3	4813
49	47	217	102	15,1	3,9	4050
50	2	200	109	16,0	4,3	4015
	MÉDIA	210	112	15,8	4,3	7381

APÊNDICE 7 – Médias das variáveis altura de plantas (AP), altura de espigas (AE), comprimento de espigas (CE), diâmetro de espigas (DE) e peso de espigas (PE) ordenadas por PE, para progênies S₁ da população GO-S

(continua)

Rank	Trat	AP	AE	CE	DE	PE
			(cm)			(kg.ha ⁻¹)
1	38	210	105	18,8	4,5	11204
2	4	224	130	17,9	4,6	10407
3	86	215	107	17,7	5,0	10040
4	70	209	109	14,6	4,4	9996
5	18	205	110	16,5	4,3	9455
6	43	205	117	16,6	4,5	9382
7	62	205	107	15,2	4,6	9300
8	69	182	99	13,1	4,1	9166
9	67	193	95	16,1	4,8	9027
10	90	212	110	16,8	4,2	8943
11	81	192	100	13,2	4,6	8853
12	19	180	104	14,0	4,3	8842
13	58	182	99	15,4	5,3	8779
14	6	212	135	18,9	4,4	8752
15	13	200	114	13,7	4,4	8649
16	46	202	114	16,3	4,5	8578
17	11	192	107	15,0	4,9	8488
18	16	207	105	17,1	4,5	8454
19	49	189	105	14,3	4,2	8391
20	83	197	105	15,5	4,6	8360
21	52	208	107	14,6	4,9	8159
22	22	202	103	16,0	4,7	8156
23	80	187	98	15,9	4,4	7963
24	37	177	109	15,0	4,7	7889
25	23	210	104	15,8	4,7	7841
26	10	229	109	14,6	4,4	7802
27	76	182	95	15,6	4,6	7766
28	53	214	119	13,1	4,5	7755
29	48	197	100	14,3	4,5	7703
30	85	198	99	15,0	4,5	7690
31	29	185	104	12,9	4,3	7640
32	79	212	119	15,2	4,0	7585
33	25	189	105	15,7	4,6	7555
34	84	192	107	15,1	4,5	7546
35	24	205	112	12,4	4,0	7511
36	57	207	107	16,9	4,4	7500
37	50	187	92	15,1	4,5	7425
38	74	187	105	15,1	4,3	7373

APÊNDICE 7 – Médias das variáveis altura de plantas (AP), altura de espigas (AE), comprimento de espigas (CE), diâmetro de espigas (DE) e peso de espigas (PE) ordenadas por PE, para progênie S₁ da população GO-S

(continuação)

Rank	Trat	AP	AE	CE	DE	PE
		----- (cm) -----				(kg.ha ⁻¹)
39	30	195	105	16,1	4,1	7227
40	1	185	90	14,0	4,7	7221
41	32	215	112	15,7	4,4	7210
42	28	194	98	14,6	4,3	7090
43	61	172	100	12,6	4,7	7070
44	8	200	97	14,4	4,7	7057
45	35	202	102	13,9	4,4	7052
46	71	187	107	15,2	4,3	7046
47	82	200	103	15,8	4,4	7044
48	66	194	115	16,4	4,0	6922
49	44	179	105	16,2	4,5	6919
50	26	182	103	15,6	4,1	6871
51	3	198	112	14,6	4,4	6854
52	51	187	93	14,7	4,1	6851
53	64	187	110	14,7	3,9	6788
54	9	232	127	15,4	4,3	6761
55	34	191	112	15,9	4,1	6726
56	47	205	104	15,2	4,4	6643
57	55	199	107	15,3	4,5	6571
58	73	177	95	14,3	4,1	6564
59	45	210	104	13,6	4,4	6516
60	14	202	107	14,9	4,4	6503
61	78	204	105	13,1	4,6	6446
62	63	192	107	15,6	3,9	6261
63	5	219	110	15,6	4,6	6243
64	68	215	109	15,3	4,1	6230
65	20	185	97	13,1	4,5	6227
66	17	197	105	15,1	4,5	6166
67	54	189	105	15,4	4,3	6116
68	56	187	107	16,2	4,6	6075
69	88	200	108	14,8	4,5	6026
70	65	180	98	14,4	4,2	5900
71	36	181	89	17,1	3,8	5859
72	27	192	104	15,1	4,3	5719
73	12	188	106	15,7	4,3	5633
74	33	190	107	14,5	3,9	5603
75	15	191	102	15,0	4,6	5566

APÊNDICE 7 – Médias das variáveis altura de plantas (AP), altura de espigas (AE), comprimento de espigas (CE), diâmetro de espigas (DE) e p peso de espigas (PE) ordenadas por PE, para progênies S₁ da população GO-S

(conclusão)

Rank	Trat	AP	AE	CE	DE	PE
		----- (cm) -----				(kg ha ⁻¹)
76	75	205	110	13,8	4,1	5527
77	87	193	108	17,1	4,6	5482
78	2	185	98	15,2	4,5	5381
79	31	165	89	12,7	4,2	5287
80	41	195	105	12,9	4,3	5181
81	39	202	102	13,3	4,3	5006
82	77	168	75	13,2	4,1	4316
83	59	199	112	14,6	4,7	4236
84	89	198	100	14,8	4,4	4078
85	72	187	103	15,2	4,0	4055
86	42	220	118	13,2	4,2	3944
87	7	235	129	14,3	4,2	3899
88	40	202	100	16,4	4,4	3320
89	21	205	102	14,4	4,6	3070
90	60	215	107	11,8	3,8	2601
MÉDIA		197	106	15,0	4,4	6988

APÊNDICE 8 – (continua) Distribuição de freqüências das médias para altura de plantas (cm), referente às progênies S₁ das sete populações avaliadas. Safra 2005 / 2006

APÊNDICE 8 – (conclusão) Distribuição de freqüências das médias para altura de plantas (cm), referente às progênes S₁ das sete populações avaliadas. Safra 2005 / 2006

APÊNDICE 9 – (continua) Distribuição de frequências das médias para altura de espigas (cm), referente às progênies S_1 das sete populações avaliadas. Safra 2005 / 2006

APÊNDICE 9– (conclusão) Distribuição de freqüências das médias para altura de espigas (cm), referente às progênes S_1 das sete populações avaliadas. Safra 2005 / 2006

APÊNDICE 10– (continua) Distribuição de freqüências das médias para comprimento de espigas (cm), referente às progêneses S₁ das sete populações avaliadas. Safra 2005 / 2006

APÊNDICE 10– (conclusão) Distribuição de freqüências das médias para comprimento de espigas (cm), referente às progêneses S₁ das sete populações avaliadas. Safra 2005 / 2006

APÊNDICE 11– (continua) Distribuição de freqüências das médias para diâmetro de espigas (cm), referente às progênes S₁ das sete populações avaliadas. Safra 2005 / 2006

APÊNDICE 11 – (conclusão) Distribuição de freqüências das médias para diâmetro de espigas (cm), referente às progênes S_1 das sete populações avaliadas. Safra 2005 / 2006

APÊNDICE 12 – (continua) Distribuição de freqüências das médias para peso de espigas (kg.ha⁻¹), referente às progênes S₁ das sete populações avaliadas. Safra 2005 / 2006

APÊNDICE 12 – (conclusão) Distribuição de freqüências das médias para peso de espigas (kg.ha⁻¹), referente às progênie S₁ das sete populações avaliadas. Safra 2005 / 2006