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

Deriva genética de caracteres quantitativos em milho

Paolo Orlando Zancanaro

Tese apresentada para obtenção do título de Doutor em
Ciências. Área de concentração: Genética e
Melhoramento de Plantas

**Piracicaba
2016**

Paolo Orlando Zancanaro
Engenheiro Agrônomo

Deriva genética de caracteres quantitativos em milho

Orientador:
Prof. Dr. **CLÁUDIO LOPES DE SOUZA JÚNIOR**

Tese apresentada para obtenção do título de Doutor em
Ciências. Área de concentração: Genética e
Melhoramento de Plantas

Piracicaba
2016

**Dados Internacionais de Catalogação na Publicação
DIVISÃO DE BIBLIOTECA - DIBD/ESALQ/USP**

Zancanaro, Paolo Orlando

Deriva genética de caracteres quantitativos em milho / Paolo Orlando Zancanaro. - -
Piracicaba, 2016.
288 p. : il.

Tese (Doutorado) - - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz".

1. Depressão por endogamia 2. Estrutura populacional 3. Tamanho efetivo populacional
4. *Zea mays* L. I. Título

CDD 633.15
Z27d

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

*Aos meus pais, **Laurenço e Maria Zelinda** e ao meu irmão, **Bruno***

Pelo amor incondicional, incentivo e compreensão.

*À minha esposa, **Karen***

Pelo amor, carinho e paciência.

DEDICO.

AGRADECIMENTOS

À Deus, por iluminar cada momento da minha vida.

Ao CNPq e a CAPES, pela concessão da bolsa de estudos.

À USP/ESALQ, pela oportunidade de realizar o Doutorado em Genética e Melhoramento de plantas.

Ao Prof. Dr. Cláudio Lopes de Souza Júnior, pela valiosa orientação, ensinamentos, amizade e paciência.

Aos professores e funcionários do Departamento de Genética da ESALQ, pelos ensinamentos transmitidos, auxílio e amizades conquistadas.

Aos funcionários do Laboratório de Melhoramento de Milho II: Antônio Jucelino Desidério, Ariberto Soares de Oliveira e Guilherme dos Santos Diehl, pela amizade, conversas descontraídas e importantes contribuições na realização dos experimentos.

Aos “coleguinhas” do Laboratório de Melhoramento de Milho II: Alexandre, Luciana, Marcela, Melina, Otávio, Sueme e Thiago, pela amizade, brincadeiras descontraídas na hora do café, conhecimentos compartilhados e apoio em todas as etapas do desenvolvimento deste trabalho.

A todos os amigos que fiz na pós-graduação, pela ótima convivência e pelas experiências compartilhadas ao longo desses quatro anos.

A todos os amigos e familiares, que mesmo a distância, sempre me incentivaram na conquista deste objetivo.

Aos meus pais e meu irmão, por me proporcionarem a melhor herança que pode existir: a educação.

À minha esposa, que esteve ao meu lado em todos os momentos dessa caminhada e me faz uma pessoa melhor.

Enfim, a todos que de alguma forma contribuíram para a realização deste trabalho.

MUITO OBRIGADO!

SUMÁRIO

RESUMO	9
ABSTRACT	11
1 INTRODUÇÃO	13
Referências	20
2 DERIVA GENÉTICA DE CARACTERES QUANTITATIVOS EM MILHO: PRODUÇÃO DE GRÃOS E SEUS COMPONENTES	23
Resumo	23
Abstract.....	24
2.1 Introdução	25
2.2 Desenvolvimento	27
2.2.1 Material e Métodos	27
2.2.1.1 Material genético	27
2.2.1.2 Procedimentos experimentais	29
2.2.1.3 Análises de variância	30
2.2.1.4 Estimativas de deriva genética	36
2.2.1.5 Estimativas de depressão por endogamia	39
2.2.1.6 Análises de regressão linear	41
2.2.2 Resultados e Discussão.....	42
2.2.2.1 Médias e análises de variância.....	42
2.2.2.2 Estimativas dos efeitos da deriva genética	67
2.2.2.3 Estimativas dos efeitos da deriva genética na autofecundação	82
2.2.2.4 Depressão por endogamia.....	97
2.2.2.5 Análises de regressão linear	103
2.3 Considerações finais	129
Referências	132
3 DERIVA GENÉTICA DE CARACTERES QUANTITATIVOS EM MILHO: CARACTERES DA PLANTA.....	137
Resumo	137
Abstract.....	138
3.1 Introdução	139
3.2 Desenvolvimento	140
3.2.1 Material e Métodos	140
3.2.1.1 Material genético	140

3.2.1.2 Procedimentos experimentais	141
3.2.1.3 Análises de variância	142
3.2.1.4 Estimativas de deriva genética.....	143
3.2.1.5 Estimativas de depressão por endogamia.....	143
3.2.1.6 Análises de regressão linear.....	144
3.2.2 Resultados e Discussão	144
3.2.2.1 Médias e análises de variância.....	145
3.2.2.2 Estimativas dos efeitos da deriva genética.....	165
3.2.2.3 Estimativas dos efeitos da deriva genética na autofecundação.....	178
3.2.2.4 Depressão por endogamia	190
3.2.2.5 Análises de regressão linear.....	196
3.3 Considerações finais	217
Referências.....	220
ANEXOS	223

RESUMO

Deriva genética de caracteres quantitativos em milho

A obtenção de genótipos superiores no melhoramento de plantas depende da existência de variabilidade genética. A existência de coleções de germoplasma representativas e a utilização de um tamanho adequado de amostra são fundamentais para a preservação das frequências alélicas e genotípicas, diminuindo a perda de variabilidade genética e postergando o aparecimento dos efeitos da deriva genética. Assim, teve-se como objetivo avaliar os efeitos da deriva genética em caracteres quantitativos em subpopulações de milho. Este estudo foi realizado a partir das populações originais BR-105 e BR-106, das quais 10 subpopulações foram obtidas em cada um dos cinco ciclos sucessivos de amostragem com tamanho efetivo reduzido, totalizando 50 subpopulações para cada população original, as quais foram posteriormente autofecundadas, gerando um nível a mais de endogamia. Os tratamentos foram constituídos de 10 amostras da população original sem autofecundação, 10 amostras com autofecundação, 50 subpopulações obtidas da população original e 50 subpopulações autofecundadas, totalizando 120 tratamentos para cada população, avaliados separadamente. Utilizou-se o delineamento em blocos casualizados no esquema de parcelas subdivididas em faixas hierárquico, em quatro ambientes com duas repetições por ambiente. Os caracteres avaliados foram produção de grãos (PG), prolificidade (PROL), comprimento e diâmetro de espigas (CE e DE), número de fileiras por espiga (NFE), número de grãos por fileira (NGF), altura de planta e espiga (AP e AE), florescimento masculino e feminino (FM e FF) e número de ramificações do pendão (NRP). Foram estimados os efeitos da deriva genética entre as médias das subpopulações nos dois níveis de endogamia e os efeitos da depressão por endogamia nas subpopulações dentro dos ciclos. Posteriormente, realizaram-se análises de regressão linear para as subpopulações nos dois níveis de endogamia, separadamente, e em conjunto. Foi verificada uma grande variação nas médias das subpopulações ao longo dos ciclos, indicando que a deriva genética causou diferenciação entre as mesmas e que estas se diferenciaram das populações originais. Detectaram-se efeitos significativos da deriva genética nas populações não autofecundadas para todos os caracteres avaliados, em maior número para PG, já que este caráter é mais sensível à deriva genética por possuir maior grau de dominância que os demais. Houve diminuição no número de estimativas de deriva significativas para as populações autofecundadas, incluindo mudanças na magnitude e no sinal das mesmas em relação às populações não autofecundadas. Para as estimativas de depressão por endogamia, os caracteres PG, NGF, FM e FF apresentaram maior quantidade de estimativas significativas que os demais. Para a maioria dos caracteres, a regressão linear explicou a maior parte da variação encontrada com o aumento dos coeficientes de endogamia. As populações BR-105 e BR-106, por terem estruturas genéticas distintas, apresentaram performances diferentes quanto aos efeitos da deriva genética. Enfim, como a deriva genética interfere na integridade genética das populações, torna-se importante considerar seus efeitos na coleta e manutenção dos bancos de germoplasma e nas populações utilizadas no melhoramento genético de plantas.

Palavras-chave: Depressão por endogamia; Estrutura populacional; Tamanho efetivo populacional; *Zea mays* L.

ABSTRACT

Genetic drift of quantitative traits in maize

Obtaining superior genotypes in plant breeding depends on the existence of genetic variability. The existence of representative germplasm collections and the use of appropriate sample size are essential for preserving allelic and genotypic frequencies, reducing loss of genetic variability and delaying genetic drift effects. This study aimed to evaluate the effects of genetic drift in quantitative traits in subpopulations of maize. The original populations used were BR-105 and BR-106, of which 10 subpopulations were obtained in each five successive sample cycles with reduced effective size, accounting 50 subpopulations for each original population that were subsequently selfed to generate an additional level of inbreeding. The treatments consisted in 10 samples of the original population, 10 samples of the selfed original population, 50 non selfed subpopulations obtained from the original population and 50 selfed subpopulations, accounting 120 treatments for each population evaluated separately. It was used the randomized block strip-plot design, in four environments with two replications. The traits assessed were grain yield (GY), prolificacy (PROL), ear length and ear diameter (EL and ED), number of rows per ear (NRE), kernel-row number (KRN), plant and ear height (PH and EH), days to anthesis and silking (DA and DS), and number of tassel branches (NTB). It was estimated the effects of genetic drift between subpopulations means at both inbreeding levels, and the effect of the inbreeding depression in subpopulations within cycles. It was also performed linear regression analysis for subpopulations at both levels of inbreeding separately and together. A large variation was observed in the subpopulations means over cycles, indicating that genetic drift caused differentiation between them, and that they differed from the original populations. The effects of genetic drift were significant for all traits in the non selfed subpopulations, especially for GY, which is more sensitive to genetic drift effects by having a greater degree of dominance than the other traits. There was a decrease in the number of significant genetic drift estimates for selfed populations, including changes in magnitude and signs, compared to the non selfed populations. GY, KRN, DA and DS had higher number of significant inbreeding depression estimates than the other traits. Linear regression analysis explained most of the variation found with increasing homozygosity. As BR-105 and BR-106 populations have distinct genetic structures, they showed different performances regarding the effects of genetic drift. Therefore, genetic drift interferes in the genetic integrity of populations and it is important to consider its effect on the collection and maintenance of germplasm banks and populations used in plant breeding.

Keywords: Effective population size; Inbreeding depression; Population structure; *Zea mays* L.

1 INTRODUÇÃO

A obtenção de genótipos superiores a curto e longo prazo no melhoramento de plantas depende da existência de variabilidade genética. A conservação e a manutenção dessa variabilidade estão vinculadas a existência de coleções de germoplasma representativas e ao tamanho da amostra utilizada ao longo dos ciclos de melhoramento. Amostras pequenas podem descaracterizar as populações e amostras grandes podem inviabilizar a manutenção adequada devido à limitação de espaço e recursos. Assim, a conservação de um tamanho apropriado da população é fundamental para a preservação das frequências alélicas e genotípicas, na tentativa de evitar problemas de redução da variabilidade genética.

Populações panmíticas, na ausência de migração, seleção e mutação, não sofrem alterações nas frequências alélicas e genotípicas ao longo das gerações. Esse conceito, conhecido como equilíbrio de Hardy-Weinberg, é explicado em detalhes por diversos autores (CROW; KIMURA, 1970; METTLER; GREGG; SCHAFFER, 1988; FALCONER; MACKAY, 1996). Contudo, na natureza toda população por maior que seja é considerada finita e, portanto, o máximo que se pode obter em condições naturais são populações que apresentam frequências alélicas e genotípicas próximas ao equilíbrio. Além disso, a manutenção de coleções de germoplasma e a utilização das mesmas para fins de melhoramento envolvem o uso de populações pequenas e, desse modo, tais populações estão sujeitas aos efeitos da deriva genética (FALCONER; MACKAY, 1996).

Deriva genética refere-se às alterações aleatórias nas frequências alélicas devido aos efeitos de amostragem associados a populações de tamanho reduzido, podendo resultar na fixação ou perda de alelos favoráveis ou desfavoráveis. Perdas de alelos favoráveis podem reduzir o desempenho *per se* da população e, assim, dificultar a resposta à seleção (FLACHENECKER et al., 2006). De um modo geral, a deriva genética apresenta três importantes consequências. A primeira é o aumento da diferenciação entre as subpopulações causada pela ocorrência de deriva genética de forma distinta, levando a uma diferenciação genética entre estas. Populações naturais são de certo modo subdivididas em grupos locais ou subpopulações, e estas podem se diferir nas suas frequências alélicas se o número de plantas nos grupos for pequeno. Populações utilizadas no melhoramento são da mesma maneira frequentemente subdivididas e, nestas, a subdivisão e a diferenciação genética geralmente são mais marcantes. A segunda consequência é o aumento da uniformidade dentro das subpopulações, em que a variabilidade genética dentro de cada subpopulação torna-se progressivamente menor. A terceira consequência é o aumento dos locos em homozigose em

função do declínio dos locos em heterozigose e, conseqüentemente, as plantas destas populações tornam-se endogâmicas. Este aumento da endogamia, aliado ao fato de a maioria dos alelos deletérios serem recessivos, é a base genética para a perda de fertilidade e viabilidade que resultam da endogamia em populações naturais ou naquelas espécies que não foram submetidas a diversas gerações de endogamia artificialmente (FALCONER; MACKAY, 1996; FUTUYMA, 2009).

Segundo Falconer e Mackay (1996), ao se estudar a deriva genética na sua maneira mais simplificada, deve-se idealizar uma população inicial grande e com acasalamento ao acaso. Posteriormente, esta população se subdivide em um grande número de subpopulações. A subdivisão pode se originar de causas geográficas ou ecológicas sob condições naturais, ou de cruzamentos controlados em populações domesticadas ou de laboratório. A população inicial é denominada de população base (origem) e as populações pequenas são denominadas de subpopulações. Todas as subpopulações em conjunto constituem toda a população base, e cada subpopulação é uma pequena população em que as frequências alélicas estão sujeitas à deriva genética. As condições simplificadas especificadas para a população ideal são as seguintes: (i) os cruzamentos são restritos aos membros da mesma subpopulação, ou seja, a migração é excluída; (ii) as gerações (ciclos) são distintas e não se sobrepõem; (iii) o número de plantas que se inter cruzam deve ser o mesmo em cada subpopulação em todos os ciclos; (iv) dentro de cada subpopulação os cruzamentos e as autofecundações são aleatórias; (v) não há seleção artificial em nenhuma etapa; (vi) as mutações são desconsideradas. O efeito da amostragem repetida através de ciclos sucessivos faz com que as frequências alélicas flutuem irregularmente em cada subpopulação e, conseqüentemente, se dispersem tornando-se progressivamente diferenciadas.

O atual estado de diferenciação de uma população, seja ela natural ou não, depende do seu tamanho no passado, e esta informação muitas vezes não pode ser obtida. A população pode ter passado por uma ou várias gerações onde o seu tamanho foi reduzido drasticamente por condições desfavoráveis, causando o chamado efeito de gargalo (*bottleneck effect*). A dispersão causada por essas gerações com tamanho reduzido é permanente e não é recuperada por aumentos subsequentes no tamanho da população. Da mesma forma, a colonização de um novo território por poucos indivíduos pode causar deriva genética de elevada magnitude na primeira geração, causando o efeito denominado de efeito do fundador (METTLER; GREGG; SCHAFER, 1988). Assim, se uma população utilizada para fins de melhoramento for criada e mantida com um tamanho efetivo reduzido, haverá perda e fixação de alelos, afetando a variabilidade genética ao longo dos ciclos de seleção (GALUSHA, 1999).

O conceito de tamanho efetivo populacional (N_E), ou tamanho genético, foi descrito pela primeira vez por Wright (1931) e pode ser definido como o número de genitores distintos que se inter cruzam para formar a próxima geração, ou seja, o tamanho efetivo pode ser diferente do tamanho físico utilizado. O conceito de tamanho efetivo populacional e sua importância foram discutidos por diversos autores (CROW; KIMURA, 1970; VENCOSKY, 1978; NEI; TAJIMA, 1981; CABALLERO, 1994; CROSSA; VENCOSKY, 1997; VENCOSKY; CROSSA, 1999; VENCOSKY; CROSSA, 2003; HALLAUER; CARENA; MIRANDA FILHO, 2010; VENCOSKY; CHAVES; CROSSA, 2012).

A mudança da frequência alélica resultante da amostragem de N_E reduzido é aleatória e, portanto, sua direção não pode ser predita. Porém, sua magnitude pode ser predita em termos de variância da frequência alélica. Ao se considerar a formação de subpopulações a partir de uma população base diplóide, em que cada subpopulação é formada por uma amostra de N plantas extraídas dessa população, sendo que cada planta possui dois alelos em cada loco, com frequências p e q , a subdivisão dessa população representa uma série de amostras de $2N$ alelos cada, extraídas ao acaso da população base. As frequências alélicas destas amostras terão uma média igual a da população base, p_0 e q_0 , e estarão distribuídas em torno dessa média com variância $p_0q_0/2N_E$. Essa variância expressa a mudança esperada na magnitude das frequências alélicas em qualquer subpopulação, ou a variância das frequências alélicas entre as subpopulações após uma geração. Portanto, as subpopulações começam a se diferenciar em termos de frequências alélicas, embora a média na população como um todo permaneça inalterada. Na geração seguinte o processo de amostragem é repetido, mas cada subpopulação agora começa com uma frequência alélica diferente e, portanto, a segunda amostragem conduz a uma dispersão ainda maior. A variância agora difere entre as subpopulações, uma vez que depende da frequência alélica da primeira geração de cada subpopulação separadamente (FALCONER; MACKAY, 1996).

Existem limites para a diferenciação entre as subpopulações que podem ser provocadas pela deriva genética. A frequência alélica não pode mudar além dos limites de zero e um, e em algum momento cada subpopulação deverá atingir um desses limites. Quando um alelo atinge a frequência $p = 1$ significa que foi fixado, e quando atinge frequência $p = 0$ significa que foi perdido na subpopulação. Se um dos alelos foi fixado, o outro estará presente novamente somente se ocorrerem mutações ou através do fluxo gênico de outras populações. Portanto, o alelo com maior frequência no início tem maior chance de se fixar, pois a probabilidade de que um alelo seja fixado é igual a sua frequência inicial p , e a proporção entre o número de subpopulações em que há fixação e o número em que há perda de alelos

está relacionada com as proporções de p e q (FALCONER; MACKAY, 1996; FUTUYMA, 2009).

Como consequência da fixação de alelos e aumento dos locos em homozigose na população há um aumento da endogamia resultante do acasalamento entre plantas aparentadas. O grau de parentesco entre plantas numa população depende do tamanho dessa população e do número de possíveis ancestrais que esta continha. A consequência de duas plantas possuírem um ancestral comum é que ambas podem possuir cópias de alelos presentes nos ancestrais, e se estas se inter cruzarem as cópias podem ser passadas para a descendência (FUTUYMA, 2009). Assim, há dois tipos de identidade entre os alelos e dois tipos de plantas homozigotas. Se os alelos são idênticos por descendência, ou seja, derivados da replicação de um único alelo na população ancestral que originou a planta endogâmica, então a planta é denominada autozigótica para este loco. Se os dois alelos são cópias de um mesmo alelo da geração ancestral, mas não são produto da replicação de um único alelo, são denominados alelos independentes e a planta é alozigótica para aquele loco (FALCONER; MACKAY, 1996).

A identidade por descendência proporciona a base para a mensuração da deriva genética, através do grau de parentesco entre os pares acasalados, sendo medida pelo coeficiente de endogamia (F), que é a probabilidade de dois alelos em qualquer loco numa planta serem idênticos por descendência. O F se refere a uma planta e expressa o grau de parentesco entre seus genitores. Se os genitores de qualquer geração se acasalarem ao acaso, o F da progênie é a probabilidade de que dois gametas da geração paterna, tomados ao acaso, possuam alelos idênticos em um loco. Deve-se salientar que o conceito de coeficiente de endogamia só tem algum significado quando há uma especificação de algum ponto no passado, em que todos os alelos na população foram considerados independentes, ou seja, não idênticos por descendência. Este ponto representa a população base (origem) que, por definição, possui um F igual a zero. O grau de parentesco expresso pelo coeficiente de endogamia é essencialmente uma comparação entre a população em questão e a população base. O F das gerações subsequentes expressa a quantia de deriva genética que tem ocorrido desde a população base, e compara o grau de parentesco das plantas da população atual. A comparação de parentesco pode ser, por exemplo, entre plantas de uma população subdividida em várias outras subpopulações. A população base se torna, então, a população de onde todas as subpopulações foram derivadas (FALCONER; MACKAY, 1996).

Os aspectos teóricos da deriva genética, apresentados inicialmente por Wright (1931), têm sido verificados por diversos autores tanto em populações naturais como em populações

experimentais. Os primeiros trabalhos que comprovaram a existência de deriva genética foram realizados em pequenas populações de insetos e moluscos, em caracteres qualitativos (LAMOTTE, 1951; CAIN; SHEPPARD, 1954; KERR; WRIGHT, 1954a; KERR; WRIGHT, 1954b; WRIGHT; KERR, 1954; BURI, 1956; RICH; BELL; WILSON, 1979).

Três importantes estudos conduzidos por Kerr e Wright, utilizando pequenas populações de *Drosophila melanogaster*, verificaram os efeitos da deriva genética em caracteres qualitativos. No primeiro, Kerr e Wright (1954a) estudaram separadamente 96 subpopulações de oito insetos tomados ao acaso (quatro machos e quatro fêmeas), sendo que cada subpopulação era genitora da geração seguinte. Inicialmente, cada subpopulação possuía um gene para cerdas *forked* (bifurcadas ou recurvadas) e o seu alelo selvagem (normal), cada um com uma frequência de 0,5. Após 16 gerações de cruzamentos ao acaso, os alelos *forked* e selvagem estavam segregando em somente 26 das subpopulações, enquanto que o alelo *forked* havia se fixado em 29 das subpopulações e o alelo selvagem nas outras 41. A taxa de fixação atingiu um equilíbrio por volta da quarta geração, com um valor de 8,9% por geração, indicando que a deriva genética tende a produzir homozigose e que é o acaso que determina qual alelo é fixado numa determinada população. Todavia, os resultados parecem ter sido influenciados pela seleção, pois os alelos selvagens foram aparentemente mais favorecidos.

No segundo estudo, Wright e Kerr (1954) estudaram a deriva do gene *bar* em 108 subpopulações de *D. melanogaster*, cada uma com oito insetos (quatro machos e quatro fêmeas), durante 10 gerações. Partindo de uma frequência alélica igual a 0,5, a distribuição da frequência alélica atingiu uma estabilidade aparente a partir da quarta geração, com uma taxa de fixação de 22% para o alelo selvagem e 0,7% para o alelo *bar*. Após dez gerações, o alelo selvagem foi fixado em 95 subpopulações e o alelo *bar* em apenas três. É importante ressaltar que a fixação ocorreu na maioria das subpopulações e que, em alguns casos, o alelo que foi perdido, provavelmente era o superior (selvagem). Portanto, em populações grandes nas quais há um predomínio de seleção, a fixação aleatória de características de baixo valor adaptativo não é esperada.

No terceiro estudo, Kerr e Wright (1954b) estudaram a deriva dos genes *aristopedia* e *spineless* em 113 subpopulações de *D. melanogaster*, também de oito insetos e em dez gerações. Neste experimento, os autores estudaram subpopulações com alelos heteróticos, ou seja, casos em que os genótipos heterozigóticos se mostraram superiores aos homozigóticos, em testes em que se estudaram os componentes de adaptação. A variância da frequência do gene *spineless* aumentou de 0,01707 para 0,02693 entre as gerações um e dez, com uma rápida estabilização da frequência alélica. Ao final das dez gerações, oito subpopulações

atingiram a fixação para este gene. O gene *aristapedia* atingiu máxima frequência de 87,5%, com uma média de 38,8% por geração. Os resultados sugerem que a ocorrência de deriva genética é drasticamente reduzida quando a seleção favorece insetos heterozigotos.

Em milho, o melhoramento de populações via seleção recorrente é um método muito utilizado por melhoristas, podendo ser conduzido utilizando diversos tipos de progênies, resultando em diferentes tamanhos efetivos. Smith (1979a, 1979b, 1983) propôs um modelo que possibilita a mensuração dos efeitos da deriva genética nas populações selecionadas e a comparação da resposta direta e indireta à seleção. Entre vários parâmetros, o modelo estima a contribuição dos locos em homozigose (ou efeitos aditivos) para o ciclo 0 de seleção recorrente das populações (AOI), a contribuição dos locos em heterozigose (ou efeitos de dominância – DOI) e as funções quadráticas das alterações nos locos em heterozigose das populações, que correspondem aos efeitos da deriva genética (DQI), pelo uso de tamanhos efetivos reduzidos ($N_E < 25$). Porém, ao longo do processo os efeitos da deriva genética se confundem com os efeitos do aumento da frequência de alelos favoráveis obtidos através da seleção, podendo causar um viés nas estimativas.

Baseados no modelo proposto por Smith, diversos trabalhos foram desenvolvidos na tentativa de quantificar os efeitos da deriva genética em populações de milho submetidas a diferentes métodos de seleção recorrente. Foram observados efeitos significativos para a deriva genética (DQI) que afetaram o desempenho *per se* das populações, atuando em sentido contrário ao do progresso com a seleção. A magnitude desses efeitos foi bastante variável, demonstrando a importância da deriva genética como fator limitante ao progresso obtido com a seleção na cultura do milho (SMITH, 1984; TRAGESSER et al., 1989; HELMS; HALLAUER; SMITH, 1989; EYHERABIDE; HALLAUER, 1991; LANDI; FRASCAROLI, 1993; STOJŠIN; KANNENBER, 1994; REZENDE, 1997; CEPEDA et al., 2000; BUTRUILLE et al., 2004; FLACHENECKER et al., 2006).

Outros pesquisadores tentaram isolar os efeitos da deriva genética de diferentes formas, em populações e subpopulações de milho com tamanho efetivo reduzido sem que estas estivessem sob o efeito de seleção. Paterniani (1995) estudou o efeito da redução do tamanho de duas populações F_2 de milho (A e B), das quais foram tiradas 29 subpopulações, submetidas a duas gerações de endogamia com tamanho efetivo reduzido ($N_E = 5$). Ambas as populações possuíam frequências alélicas iguais a 0,50 para todos os locos segregantes para coloração do grão, com proporções iguais a três grãos amarelos (Y) para um branco (y). Na primeira geração de amostragem as frequências alélicas se mantiveram próximas ao valor esperado na deriva genética [$E(p) = p_0 = 0,50$] e na segunda geração houve um aumento

significativo na frequência do alelo Y para as duas populações, principalmente para a população B. A redução do tamanho efetivo populacional levou a fixação do alelo Y em duas das 29 subpopulações (6,9%) obtidas da população base B. Blandón (1996), utilizando uma abordagem diferente, avaliou os efeitos da deriva genética em 30 subpopulações de milho com tamanho efetivo igual a cinco em duas gerações de amostragem, para diversos caracteres quantitativos. Foi observado que a amostragem provocou depressão por endogamia e o surgimento de subpopulações com médias *per se* e estimativas da capacidade geral de combinação similares ou superiores às da população parental para todos os caracteres avaliados. Aparentemente, a deriva genética não afetou a variância fenotípica das subpopulações para os caracteres altura de planta e espiga, número de ramificações do pendão, comprimento e perímetro de espiga. O autor argumenta que a endogamia lenta gerada pela deriva genética pode favorecer uma maior combinação de alelos favoráveis e que talvez o pequeno tamanho efetivo utilizado nos programas de melhoramento não produza um efeito tão prejudicial na variância genética remanescente.

Moreira (1999) avaliou os efeitos da deriva genética em 20 subpopulações de milho, também com N_E igual a cinco e em duas gerações de amostragens. A autora detectou efeitos significativos da deriva genética para os caracteres produção de grãos, altura de plantas, altura de espiga, prolificidade e posição relativa da espiga, sendo que o caráter produção de grãos foi o mais afetado. As subpopulações avaliadas se diferenciaram e os efeitos da deriva foram imprevisíveis quanto à direção e magnitude. Cunha (2004) avaliou o efeito da deriva genética em subpopulações de milho com diferentes tamanhos efetivos obtidas de um composto de milho e submetidas previamente à seleção divergente para alta e baixa produtividade. Em seguida, avaliou as capacidades de combinação e o potencial heterótico, estimando os componentes de variância genética no composto que originou as subpopulações. Os resultados apontaram que o tamanho reduzido das subpopulações provocou o surgimento de médias inferiores e superiores à média estimada da população original, em consequência da deriva genética. A seleção divergente entre subpopulações resultou em diferenciação genética suficiente para expressar heterose em cruzamentos entre subpopulações com o mesmo tamanho efetivo.

Nota-se que a quantidade de informações sobre os efeitos da deriva genética em plantas é escassa, especialmente aquelas envolvendo caracteres quantitativos. Assim, em função da importância da deriva genética na manutenção da variabilidade nas coleções mantidas nos bancos de germoplasma e nas populações utilizadas no melhoramento, este trabalho teve como objetivo avaliar os efeitos da deriva genética em caracteres quantitativos,

em subpopulações de milho, derivadas de duas populações originais, em cinco ciclos sucessivos de amostragem com tamanho efetivo reduzido.

Referências

BLANDÓN, S.C. **Efeito da deriva genética sobre caracteres quantitativos em uma população de milho (*Zea mays* L.)**. 1996. 90p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 1996.

BURI, P. Gene frequency drift in small population of mutant *Drosophila*. **Evolution**, Lancaster, v. 10, p.367-402, 1956.

BUTRUILLE, D.V.; SILVA, H.D.; KAEPLER, S.M.; COORS, J.G. Response to selection and genetic drift in three populations derived from the golden glow maize population. **Crop Science**, Madison, v. 44, p. 1527-1534, 2004.

CABALLERO, A. Developments in the prediction of effective population size. **Heredity**, Washington, v. 73, p. 657-679, 1994.

CAIN, A.J.; SHEPPARD, P.M. Natural selection in *Cepaea*. **Genetics**, Austin, v. 39, p. 89-116, 1954.

CEPEDA, M.C.; SOUZA JR, C.L.; PANDEY, S.; LEON, L.N. Efeitos gênicos e oscilação genética associados à seleção recorrente intrapopulacional na população de milho SA3. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 35, n. 8, p. 1585-1593, 2000.

CROSSA, J; VENCOSKY, R. Variance effective population size for two-stage sampling of monoecious species. **Crop Science**, Madison, v. 37, p. 14-26, 1997.

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

CUNHA, R.N.V. **Efeito do processo dispersivo em subpopulações de tamanho reduzido de milho (*Zea mays* L.)**. 2004. 148p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 2004.

EYHERABIDE, G.H.; HALLAUER, A.R. Reciprocal full-sib recurrent selection in maize: II. Contributions of additive, dominance, and genetic drift effects. **Crop Science**, Madison, v. 31, p. 1442-1448, 1991.

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

FLACHENECKER, C.; FRISCH, M.; FALKE, K.C.; MELCHINGER, A.E. Genetic drift and selection effects of modified recurrent full-sib selection programs in two F₂ populations of European flint maize. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v. 113, p. 1113-1120, 2006.

FUTUYMA, D.J. Estrutura populacional e deriva genética. In: AFONSO, I.F. **Biologia Evolutiva**. Ribeirão Preto: FUNPEC, 2009. cap. 11, p. 297-315.

GALUSHA, D.D. **An evaluation of eight cycles of replicated recurrent selection in maize**. 1999. 88 p. Tese (Doutorado em Agronomia) – University of Nebraska, Lincoln, 1999.

HALLAUER, A.R.; CARENA, M.J.; MIRANDA FILHO, J.B. **Quantitative genetics in maize breeding**. 3. ed. New York: Springer, 2010. 663p.

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.

KERR, W.E; WRIGHT, S. Experimental studies of the distribution of gene frequencies in very small populations of *Drosophila melanogaster*: I. *Forked*. **Evolution**, Lancaster, v. 8, p. 172-177, 1954a.

KERR, W.E.; WRIGHT, S. Experimental studies of the distribution of gene frequencies in very small populations of *Drosophila melanogaster*: III. *Aristapedia and spineless*. **Evolution**, Lancaster, v. 8, p. 293-302, 1954b.

LAMOTTE, M. Recherches sur la structure génétique des populations naturelles de *cepaea nemoralis* (L.). **Bull Biol Suppl**, Paris, v. 35, p. 238-239, 1951.

LANDI, P.; FRASCAROLI, E. Responses to four cycles of full-sib family recurrent selection in a F₂ maize population. **Maydica**, Bergamo, v. 38, p. 31-37, 1993.

METTLER, L.E.; GREGG, T.G; SCHAFFER, H.E. **Population genetics and evolution**. Englewood Cliffs: Prentice Hall, 1988. 325p.

MOREIRA, R.M.P. **Avaliação dos efeitos da deriva genética em duas gerações de amostragens nas populações de milho BR-105 e BR-106**. 1999. 120p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 1999.

NEI, M; TAJIMA, F. Genetic drift and estimation of effective population size. **Genetics**, Austin, v. 98, p. 625-640, 1981.

PATERNIANI, M.E.A.G.Z. **Efeitos da redução do tamanho de populações de milho (*Zea mays* L)**. 1995. 117p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 1995.

REZENDE, G.D.S.P. **Heterose, depressão por endogamia e variabilidade genética associadas à seleção e oscilação genética nas populações de milho BR-105 e BR-106**. 1997. 112p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 1997.

RICH, S.S; BELL, A.E; WILSON, S.P. Genetic drift in small populations of *Tribolium*. **Evolution**, Lancaster, v. 33, p. 579-584, 1979.

SMITH, O.S. A model for evaluating progress from recurrent selection. **Crop Science**, Madison, v. 19, p. 223-226, 1979a.

_____. Application of a modified diallel analysis to evaluate recurrent selection for grain yield in maize. **Crop Science**, Madison, v. 19, p. 819-822, 1979b.

_____. Comparison of effects of reciprocal recurrent selection in the BSSS(R), BSCB1(R) and BS6 populations. **Maydica**, Bergamo, v. 29, p. 1-8, 1984.

_____. Evaluation of recurrent selection in BSSS, BSCB1, and BS13 maize populations. **Crop Science**, Madison, v. 23, p. 35-40, 1983.

STOJŠIN, D.; KANNENBERG, L.W. Genetic changes associated with different methods of recurrent selection in five maize populations: II. Indirectly selected traits. **Crop Science**, Madison, v. 34, p. 1473-1479, 1994.

TRAGESSER, S.L.; YOUNGQUIST, W.C.; SMITH, O.S.; COMPTON, W.A. Drift vs. selection effects from five recurrent selection programs in maize. **Maydica**, Bergamo, v. 34, p. 23-32, 1989.

VENCOVSKY, R. Effective size of monoecious populations submitted to artificial selection. **Revista Brasileira de Genética**, Ribeirão Preto, v. 1, n. 3, p. 181-191, 1978.

VENCOVSKY, R.; CHAVES, L.J.; CROSSA, J. Variance effective population size for dioecious species. **Crop Science**, Madison, v. 52, p. 79-90, 2012.

VENCOVSKY, R.; CROSSA, J. Measurements of representativeness used in genetic resources conservation and plant breeding. **Crop Science**, Madison, v. 43, p. 1912-1921, 2003.

_____. Variance effective population size under mixed self and random mating with applications to genetic conservation of species. **Crop Science**, Madison, v. 39, p. 1282-1294, 1999.

WRIGHT, S. Evolution in mendelian populations. **Genetics**, Austin, v. 16, p. 97-159, 1931.

WRIGHT, S.; KERR, W.E. Experimental studies of the distribution of gene frequencies in very small populations of *Drosophila melanogaster*: II. *bar*. **Evolution**, Lancaster, v. 8, p. 225-240, 1954.

2 DERIVA GENÉTICA DE CARACTERES QUANTITATIVOS EM MILHO: PRODUÇÃO DE GRÃOS E SEUS COMPONENTES

Resumo

Deriva genética refere-se às alterações aleatórias das frequências alélicas de uma população devido à utilização do tamanho reduzido de amostra, levando à perda ou fixação de alelos, e tendo implicações importantes nos programas de melhoramento de plantas. Em vista disso, o objetivo deste estudo foi avaliar os efeitos da deriva genética em caracteres quantitativos, em subpopulações de milho derivadas das populações originais BR-105 e BR-106. Para cada população foram obtidas 10 subpopulações em cada um dos cinco ciclos sucessivos de amostragem com tamanho efetivo reduzido, totalizando 50 subpopulações para cada população original, que foram posteriormente autofecundadas, gerando um nível a mais de endogamia. Os tratamentos foram constituídos de 10 amostras da população original sem autofecundação, 10 amostras com autofecundação, 50 subpopulações sem autofecundação e 50 subpopulações autofecundadas, totalizando 120 tratamentos para cada população de origem, separadamente. Utilizou-se o delineamento em blocos casualizados, no esquema de parcelas subdivididas em faixas hierárquico, avaliados em quatro ambientes com duas repetições por ambiente. Os caracteres avaliados foram produção de grãos (PG), prolificidade (PROL), comprimento e diâmetro de espigas (CE e DE), número de fileiras por espiga (NFE) e número de grãos por fileira (NGF). Foram estimados os efeitos da deriva genética entre as médias das subpopulações nos dois níveis de endogamia e os efeitos da depressão por endogamia nas subpopulações dentro de cada ciclo. Realizaram-se ainda análises de regressão linear para as subpopulações nos dois níveis de endogamia, separadamente e em conjunto. A deriva genética alterou as médias *per se* das subpopulações para todos os caracteres avaliados nos dois níveis de endogamia, fazendo com que as subpopulações se diferenciasssem entre si e das respectivas populações de origem. Os efeitos significativos de deriva genética acumulados em relação à população original foram de maior magnitude do que os efeitos entre os ciclos para a maioria dos caracteres, sendo observado em maior número para o caráter PG. Como esse caráter possui grau de dominância superior aos demais, é mais sensível aos efeitos da deriva genética. Para as populações autofecundadas, houve diminuição no número de estimativas significativas em relação às não autofecundadas, incluindo também mudanças na magnitude e no sinal de algumas estimativas. Considerando as estimativas de depressão por endogamia, os caracteres PG e NGF apresentaram mais estimativas significativas que os demais. A regressão linear explicou a maior parte da variação encontrada com o aumento dos coeficientes de endogamia para todos os caracteres, exceto para o caráter NFE da população BR-105. As populações BR-105 e BR-106 apresentaram desempenhos diferentes quanto aos efeitos da deriva genética, dado que são geneticamente distintas. Assim, é importante quantificar a presença desse fenômeno nos programas de melhoramento de plantas, para que as características das populações sejam conservadas e não haja limitação de ganhos genéticos.

Palavras-chave: Componentes de produção; Depressão por endogamia; Estrutura populacional; Tamanho efetivo populacional; *Zea mays* L.

Abstract

Genetic drift refers to random changes in allele frequencies in a population due to the use of small sample size, leading to alleles loss or fixation, and having important implications in plant breeding programs. This study aimed to evaluate the effects of genetic drift in quantitative traits in maize subpopulations obtained from the original populations BR-105 and BR-106. For each population, 10 subpopulations were obtained in each of five successive sample cycles with reduced effective size, accounting 50 subpopulations for each original population, which were then selfed to generate an extra level of inbreeding. The treatments consisted of 10 samples of the original population, 10 samples of the selfed original population, 50 non selfed subpopulations obtained from the original population and 50 selfed subpopulations, accounting 120 treatments for each original population evaluated separately. It was used the randomized block strip-plot design in four environments with two replications per environment. The traits assessed were grain yield (GY), prolificacy (PROL), ear length and ear diameter (EL and ED), number of rows per ear (NRE) and kernel-row number (KRN). It was estimated the effects of genetic drift between the subpopulations means at both inbreeding levels and the effects of the inbreeding depression in subpopulations within cycles were estimated. Linear regression analyses for subpopulations at both levels of inbreeding separately and together were also performed. Genetic drift changed the means of the subpopulations for all traits in both inbreeding levels. Thus, subpopulations differed among themselves and from the original populations. Significant effects of genetic drift accumulated from the original population were greater than the effects between cycles for most traits, especially for GY. As this trait has a higher degree of dominance than the others, it is more sensitive to the effects of genetic drift. For selfed populations, there was a reduction in the number of significant estimates in relation to the non selfed populations, also including changes in the magnitude and signs of some estimates. GY and KRN had a higher number of significant inbreeding depression estimates than the other traits. Linear regression analysis explained most of the variation found when homozygosity was increased for all traits, except for KRN of BR-105 population. The populations BR-105 and BR-106 had different performances regarding the effects of genetic drift because they are genetically distinct. Thus, it is important to quantify the effects of genetic drift in plant breeding programs in order to preserve the characteristics of the populations with no limitation of genetic gains.

Keywords: Effective population size; Inbreeding depression; Population structure; Yield components; *Zea mays* L.

2.1 Introdução

O nível de diversidade genética de um programa de melhoramento de plantas está diretamente ligado à conservação e a manutenção da variabilidade genética existente, por meio de coleções de germoplasma representativas e da utilização do tamanho de amostra adequado ao longo dos ciclos de melhoramento. Amostras muito grandes podem inviabilizar a manutenção adequada, em consequência das limitações de recursos, enquanto que amostras muito pequenas podem descaracterizar as populações utilizadas. Desta forma, é fundamental a conservação de um tamanho apropriado da população para que haja preservação das frequências alélicas e manutenção da variabilidade genética.

Em populações pequenas, como as utilizadas para fins de melhoramento, a limitada variabilidade genética leva a flutuações casuais das frequências alélicas devido à amostragem reduzida de gametas (FALCONER; MACKAY, 1996). Esse processo, denominado de deriva genética, é um dos principais fatores que guiam a evolução molecular (KIMURA, 1983) e tem consequências na quantidade e no tempo da fixação de características favoráveis ou desfavoráveis ao melhoramento de plantas (CROW; KIMURA, 1970).

A deriva genética é um processo biológico não orientado, e resulta na perda ou fixação de alelos, influenciando no desempenho *per se* da população e, assim, dificultando a resposta à seleção (FLACHENECKER et al., 2006). As consequências dessas flutuações aleatórias nas frequências alélicas devido à amostragem finita dos gametas em pequenas populações isoladas são bem conhecidas (FALCONER; MACKAY, 1996). Em geral, ocorre um aumento da diferenciação entre as subpopulações, aumento da uniformidade dentro das subpopulações e aumento dos locos em homozigose em função da diminuição dos locos em heterozigose, tornando as plantas endogâmicas. Todavia, os efeitos da deriva genética não são a única causa da perda de variabilidade nas populações. O efeito da seleção devido à reprodução diferencial dos genótipos também afeta a perda de variabilidade nas populações naturais e de melhoramento (METTLER; GREGG; SCHAFFER, 1988).

Na prática, para conhecer os efeitos da deriva genética no melhoramento de plantas, o ideal é utilizar uma população inicial grande e com acasalamento ao caso. Em seguida, através de cruzamentos controlados, há a subdivisão desta população em um grande número de pequenas populações. A população inicial é denominada de população de origem e as populações pequenas são denominadas de subpopulações, sendo que todas as subpopulações em conjunto constituem a população de origem. Entretanto, algumas condições devem ser seguidas na obtenção das subpopulações. Os cruzamentos devem ser restritos a membros da

mesma subpopulação e, portanto, não há migração. As mutações são desconsideradas. Os ciclos devem ser distintos e não devem se sobrepor, e o número de plantas que se inter cruzam deve ser o mesmo para cada subpopulação em todos os ciclos. Dentro de cada subpopulação as autofecundações e os cruzamentos são aleatórios, não havendo seleção artificial em nenhuma etapa (FALCONER; MACKAY, 1996).

Wright (1931) foi o primeiro a discutir os aspectos teóricos da deriva genética, tanto em populações naturais quanto em populações experimentais. Posteriormente, surgiram os primeiros trabalhos com insetos e moluscos que verificaram os efeitos da deriva genética em populações com baixo tamanho efetivo populacional (N_E). Em todos os casos foi constatado que, quanto menor o N_E , maior a tendência de aparecimento de locos em homozigose e que a fixação ou a perda de alelos nas populações estudadas é aleatória (LAMOTTE, 1951; CAIN; SHEPPARD, 1954; KERR; WRIGHT, 1954a; KERR; WRIGHT, 1954b; WRIGHT; KERR, 1954; BURI, 1956; RICH; BELL; WILSON, 1979).

Em plantas, existem poucos trabalhos que relataram os efeitos da deriva genética, especialmente em caracteres quantitativos. As primeiras estimativas obtidas foram em populações de milho submetidas à seleção recorrente, em que foram observados efeitos significativos e de magnitude variável, afetando o desempenho *per se* das populações e impondo limitações ao progresso com seleção (TRAGESSEER et al., 1989; HELMS; HALLAUER; SMITH, 1989; EYHERABIDE; HALLAUER, 1991; LANDI; FRASCAROLI, 1993; STOJŠIN; KANNENBER, 1994; REZENDE, 1997; CEPEDA et al., 2000; BUTRUILLE et al., 2004; FLACHENECKER et al., 2006). Todavia, essas estimativas se encontram confundidas com os efeitos da seleção, não refletindo os reais efeitos da deriva genética.

Paralelamente, outros trabalhos relataram os efeitos da deriva genética em caracteres quantitativos isolados dos efeitos da seleção, em populações e subpopulações de milho com tamanho efetivo reduzido. Em todos esses ficou constatado que a deriva genética foi responsável pela perda e fixação de alelos e, conseqüentemente, pelo aumento da diferenciação entre as subpopulações (PATERNIANI, 1995; BLANDÓN, 1996; MOREIRA, 1999; CUNHA, 2004).

Em virtude da importância da deriva genética na manutenção da variabilidade das coleções mantidas nos bancos de germoplasma e das populações utilizadas no melhoramento de plantas, este trabalho teve como objetivo quantificar os efeitos da deriva genética em caracteres quantitativos em subpopulações de milho, derivadas de duas populações de origem,

em cinco ciclos sucessivos de amostragem com tamanho efetivo reduzido, denominados de ciclos de deriva genética.

2.2 Desenvolvimento

2.2.1 Material e Métodos

2.2.1.1 Material genético

O presente trabalho foi realizado a partir de duas populações de milho obtidas no Centro Nacional de Pesquisa de Milho e Sorgo (CNPMS) da EMBRAPA, denominadas de BR-105 e BR-106. Tais populações possuem origens e estruturas genéticas distintas (NASPOLINI FILHO et al., 1981). A população BR-105 possui porte baixo, ciclo precoce e grãos alaranjados. É originária da Tailândia, originalmente denominada de Suwan, tendo sido obtida através de seleção entre progênies S_1 's. Foi introduzida no Brasil em 1976 e posteriormente foi submetida a cinco ciclos de seleção recorrente com progênies de irmãos germanos. A população BR-106, por sua vez, possui porte baixo, ciclo precoce e grãos amarelos dentados. Foi obtida pelo cruzamento das variedades tardias de porte alto Centralmex, Composto Dentado e Maya, com o BR-108 (Tuxpeño - 1), de ciclo precoce e porte baixo. Após duas gerações de recombinação foram conduzidos três ciclos de seleção para redução da altura de planta e de espiga. As duas populações são muito divergentes geneticamente, sendo que a população BR-106 apresenta maior magnitude de variabilidade genética que a população BR-105 (SOUZA JR et al., 1993).

De cada população original foram obtidas dez subpopulações em cada um dos cinco ciclos sucessivos de deriva genética (ciclos de amostragem), com tamanho efetivo reduzido ($N_E = 5$), totalizando 50 subpopulações da população BR-105 e 50 subpopulações da população BR-106. Em cada população original, as dez subpopulações do primeiro ciclo foram obtidas no ano agrícola 2000/2001 e a cada dois anos foram obtidas as outras dez subpopulações do ciclo seguinte, de forma que as dez subpopulações do quinto ciclo foram obtidas no ano agrícola 2008/2009.

Para a obtenção das subpopulações foram semeados lotes isolados de sementes das populações BR-105 e BR-106 em que, por ocasião do florescimento, 100 plantas de cada população foram autofecundadas aleatoriamente e colhidas. Das 100 espigas colhidas, cinco foram escolhidas ao acaso, dando origem à primeira subpopulação. Da mesma forma, outras

cinco espigas foram escolhidas aleatoriamente, dando origem à segunda subpopulação, e assim sucessivamente, até dar origem à décima subpopulação. Assim, foram estabelecidas dez subpopulações oriundas da população BR-105 e dez subpopulações oriundas da população BR-106. Como cada planta autofecundada tem N_E igual a um, o tamanho efetivo de cada subpopulação é igual a cinco.

A recombinação de cada subpopulação para a formação dos ciclos foi realizada da seguinte forma. Para cada subpopulação foram semeadas 50 fileiras de 1 m (cinco plantas m^{-1}), sendo cada fileira constituída das sementes de cada uma das cinco plantas autofecundadas. As plantas foram então recombinadas entre si e o lote de 50 fileiras de cada subpopulação foi colhido. Dessa forma, foram obtidas dez subpopulações no primeiro ciclo de deriva genética (C_1). Uma porção das sementes de cada subpopulação foi separada, armazenada para avaliação e formação do próximo ciclo. Para a obtenção das subpopulações no segundo ciclo de deriva genética (C_2), foi semeada uma fileira de 5 m de comprimento contendo 25 plantas de cada subpopulação do primeiro ciclo (C_1), separadamente. Cinco plantas de cada subpopulação foram autofecundadas e colhidas, e suas sementes recombinadas seguindo o esquema utilizado na geração anterior, dando origem a mais dez subpopulações no C_2 . Novamente, uma porção das sementes de cada subpopulação foi separada, armazenada para avaliação e formação do próximo ciclo. O restante das subpopulações para cada um dos três ciclos que restaram (C_3 , C_4 e C_5) foram obtidas seguindo os mesmos procedimentos descritos para os dois primeiros ciclos. Portanto, foram originadas 50 subpopulações para cada população original: dez subpopulações para cada ciclo de deriva genética (C_1 a C_5), oriundas da população original BR-105 e dez subpopulações para cada ciclo, oriundas da população original BR-106.

Após a obtenção das subpopulações do quinto ciclo, no ano agrícola de 2009/2010, todas as subpopulações foram semeadas em parcelas de 50 plantas e intercruzadas entre si dentro de cada subpopulação, visando uniformizar a qualidade de germinação de sementes. Cada planta foi utilizada apenas uma vez como polinizadora (planta macho) ou como receptora de pólen (planta fêmea), sendo as sementes dentro cada subpopulação colhidas e misturadas. Neste mesmo ano agrícola foram realizadas autofecundações nas duas populações originais (C_0) e em todas as 50 subpopulações obtidas de cada população original. Dessa forma, foram obtidas mais 50 subpopulações com uma autofecundação (nível de endogamia) a mais do que as anteriores para cada população original.

Portanto, os tratamentos foram constituídos de 10 amostras da população original BR-105 sem autofecundação (C_0) e 10 amostras com autofecundação ($C_{0\otimes}$), das 50 subpopulações

obtidas a partir da população original (C_1 a C_5) e das 50 subpopulações posteriormente autofecundadas ($C_{1\otimes}$ a $C_{5\otimes}$), resultando em 120 tratamentos para a população BR-105. Da mesma forma, obtiveram-se 120 tratamentos para a população original BR-106, resultando num total de 240 tratamentos.

2.2.1.2 Procedimentos experimentais

Os 240 tratamentos foram avaliados separadamente, em dois experimentos de 120 tratamentos cada, de acordo com a população original da qual foram obtidos, nos anos agrícolas 2010/2011 e 2012/2013, em Piracicaba-SP, na Estação Experimental do Departamento de Genética e Estação Experimental Sertãozinho, ambas da ESALQ/USP. A combinação entre ano agrícola e estação experimental foi considerada como um ambiente, totalizando quatro ambientes de avaliação. O delineamento experimental utilizado foi em blocos casualizados, no esquema de parcelas subdivididas em faixas hierárquico, com duas repetições por ambiente. A parcela experimental foi constituída de uma linha de 4 m de comprimento, espaçadas de 0,80 m entre fileiras e 0,20 m entre plantas, com um total de 20 plantas por fileira após o desbaste, representando uma população total de 62.500 plantas ha^{-1} . O manejo agrônômico dos experimentos em cada local foi feito conforme as recomendações técnicas para a cultura do milho.

Foram coletados dados dos seguintes caracteres: peso de grãos, em g parcela^{-1} ; umidade de grãos, em %, mensuradas de amostras retiradas de cada parcela; estande, sendo o número total de plantas em cada parcela na época da colheita; número total de espigas da parcela; comprimento e diâmetro da espiga, em cm, obtidos de cinco espigas representativas da parcela; número de fileiras de grãos por espiga e número de grãos por fileira nas espigas.

Os caracteres utilizados nas análises estatístico-genéticas foram: produção de grãos (PG, em t ha^{-1}), corrigida para o estande médio através da análise de covariância e para umidade de 15%; prolificidade (PROL, em esp pl^{-1}), obtida pela relação entre o número total de espigas da parcela e o estande final, corrigida para estande médio através da análise de covariância; comprimento médio de espiga (CE, em cm esp^{-1}); diâmetro médio de espiga (DE, em cm esp^{-1}); número médio de fileiras por espiga (NFE) e número médio de grãos por fileira (NGF).

2.2.1.3 Análises de variância

Todas as análises de variância foram realizadas utilizando-se o PROC GLM do software SAS 9.2 (SAS INSTITUTE, 2008). Antes de se proceder as análises, a distribuição dos dados foi testada para normalidade dos resíduos utilizando-se o teste de *Shapiro-Wilk* (SHAPIRO; WILK, 1965), e as variâncias dos erros foram testadas para homogeneidade através do teste de *Hartley* (HARTLEY, 1950).

Os dados experimentais foram submetidos a análises de variância segundo o delineamento experimental em blocos casualizados no esquema de parcelas subdivididas em faixas hierárquico. Para cada caráter foram realizadas análises individuais, em que os efeitos dos ciclos de deriva e dos níveis de endogamia foram considerados fixos e os demais aleatórios, segundo o modelo matemático (eq. 1):

$$Y_{ijkl} = \mu + c_i + r_j + (cr)_{ij} + e_k + (re)_{jk} + (ce)_{ik} + (cre)_{ijk} + s_{l(i)} + (rs)_{jl(i)} + (es)_{kl(i)} + (res)_{jkl(i)} \quad (1)$$

em que: Y_{ijkl} = valor observado no i -ésimo ciclo de deriva genética, na j -ésima repetição, no k -ésimo nível de endogamia e na l -ésima subpopulação; μ = média geral; c_i = efeito fixo do i -ésimo ciclo de deriva genética, com $i = 0, 1, \dots, 5$; r_j = efeito aleatório da j -ésima repetição, com $j = 1, 2$; $(cr)_{ij}$ = efeito aleatório da interação entre o i -ésimo ciclo de deriva genética e a j -ésima repetição; e_k = efeito fixo do k -ésimo nível de endogamia, com $k = 1, 2$; $(re)_{jk}$ = efeito aleatório da interação entre a j -ésima repetição e o k -ésimo nível de endogamia; $(ce)_{ik}$ = efeito aleatório da interação entre o i -ésimo ciclo de deriva genética e o k -ésimo nível de endogamia; $(cre)_{ijk}$ = efeito aleatório da interação entre o i -ésimo ciclo de deriva genética, a j -ésima repetição, e o k -ésimo nível de endogamia; $s_{l(i)}$ = efeito aleatório da l -ésima subpopulação (com $l = 1, 2, \dots, 10$) dentro do i -ésimo ciclo de deriva genética; $(rs)_{jl(i)}$ = efeito aleatório da interação entre a j -ésima repetição e a l -ésima subpopulação dentro do i -ésimo ciclo de deriva genética; $(es)_{kl(i)}$ = efeito aleatório da interação entre o k -ésimo nível de endogamia e a l -ésima subpopulação, dentro do i -ésimo ciclo de deriva genética; $(res)_{jkl(i)}$ = efeito aleatório da interação entre a j -ésima repetição, o k -ésimo nível de endogamia e a l -ésima subpopulação, dentro do i -ésimo ciclo de deriva genética.

A fonte de variação subpopulações dentro de ciclo (S/C) foi desdobrada em $S/C0$, $S/C1$, $S/C2$, $S/C3$, $S/C4$ e $S/C5$, que se referem aos efeitos das subpopulações dentro de cada um dos cinco ciclos de deriva genética. A fonte de variação endogamia x subpopulações dentro de ciclo (ExS/C) foi desdobrada em $ExS/C0$, $ExS/C1$, $ExS/C2$, $ExS/C3$, $ExS/C4$ e $ExS/C5$, que se referem aos efeitos da interação níveis de endogamia x subpopulações dentro de cada um dos cinco ciclos de deriva genética (Tabela 2.1).

Tabela 2.1 – Esquema da análise de variância individual com os respectivos testes F

Fonte de Variação	GL	QM	F
Repetições (R)	$J - 1$	QM_1	QM_1 / QM_3
Ciclos (C)	$I - 1$	QM_2	QM_2 / QM_3
$R \times C = Res (a)$	$(J - 1)(I - 1)$	QM_3	---
Endogamia (E)	$K - 1$	QM_4	QM_4 / QM_5
$R \times E = Res (b)$	$(J - 1)(K - 1)$	QM_5	---
$C \times E$	$(I - 1)(K - 1)$	QM_6	QM_6 / QM_7
$R \times E \times C = Res (c)$	$(J - 1)(K - 1)(I - 1)$	QM_7	---
Subpopulações/C (S/C)	$(L - 1)I$	QM_8	QM_8 / QM_{15}
$S / C0$	$L - 1$	QM_9	QM_9 / QM_{15}
$S / C1$	$L - 1$	QM_{10}	QM_{10} / QM_{15}
$S / C2$	$L - 1$	QM_{11}	QM_{11} / QM_{15}
$S / C3$	$L - 1$	QM_{12}	QM_{12} / QM_{15}
$S / C4$	$L - 1$	QM_{13}	QM_{13} / QM_{15}
$S / C5$	$L - 1$	QM_{14}	QM_{14} / QM_{15}
$(R \times S)/C = Res (d)$	$(J - 1)(L - 1)I$	QM_{15}	---
$(E \times S) / C$	$(K - 1)(L - 1)I$	QM_{16}	QM_{16} / QM_{23}
$ExS / C0$	$(K - 1)(L - 1)$	QM_{17}	QM_{17} / QM_{23}
$ExS / C1$	$(K - 1)(L - 1)$	QM_{18}	QM_{18} / QM_{23}
$ExS / C2$	$(K - 1)(L - 1)$	QM_{19}	QM_{19} / QM_{23}
$ExS / C3$	$(K - 1)(L - 1)$	QM_{20}	QM_{20} / QM_{23}
$ExS / C4$	$(K - 1)(L - 1)$	QM_{21}	QM_{21} / QM_{23}
$ExS / C5$	$(K - 1)(L - 1)$	QM_{22}	QM_{22} / QM_{23}
$(E \times S \times R)/C = Res (e)$	$(K - 1)(J - 1)(L - 1)I$	QM_{23}	---

I, J, K e L referem-se ao número de ciclos, repetições, níveis de endogamia e subpopulações, respectivamente.

Posteriormente foram realizadas análises de variância conjuntas com base nos valores totais dos tratamentos. Os efeitos de ciclos e de níveis de endogamia foram considerados fixos e os demais aleatórios, com base no seguinte modelo matemático (eq. 2):

$$Y_{ijklm} = \mu + c_i + a_m + r_{j(m)} + (ca)_{im} + (cr)_{ij(m)} + e_k + (ea)_{km} + (re)_{jk(m)} + (ce)_{ik} + (cea)_{ikm} + (cre)_{ijk(m)} + s_{l(i)} + (sa)_{lm(i)} + (rs)_{jl(im)} + (es)_{kl(i)} + (esa)_{klm(i)} + (res)_{jkl(im)} \quad (2)$$

em que: Y_{ijklm} = valor observado no i -ésimo ciclo de deriva genética, na j -ésima repetição, no k -ésimo nível de endogamia, na l -ésima subpopulação e no m -ésimo ambiente; μ = média geral; c_i = efeito fixo do i -ésimo ciclo de deriva genética, com $i = 0, 1, \dots, 5$; a_m = efeito aleatório do m -ésimo ambiente, com $m = 1, 2, 3, 4$; $r_{j(m)}$ = efeito aleatório da j -ésima repetição dentro do m -ésimo ambiente, com $j = 1, 2$; $(ca)_{im}$ = efeito aleatório da interação entre o i -ésimo ciclo de deriva genética e o m -ésimo ambiente; $(cr)_{ij(m)}$ = efeito aleatório da interação entre o i -ésimo ciclo de deriva genética e a j -ésima repetição dentro do m -ésimo ambiente; e_k = efeito fixo do k -ésimo nível de endogamia, com $k = 1, 2$; $(ea)_{km}$ = efeito aleatório da interação entre o k -ésimo nível de endogamia e o m -ésimo ambiente; $(re)_{jk(m)}$ = efeito aleatório da interação entre a j -ésima repetição e o k -ésimo nível de endogamia dentro do m -ésimo ambiente; $(ce)_{ik}$ = efeito aleatório da interação entre o i -ésimo ciclo de deriva genética e o k -ésimo nível de endogamia; $(cea)_{ikm}$ = efeito aleatório da interação entre o i -ésimo ciclo de deriva genética, o k -ésimo nível de endogamia e o m -ésimo ambiente; $(cre)_{ijk(m)}$ = efeito aleatório da interação entre o i -ésimo ciclo de deriva genética, a j -ésima repetição, e o k -ésimo nível de endogamia dentro do m -ésimo ambiente; $s_{l(i)}$ = efeito aleatório da l -ésima subpopulação (com $l = 1, 2, \dots, 10$) dentro do i -ésimo ciclo de deriva genética; $(sa)_{lm(i)}$ = efeito aleatório da interação entre a l -ésima subpopulação e o m -ésimo ambiente, dentro do i -ésimo ciclo de deriva genética; $(rs)_{jl(im)}$ = efeito aleatório da interação entre a j -ésima repetição e a l -ésima subpopulação dentro do i -ésimo ciclo de deriva genética e do m -ésimo ambiente; $(es)_{kl(i)}$ = efeito aleatório da interação entre o k -ésimo nível de endogamia e a l -ésima subpopulação, dentro do i -ésimo ciclo de deriva genética; $(esa)_{klm(i)}$ = efeito aleatório da interação entre o k -ésimo nível de endogamia, a l -ésima subpopulação e o m -ésimo ambiente, dentro do i -ésimo ciclo de deriva genética; $(res)_{jkl(im)}$ = efeito aleatório da

interação entre a j -ésima repetição, o k -ésimo nível de endogamia, a l -ésima subpopulação, dentro do i -ésimo ciclo de deriva genética e do m -ésimo ambiente.

A fonte de variação subpopulações dentro de ciclo (S/C) foi desdobrada em $S/C0$, $S/C1$, $S/C2$, $S/C3$, $S/C4$ e $S/C5$, que se referem aos efeitos das subpopulações dentro de cada ciclo de deriva genética. A fonte de variação subpopulações x ambientes dentro de ciclos (SxA/C) foi desdobrada em $SxA/C0$, $SxA/C1$, $SxA/C2$, $SxA/C3$, $SxA/C4$ e $SxA/C5$, que se referem aos efeitos da interação subpopulações x ambientes dentro de cada ciclo de deriva genética. A fonte de variação endogamia x subpopulações dentro de ciclos (ExS/C) foi desdobrada em $ExS/C0$, $ExS/C1$, $ExS/C2$, $ExS/C3$, $ExS/C4$ e $ExS/C5$, que se referem aos efeitos da interação níveis de endogamia x subpopulações dentro de cada ciclo de deriva genética. Por último, a fonte de variação endogamia x subpopulações x ambientes dentro de ciclos ($ExSxA/C$) foi desdobrada em $ExSxA/C0$, $ExSxA/C1$, $ExSxA/C2$, $ExSxA/C3$, $ExSxA/C4$ e $ExSxA/C5$, que se referem aos efeitos da interação níveis de endogamia x subpopulações x ambientes dentro de cada ciclo de deriva genética (Tabela 2.2).

Adicionalmente, foram realizadas análises de variância individuais e conjuntas sem considerar os efeitos dos níveis de endogamia. Assim, pôde-se obter as diferenças estatísticas entre os ciclos, subpopulações dentro de ciclos (e seus desdobramentos) e as respectivas interações com ambientes, para as subpopulações obtidas sem autofecundação e para as subpopulações autofecundadas, separadamente.

Tabela 2.2 – Esquema da análise de variância conjunta com os respectivos testes F

(continua)			
Fonte de Variação	GL	QM	F
Repetições/Ambientes (R/A)	$(J - 1)M$	QM ₁	QM ₁ / QM ₅
Ambientes (A)	$M - 1$	QM ₂	QM ₂ / QM ₅
Ciclos (C)	$I - 1$	QM ₃	QM ₃ / QM ₅
C x A	$(I - 1)(M - 1)$	QM ₄	QM ₄ / QM ₅
(R x C) / A = Res (a)	$(J - 1)(I - 1)M$	QM ₅	---
Endogamia (E)	$K - 1$	QM ₆	QM ₆ / QM ₈
E x A	$(K - 1)(M - 1)$	QM ₇	QM ₇ / QM ₈
(R x E) / A = Res (b)	$(J - 1)(K - 1)M$	QM ₈	---
C x E	$(I - 1)(K - 1)$	QM ₉	QM ₉ / QM ₁₁
C x E x A	$(I - 1)(K - 1)(M - 1)$	QM ₁₀	QM ₁₀ / QM ₁₁
(R x E x C) / A = Res (c)	$(J - 1)(K - 1)(I - 1)M$	QM ₁₁	---
Subpopulações/C (S / C)	$(L - 1)I$	QM ₁₂	QM ₁₂ / QM ₂₆
S / C0	$L - 1$	QM ₁₃	QM ₁₃ / QM ₂₆
S / C1	$L - 1$	QM ₁₄	QM ₁₄ / QM ₂₆
S / C2	$L - 1$	QM ₁₅	QM ₁₅ / QM ₂₆
S / C3	$L - 1$	QM ₁₆	QM ₁₆ / QM ₂₆
S / C4	$L - 1$	QM ₁₇	QM ₁₇ / QM ₂₆
S / C5	$L - 1$	QM ₁₈	QM ₁₈ / QM ₂₆
(S x A) / C	$(L - 1)(M - 1)I$	QM ₁₉	QM ₁₉ / QM ₂₆
SxA / C0	$(L - 1)(M - 1)$	QM ₂₀	QM ₂₀ / QM ₂₆
SxA / C1	$(L - 1)(M - 1)$	QM ₂₁	QM ₂₁ / QM ₂₆
SxA / C2	$(L - 1)(M - 1)$	QM ₂₂	QM ₂₂ / QM ₂₆
SxA / C3	$(L - 1)(M - 1)$	QM ₂₃	QM ₂₃ / QM ₂₆
SxA / C4	$(L - 1)(M - 1)$	QM ₂₄	QM ₂₄ / QM ₂₆
SxA / C5	$(L - 1)(M - 1)$	QM ₂₅	QM ₂₅ / QM ₂₆
(R x S) / CA = Res (d)	$(J - 1)(L - 1)IM$	QM ₂₆	---

Tabela 2.2 – Esquema da análise de variância conjunta com os respectivos testes F

Fonte de Variação	GL	QM	(conclusão)
			F
(E x S) / C	$(K - 1)(L - 1)I$	QM ₂₇	QM ₂₇ / QM ₄₁
ExS / C0	$(K - 1)(L - 1)$	QM ₂₈	QM ₂₈ / QM ₄₁
ExS / C1	$(K - 1)(L - 1)$	QM ₂₉	QM ₂₉ / QM ₄₁
ExS / C2	$(K - 1)(L - 1)$	QM ₃₀	QM ₃₀ / QM ₄₁
ExS / C3	$(K - 1)(L - 1)$	QM ₃₁	QM ₃₁ / QM ₄₁
ExS / C4	$(K - 1)(L - 1)$	QM ₃₂	QM ₃₂ / QM ₄₁
ExS / C5	$(K - 1)(L - 1)$	QM ₃₃	QM ₃₃ / QM ₄₁
(E x S x A) / C	$(K - 1)(L - 1)(M - 1)I$	QM ₃₄	QM ₃₄ / QM ₄₁
ExSxA / C0	$(K - 1)(L - 1)(M - 1)$	QM ₃₅	QM ₃₅ / QM ₄₁
ExSxA / C1	$(K - 1)(L - 1)(M - 1)$	QM ₃₆	QM ₃₆ / QM ₄₁
ExSxA / C2	$(K - 1)(L - 1)(M - 1)$	QM ₃₇	QM ₃₇ / QM ₄₁
ExSxA / C3	$(K - 1)(L - 1)(M - 1)$	QM ₃₈	QM ₃₈ / QM ₄₁
ExSxA / C4	$(K - 1)(L - 1)(M - 1)$	QM ₃₉	QM ₃₉ / QM ₄₁
ExSxA / C5	$(K - 1)(L - 1)(M - 1)$	QM ₄₀	QM ₄₀ / QM ₄₁
(E x S x R)/CA = Res (e)	$(K - 1)(L - 1)(J - 1) IM$	QM ₄₁	---

I, J, K, L e M referem-se ao número de ciclos, repetições, níveis de endogamia, subpopulações e ambientes, respectivamente.

Ao final das análises de variância foram obtidas as médias das duas populações de origem e de suas respectivas subpopulações com e sem autofecundação, em todos os ciclos de deriva genética (C_1 ao C_5). Essas médias foram comparadas entre si por meio do teste de *Tukey*, calculando-se a diferença mínima significativa (DMS) (SOKAL; ROHLF, 2012), (eq. 3):

$$DMS = q_{(\alpha; n_1; n_2)} \sqrt{\frac{QM_{Res(d)}}{ra}} \quad (3)$$

em que: $q_{(\alpha; n_1; n_2)}$ = amplitude total estudentizada ao nível α igual a 5% de significância; n_1 = número total de tratamentos a serem comparados; n_2 = número de graus de liberdade do $Res(d)$ da análise conjunta; $QM_{Res(d)}$ = quadrado médio da ANAVA conjunta, da interação entre repetições e subpopulações dentro de ciclos e de ambientes ($R \times S / CA$); r = número de repetições a partir da qual a média foi obtida; a = número de ambientes.

2.2.1.4 Estimativas de deriva genética

Numa população em equilíbrio de Hardy-Weimberg e na ausência de seleção, migração e mutação, considera-se que p e q são as frequências dos alelos B e b , respectivamente, de um loco qualquer, p_1 e q_1 são as frequências dos mesmos alelos no primeiro ciclo de deriva genética, μ é a média populacional, a é o valor genotípico dos homozigotos e d o valor genotípico dos heterozigotos. Sendo $p_1 = p_0 + \delta_p$ e $q_1 = q_0 - \delta_p$, em que $E(\delta_p) = E(\delta_q) = 0$ e $E(\delta_p)^2 = pq/2N_E$ é o efeito da deriva genética. Na Tabela 2.3 encontram-se as estruturas genéticas da população original e da amostra no primeiro ciclo de deriva genética (SOUZA JR, 1995).

Tabela 2.3 – Frequências genotípicas de uma população e de sua amostra sob deriva genética em equilíbrio de Hardy-Weimberg, com seus respectivos valores genotípicos

Genótipos	Frequências Genotípicas		Valores Genotípicos
	População original	Amostra	
BB	p_0^2	$p_0^2 + \delta_p = p_1^2$	a
Bb	$2p_0q_0$	$2p_0q_0 - 2\delta_p = 2p_1q_1d_1$	d
bb	q_0^2	$q_0^2 - \delta_p = q_1^2$	$-a$

Da Tabela 2.3 obtêm-se a média da população original (μ_0) e de uma amostra retirada aleatoriamente dessa população (μ_1) para um loco com dois alelos, que são (eq. 4 e 5):

$$\mu_0 = \mu + (p - q)a + 2pqd \quad (4)$$

$$\mu_1 = \mu + (p_1 - q_1)a + 2p_1q_1d \quad (5)$$

Substituindo-se p_1 e q_1 por suas esperanças nas expressões das médias tem-se a média para o primeiro ciclo de deriva genética (eq. 6):

$$\begin{aligned} \mu_1 &= \mu_0 - 2pqd/2Ne, \text{ ou} \\ \mu_1 &= \mu_0 - 2\delta_p^2 d \end{aligned} \quad (6)$$

Para os demais ciclos de deriva genética, tem-se (eq. 7 a 10):

$$\begin{aligned}\mu_2 &= \mu_1 - 2\delta_{p_2}^2 d, \text{ ou} \\ \mu_2 &= \mu_0 - 2(2\delta_{p_2}^2 d)\end{aligned}\tag{7}$$

$$\begin{aligned}\mu_3 &= \mu_2 - 2\delta_{p_3}^2 d, \text{ ou} \\ \mu_3 &= \mu_0 - 3(2\delta_{p_3}^2 d)\end{aligned}\tag{8}$$

$$\begin{aligned}\mu_4 &= \mu_3 - 2\delta_{p_4}^2 d, \text{ ou} \\ \mu_4 &= \mu_0 - 4(2\delta_{p_4}^2 d)\end{aligned}\tag{9}$$

$$\begin{aligned}\mu_5 &= \mu_4 - 2\delta_{p_5}^2 d, \text{ ou} \\ \mu_5 &= \mu_0 - 5(2\delta_{p_5}^2 d)\end{aligned}\tag{10}$$

Para vários locos (i = número de locos), tem-se (eq. 11 a 15):

$$\mu_1 = \mu_0 - 2 \sum_i \delta_{p_1}^2 d_i \tag{11}$$

$$\mu_2 = \mu_0 - 2 \left(2 \sum_i \delta_{p_2}^2 d_i \right) \tag{12}$$

$$\mu_3 = \mu_0 - 3 \left(2 \sum_i \delta_{p_3}^2 d_i \right) \tag{13}$$

$$\mu_4 = \mu_0 - 4 \left(2 \sum_i \delta_{p_4}^2 d_i \right) \tag{14}$$

$$\mu_5 = \mu_0 - 5 \left(2 \sum_i \delta_{p_5}^2 d_i \right) \tag{15}$$

Portanto, a média do primeiro ciclo de deriva genética é igual à média da população original menos o dobro do efeito da deriva genética. Já a média do quinto ciclo é a média da população original menos dez vezes o efeito da deriva genética. Percebe-se que os efeitos da deriva genética nas médias são mais pronunciados nos caracteres com maior grau de dominância (d). Já, para ausência de dominância ($d = 0$) $\mu_1 = \mu_0$, para qualquer que seja o nível de deriva ocorrido (SOUZA JR, 1995).

Ao se analisar a performance das subpopulações nos diversos ciclos de deriva genética, tem-se (eq. 16):

$$\begin{array}{rcl}
 \mu_{sub1n} & = & \mu_0 - 2\delta_{p1}^2 d \\
 \mu_{sub2n} & = & \mu_0 - 2\delta_{p2}^2 d \\
 \dots & & \dots \dots \dots \\
 \mu_{sub10n} & = & \mu_0 - 2\delta_{p10}^2 d \\
 \hline
 \bar{\mu}_{subn} & = & \mu_0 - 2\overline{\delta_p^2} d
 \end{array} \tag{16}$$

em que: $\bar{\mu}_{subn}$ = efeito da deriva genética na média das dez subpopulações no ciclo n , μ_0 = média da amostra da população original de onde a subpopulação foi obtida; e $2\overline{\delta_p^2}d$ = efeito médio da deriva genética no ciclo n considerado.

As estimativas de deriva genética foram obtidas para as subpopulações não autofecundadas, conforme descrito a seguir. Para quantificar os efeitos acumulados em cada subpopulação (i) no primeiro ciclo (C_1) de deriva genética foram calculados os contrastes entre as médias das subpopulações com as médias das populações de origem (C_0) (eq. 17):

$$(\mu_{subi_1} - \mu_{pop}) = 2 \sum_i \delta_{pi_1}^2 d_i \tag{17}$$

Os contrastes entre a média da população de origem e a média geral das subpopulações foram utilizados para estimar o efeito médio da deriva genética no primeiro ciclo de deriva (C_1) (eq. 18):

$$(\mu_{geralsubs_1} - \mu_{pop}) = 2 \sum_i \overline{\delta_{pi_1}^2} d_i \tag{18}$$

Do mesmo modo, para os ciclos (n) de deriva sucessivos (C_2 a C_5), esses contrastes foram utilizados para se estimar os efeitos acumulados da deriva genética em cada subpopulação em relação à população original e o efeito geral médio acumulado (eq. 19 e 20):

$$[(\mu_{subi_n}) - \mu_{pop}] = 2 \sum_i \delta_{pi_1}^2 d_i + \dots + 2 \sum_i \delta_{pi_5}^2 d_i \tag{19}$$

$$[(\mu_{geralsubs_n}) - \mu_{pop}] = 2 \sum_i \overline{\delta_{p_{i1}}^2 d_i} + \dots + 2 \sum_i \overline{\delta_{p_{i5}}^2 d_i} \quad (20)$$

Os contrastes entre as médias das subpopulações em diferentes ciclos de deriva permitiram estimar os efeitos da deriva genética entre os ciclos, conforme eq. 21:

$$[(\mu_{subi_{n+1}}) - (\mu_{subi_{n-1}})] = 2 \sum_i \delta_{p_{in}}^2 d_i \quad (21)$$

E os contrastes entre as médias gerais das subpopulações dos demais ciclos permitiram estimar o efeito médio da deriva genética que ocorreu entre os ciclos de deriva (eq. 22):

$$[(\mu_{geralsubs_{n+1}}) - (\mu_{geralsubs_{n-1}})] = 2 \sum_i \overline{\delta_{p_{in}}^2 d_i} \quad (22)$$

Da mesma forma, foram calculados os mesmos contrastes (eq. 17 a 22) para as subpopulações autofecundadas ($\otimes$) que, além da endogamia gerada pela deriva genética, contém uma endogamia adicional gerada pela autofecundação.

Todos os contrastes foram testados utilizando-se o teste t (SOKAL; ROHLF, 2012) (eq. 23):

$$t = \frac{\hat{y}_i - 0}{\sqrt{\hat{V}(\hat{y}_i)}} \quad (23)$$

em que: $\hat{y}_i$ = estimativa do contraste; $\hat{V}(\hat{y}_i)$ = estimativa da variância da estimativa do contraste.

2.2.1.5 Estimativas de depressão por endogamia

O coeficiente de endogamia (F_t) das populações e subpopulações não autofecundadas em uma geração t foram obtidos pela eq. 24, conforme Falconer e Mackay (1996):

$$F_t = \frac{1}{2N_E} + \left(1 - \frac{1}{2N_E}\right) F_{t-1} \quad (24)$$

em que: F_t = coeficiente de endogamia do ciclo atual; F_{t-1} = coeficiente de endogamia do ciclo anterior; N_E = tamanho efetivo.

Já os coeficientes de endogamia das populações e das subpopulações autofecundadas ($F_{t\otimes}$) na geração t foram obtidos através da seguinte expressão (eq. 25) (FALCONER; MACKAY, 1996):

$$F_{t\otimes} = 1 - \left(\frac{1}{2}\right) (1 - F_{t-1}) \quad (25)$$

em que: $F_{t\otimes}$ = coeficiente de endogamia do ciclo atual; F_{t-1} = coeficiente de endogamia do ciclo anterior.

Os coeficientes de endogamia nas populações de origem (C_0) e nas subpopulações nos demais ciclos de deriva (C_1 a C_5) sem e com autofecundação, para $N_E = 5$, estão apresentados na Tabela 2.4.

Tabela 2.4 – Coeficientes de endogamia nas populações e subpopulações sem e com autofecundação, em todos os ciclos de deriva genética

Ciclos de deriva genética	F [#]	F [⊗]
C ₀ *	0,00	0,50
C ₁	0,10	0,55
C ₂	0,19	0,60
C ₃	0,27	0,64
C ₄	0,34	0,67
C ₅	0,41	0,70

[#] não autofecundadas; [⊗] autofecundadas; * população original.

Para se isolar os efeitos da depressão por endogamia causada somente pela autofecundação em cada subpopulação (i) dentro de cada ciclo de deriva (n), foram calculados os contrastes entre as médias das subpopulações autofecundadas ($\otimes$) com as médias das subpopulações não autofecundadas ($\#$), conforme eq. 26:

$$(\mu_{subi_{n\otimes}} - \mu_{subi_{n\#}}) = 2 \sum_i p_i q_i d_i F \quad (26)$$

O efeito geral médio da depressão por endogamia nos ciclos de deriva genética foi estimado através do seguinte contraste (eq. 27):

$$(\mu_{geralsubs_{n\otimes}} - \mu_{geralsubs_{n\#}}) = 2 \sum_i \overline{p_i q_i d_i F} \quad (27)$$

Todos os contrastes foram testados utilizando-se o teste t , conforme descrito na eq. 23 (SOKAL; ROHLF, 2012).

2.2.1.6 Análises de regressão linear

Foram realizadas análises de regressão linear para cada uma das dez subpopulações e a média geral entre elas, em todos os ciclos de deriva genética, nos dois níveis de endogamia, separadamente e em conjunto. Nas análises conjuntas foram considerados os coeficientes de endogamia (F) de cada subpopulação em cada um dos ciclos de deriva. O modelo matemático para a análise de regressão linear está apresentado na eq. 28 e os respectivos testes F estão apresentados na Tabela 2.5 (STEEL; TORRIE, 1997):

$$y_{ij} = a_i + b_i x_j \quad (28)$$

em que: y = valor observado do caráter no j -ésimo ciclo de deriva genética ou no j -ésimo nível de endogamia, para cada subpopulação i ; a_i = intercepto da subpopulação i ; b_i = coeficiente de regressão da subpopulação i ; x_j = j -ésimo ciclo de deriva genética, com $j = 0, 1, \dots, 5$ ou j -ésimo coeficiente de endogamia, com $j = 0, 0,10, \dots, 0,70$.

Tabela 2.5 – Esquema da análise variância de regressão linear e respectivo teste F

Fonte de Variação	G.L.	SQ	QM	F
Regressão linear	1	SQ_{Rl}	QM_{Rl}	QM_{Rl} / QM_{Res}
Desvios de regressão	$N - 2$	SQ_{Dr}	QM_{Dr}	QM_{Dr} / QM_{Res}
Resíduo*	216	---	QM_{Res}	---

N refere-se ao número de observações, ou seja, número de ciclos de deriva genética ou coeficientes de endogamia; * O QM_{res} utilizado foi o da análise de variância conjunta, da interação entre subpopulações x repetições dentro de ciclos e ambientes ($R \times S / CA$), em nível de médias, ou seja, dividido pelo número de repetições e ambientes.

O coeficiente de determinação (R^2) foi obtido pela eq. 29:

$$R^2 = \frac{SQ_{Rl}}{SQ_{Tot}} \quad (29)$$

em que: R^2 = valor do coeficiente de determinação; SQ_{Rl} = soma de quadrados da regressão linear; SQ_{Tot} = soma de quadrados total, igual a $SQ_{Rl} + SQ_{Dr}$.

Ao final, foram confeccionados gráficos com as respectivas linhas de tendência, equações da reta e coeficientes de determinação (R^2), para uma melhor visualização da performance das subpopulações ao longo dos ciclos de deriva genética.

2.2.2 Resultados e Discussão

Existem duas maneiras de analisar a deriva genética e suas consequências. A primeira é considerá-la como processo amostral e descrevê-la em termos de variância das frequências alélicas. A segunda é considerá-la como um processo de endogamia e descrevê-la em termos de mudanças genotípicas, resultantes de acasalamento entre plantas aparentadas. Dessas, a segunda abordagem é mais útil do que aquela baseada na variância das frequências alélicas, pois se aplica igualmente a qualquer média ou frequência alélica inicial, sendo mais adequada para descrever suas consequências (FALCONER; MACKAY, 1996).

Neste trabalho, as consequências da deriva genética foram mensuradas pelo desempenho *per se* das subpopulações, o qual é um indicativo de divergência alélica, depressão por endogamia e variabilidade supostamente existente entre elas, que também pode ser um indicativo de diferenciação genética entre as mesmas. Entretanto, antes de se atribuir esses efeitos à deriva genética, deve-se saber se o tamanho efetivo de cada subpopulação é suficientemente pequeno, se elas estão bem isoladas e se não estão sujeitas aos efeitos da seleção. Assim, tomou-se cuidado para que algumas condições fossem atendidas: o acasalamento foi restrito às plantas da mesma subpopulação por meio de cruzamentos controlados e ao acaso; as subpopulações foram isoladas para que não houvesse fluxo gênico de uma subpopulação para outra, excluindo-se a migração; os cinco ciclos de deriva genética não se sobrepuseram; o número de plantas acasaladas em cada subpopulação foi o mesmo em todos os ciclos de deriva; não houve seleção em nenhuma etapa; por último, as mutações foram desconsideradas.

2.2.2.1 Médias e análises de variância

Por meio das médias dos caracteres das subpopulações em todos os ciclos, é possível avaliar os efeitos da redução do tamanho efetivo (N_E) e, por consequência, da depressão por

endogamia (DEN) gerada pela deriva genética. As médias gerais das subpopulações não autofecundadas para os caracteres produção de grãos (PG), prolificidade (PROL), comprimento de espiga (CE), diâmetro de espiga (DE), número de fileiras por espiga (NFE) e número de grãos por fileira (NGF) para a população BR-105 foram 6,52 t ha⁻¹, 0,94 esp pl⁻¹, 15,76 cm esp⁻¹, 4,46 cm esp⁻¹, 14,17 e 34,04, respectivamente. Para os mesmos caracteres, as médias para a população BR-106 foram 7,35 t ha⁻¹, 0,94 esp pl⁻¹, 15,20 cm esp⁻¹, 4,63 cm esp⁻¹, 13,53 e 35,68. A população BR-105 apresentou médias gerais superiores à população BR-106 somente para os caracteres CE e NFE (Tabelas 2.6 e 2.7).

Para o caráter PG da população BR-105 houve uma redução nas médias de cada ciclo em relação à média da população original (C0) de 4,35%, 6,45%, 9,68%, 14,02% e 16,41%, para os ciclos 1 a 5 (C1 a C5), respectivamente, sendo que somente a média do C5 (5,96 t ha⁻¹) foi diferente estatisticamente da média da população original (7,13 t ha⁻¹). O intervalo de variação (IV) das subpopulações foi de 5,70 a 7,59 t ha⁻¹ no C1, 5,88 a 7,72 t ha⁻¹ no C2, de 5,61 a 7,27 t ha⁻¹ no C3, 4,86 a 8,17 t ha⁻¹ no C4 e 4,19 a 7,55 t ha⁻¹ no C5 (Tabela 2.6).

Com relação ao caráter PG da população BR-106, as reduções nas médias dos ciclos foram de maior magnitude do que na população BR-105. Para o C1 houve uma redução de 9,57% em relação à população original (C0) e as médias das subpopulações variaram de 6,70 a 8,83 t ha⁻¹. No C2 a redução foi de 12,25% e as médias variaram de 6,34 a 8,79 t ha⁻¹. O C3 apresentou redução de 17,74% com IV de 5,97 a 7,74 t ha⁻¹. Nos ciclos 4 e 5 foram observados reduções de 19,95 e 25,79% e IV de 5,90 a 8,40 t ha⁻¹ e 4,56 a 8,36 t ha⁻¹, respectivamente. Apenas as médias dos ciclos 3, 4 e 5 foram diferentes estatisticamente da média da população original (Tabela 2.7).

Os efeitos de dominância são muito importantes para o caráter PG, e assim espera-se que seja mais sensível aos efeitos da deriva genética (SOUZA JR, 1995). Em ambas as populações, a queda na produtividade em relação à população original foi gradativa de um ciclo para o outro, sendo que o quinto ciclo apresentou a maior redução média e os maiores intervalos de variação para as duas populações, indicando aumento da diferenciação entre as subpopulações ao longo dos ciclos em função das mudanças nas frequências alélicas ocasionadas pela deriva genética. Entretanto, observou-se uma queda mais intensa na população BR-106, podendo ser explicada por essa população possuir maior variabilidade que a BR-105 e, assim, ser mais sensível aos efeitos da endogamia. Como a população BR-105 foi obtida da seleção entre progênies S₁'s, tornou-se menos sensível à depressão por endogamia que a população BR-106 (SOUZA JR et al., 1993). Moreira (1999), avaliando as mesmas subpopulações não autofecundadas em apenas dois ciclos de deriva genética, encontrou

valores de DEN em relação à população original de 6,74% e 5,62% para C1 e C2 da população BR-105 e de 7,86% (C1) e 9,87% (C2) para a população BR-106. Blandón (1996) e Maldonado e Miranda Filho (2002), analisando outras subpopulações de tamanho efetivo reduzido sem seleção, com $F's$ de 0,19 e 0,23, respectivamente, relataram estimativas de DEN ligeiramente superiores às encontradas neste trabalho.

Para o caráter PROL da população BR-105, as reduções nas médias dos ciclos em relação à C0 (0,99 esp pl^{-1}) foram de menor magnitude do que a ocorrida para o caráter PG. As quedas foram de 4,04% para C1, C2 e C3, 9,1% para C4 e 12,12% para C5, com IV de 0,83 a 1,03 esp pl^{-1} no C1, 0,86 a 1,04 esp pl^{-1} no C2, 0,88 a 1,03 esp pl^{-1} no C3, 0,78 a 0,97 esp pl^{-1} no C4 e 0,77 a 1,00 esp pl^{-1} no C5. Somente a média do quinto ciclo, de 0,87 esp pl^{-1} , foi diferente estatisticamente de C0 (Tabela 2.6).

Com relação ao caráter PROL da população BR-106, as médias de todos os ciclos não diferiram estatisticamente da média da população original (C0 – 0,94 esp pl^{-1}), diferentemente do que ocorreu para PG, sendo que nos três primeiros ciclos as médias foram idênticas à C0. Já no quarto ciclo houve um leve aumento de 2,13% e no quinto ciclo uma leve redução de 1,06%. Os IV das subpopulações foram de 0,86 a 1,03 esp pl^{-1} no C1 e C2, 0,84 a 1,03 esp pl^{-1} no C3, 0,87 a 1,01 esp pl^{-1} no C4 e 0,76 a 1,06 esp pl^{-1} no C5, sendo que a subpopulação 4 deste último ciclo foi a única com média estatisticamente superior à C0 (Tabela 2.7).

Os IV do caráter PROL nas duas populações aumentaram no decorrer dos ciclos de deriva, indicando que as subpopulações apresentaram médias diferentes ao longo dos ciclos, em consequência da deriva genética. Como era esperado, este caráter sofreu menos com os efeitos da deriva genética do que o caráter PG, pois nele os efeitos aditivos e de dominância ocorrem de maneira similar (REZENDE, 1997). A população BR-106 foi, em média, menos sensível aos efeitos da deriva genética do que a população BR-105, o que não era esperado, já que possui maior variabilidade e, assim, esperava-se que sofresse mais com os efeitos da endogamia causada pela deriva. Estes resultados são diferentes aos reportados por Moreira (1999), a qual relatou valores de DEN em relação à população original inferiores para a população BR-105 e superiores para a população BR-106.

Considerando o caráter CE da população BR-105, somente as médias dos ciclos 4 (15,22 cm esp $^{-1}$) e 5 (15,35 cm esp $^{-1}$) foram estatisticamente inferiores à média da população original (C0 – 16,45 cm esp $^{-1}$), com reduções de 7,48% e 6,68%, respectivamente. Os IV entre as subpopulações aumentaram ao longo dos ciclos, sendo que no C1 as médias variaram de 15,22 a 16,56 cm esp $^{-1}$ e no C5 de 14,00 a 17,07 cm esp $^{-1}$ (Tabela 2.6).

O caráter CE da população BR-106, assim como para a população BR-105, apresentou médias inferiores à população original ($C0 - 16,04 \text{ cm esp}^{-1}$) em todos os ciclos, com reduções gradativas, que variaram de 3,12% no C1 a 8,29% no C5, sendo que apenas os dois últimos ciclos apresentaram médias significativamente diferentes de $C0$, com valores de $14,93 \text{ cm esp}^{-1}$ no C4 e $14,71 \text{ cm esp}^{-1}$ no C5. As médias variaram de $14,83$ a $16,22 \text{ cm esp}^{-1}$ no primeiro ciclo e $13,44$ a $15,85 \text{ cm esp}^{-1}$ no quinto ciclo, e somente a subpopulação 6 do ciclo 3 apresentou média superior significativa em relação à $C0$ (Tabela 2.7).

Assim como ocorreu para os caracteres PG e PROL, o caráter CE também apresentou uma grande variação entre as médias das subpopulações dentro e entre os ciclos em função da diferenciação causada pela deriva genética. No geral, as duas populações apresentaram performances similares no que diz respeito à redução no comprimento de espigas nas médias dos ciclos em relação à população original. Blandón (1996) e Maldonado e Miranda Filho (2002) reportaram valores de DEN de 3,81% e 4,30% para esse caráter, similares aos níveis de DEN encontrados nas duas populações avaliadas neste trabalho. Os valores relativamente baixos de redução das médias em relação à população original para este caráter provavelmente refletem uma maior contribuição dos efeitos aditivos em relação aos de dominância.

Para o caráter DE da população BR-105 foi observado que as médias de todos os ciclos foram ligeiramente superiores à média da população original ($C0 - 4,42 \text{ cm esp}^{-1}$), com aumentos de 0,68% no C2 a 1,58% no C4, mas não diferentes estatisticamente. No primeiro ciclo o IV foi de $4,34$ a $4,64 \text{ cm esp}^{-1}$ e no quinto ciclo foi de $4,10$ a $4,71 \text{ cm esp}^{-1}$. No total, nove subpopulações apresentaram médias superiores e significativas em relação à $C0$ distribuídas da seguinte forma: subpopulação 5 no C1; subpopulação 7 no C2; subpopulações 7 e 8 no C3; subpopulações 3 e 7 no C4; e subpopulações 7, 9 e 10 no C5. Dentre estas, destaca-se a subpopulação 7, que apresentou médias superiores e significativas nos ciclos 2 a 5, indicando que nesta subpopulação pode ter ocorrido a fixação de alelos favoráveis que contribuíram para o aumento da média do caráter nos ciclos de deriva genética (Tabela 2.6).

Com relação ao caráter DE da população BR-106, assim como para CE e PG, as médias de todos os ciclos foram inferiores à média da população original ($C0 - 4,81 \text{ cm esp}^{-1}$), ao contrário do que ocorreu para o mesmo caráter na população BR-105. As reduções em relação à $C0$ foram de 3,11% para C1 e C2, 4,57% para C3, 5,19% para C4 e 6,23% para C5, sendo que os três últimos ciclos apresentaram médias diferentes estatisticamente em relação à $C0$, com valores de $4,59 \text{ cm esp}^{-1}$, $4,56 \text{ cm esp}^{-1}$ e $4,51 \text{ cm esp}^{-1}$, respectivamente. O IV foi de $4,48$ a $4,81 \text{ cm esp}^{-1}$ no C1 e de $4,34$ a $4,70 \text{ cm esp}^{-1}$ no C5 (Tabela 2.7).

Considerando o caráter DE, as duas populações apresentaram performances diferentes. Na população BR-105, apesar de não ter ocorrido diferenças entre as médias dos ciclos e a população original (C0), houve uma tendência das subpopulações terem apresentado médias superiores à C0, ao contrário do que ocorreu na população BR-106, em que houve diferenças entre as médias de três ciclos em relação à C0, e nenhuma subpopulação apresentou média superior significativa à população original. Isso ocorreu, pois a população BR-105 é menos sensível aos efeitos da endogamia do que a população BR-106 (SOUZA JR et al., 1993). As estimativas de DEN reportadas por Maldonado e Miranda Filho (2002), para $F's$ iguais a 0,125 e 0,234, foram similares às encontradas neste trabalho.

O caráter NFE da população BR-105 apresentou performance similar ao caráter DE da mesma população, em que não houve diferença estatística entre as médias dos ciclos e a população original (C0 – 14,19). Houve um aumento do IV do primeiro (13,25 a 15,05) para o quinto ciclo (13,00 a 16,15), evidenciando que houve um aumento da diferenciação entre as subpopulações, causado pela deriva genética. Somente as subpopulações 3 e 7 apresentaram médias estatisticamente superiores à C0 nos ciclos 3, 4 e 5, em que, para estas subpopulações, provavelmente houve uma maior fixação de alelos favoráveis em relação às demais, contribuindo para o aumento da média do caráter (Tabela 2.6).

Para a população BR-106, o caráter NFE apresentou desempenho similar ao caráter PROL da mesma população, em que as médias dos ciclos não apresentaram diferenças estatísticas em relação à população original (C0 – 13,83). Em todos os ciclos houve reduções, que variaram de 1,88% no C3 a 3,04% no C4, com IV de 12,80 a 14,40 para o C1 e 12,80 a 14,20 para o C5. Ao contrário do caráter NFE da população BR-105, na população BR-106 nenhuma subpopulação apresentou média superior significativa à média da população original, pois, como possui maior variabilidade, esta população sofre mais com os efeitos da endogamia (Tabela 2.7).

Considerando o caráter NFE, nenhuma das populações apresentou diferenças estatísticas quanto às médias dos ciclos em relação à população original e somente a população BR-105 apresentou subpopulações com médias superiores à C0. Os IV nas duas populações foram de magnitudes diferentes, sugerindo que as subpopulações flutuaram irregularmente ao longo dos ciclos.

Com relação ao caráter NGF da população BR-105, assim como ocorreu com o caráter CE da mesma população, houve diferenças significativas das médias dos ciclos quando comparadas com a população original (C0 – 35,91) somente para o quarto (32,43) e quinto

(33,06) ciclos, com reduções de 9,69% e 7,94%, respectivamente. As médias variaram de 33,25 a 37,10 no C1 e de 29,45 a 35,63 no C5 (Tabela 2.6).

Para a população BR-106, o caráter NGF se comportou de forma similar ao caráter PG, mas com reduções de menor magnitude, sendo que as médias foram diminuindo gradativamente ao longo dos ciclos em relação à C0. Somente os três últimos ciclos foram diferentes estatisticamente de C0 (37,89), com reduções de 7,18% para o C3, 8,89% para o C4 e 10,42% para o C5, e médias de 35,17 (C3), 34,52 (C4) e 33,94 (C5). Os IV foram de 34,03 a 38,35 no primeiro ciclo e de 30,05 a 37,85 no quinto ciclo (Tabela 2.7).

O caráter NGF para as duas populações apresentou IV bastante diferentes ao longo dos ciclos, mas com magnitudes maiores na população BR-106, como esperado, evidenciando novamente que a maior variabilidade existente nesta população contribuiu para uma maior diferenciação entre as subpopulações em decorrência dos efeitos causados pela deriva genética.

Tabela 2.6 – Médias e diferença mínima significativa (DMS) para os caracteres produção de grãos (PG), prolificidade (PROL), comprimento de espiga (CE), diâmetro de espiga (DE), número de fileiras por espiga (NFE) e número de grãos por fileira (NGF), avaliados na população BR-105 original e suas respectivas 10 subpopulações não autofecundadas, nos cinco ciclos de deriva genética

(continua)

Pop/subpop.	PG (t ha ⁻¹)	PROL (esp pl ⁻¹)	CE (cm esp ⁻¹)	DE (cm esp ⁻¹)	NFE (nº)	NGF (nº)
BR-105 _{C0}	7,13	0,99	16,45	4,42	14,19	35,91
Ciclo 1						
Subpop. 1	6,65	0,92	15,45	4,57	15,05	33,95
Subpop. 2	7,04	1,02	16,28	4,49	14,35	34,98
Subpop. 3	5,70	0,86	15,22	4,36	13,95	33,70
Subpop. 4	7,19	0,96	16,11	4,39	13,50	36,48
Subpop. 5	6,84	0,95	16,21	4,64	14,80	34,68
Subpop. 6	6,71	0,95	16,42	4,34	13,25	34,68
Subpop. 7	7,28	1,00	16,56	4,43	13,70	37,10
Subpop. 8	7,01	1,02	15,78	4,46	13,95	33,75
Subpop. 9	6,21	0,83	15,49	4,48	14,75	33,25
Subpop. 10	7,59	1,03	15,92	4,56	14,65	33,38
$\bar{X}_{C1}$	6,82	0,95	15,94	4,47	14,20	34,59
Ciclo 2						
Subpop. 1	6,90	0,98	15,43	4,51	12,75	33,65
Subpop. 2	6,78	0,95	16,14	4,51	14,55	34,30
Subpop. 3	6,31	0,92	16,30	4,53	14,40	35,13
Subpop. 4	6,22	0,94	16,03	4,51	14,80	34,78
Subpop. 5	7,35	1,00	15,97	4,37	13,60	35,90
Subpop. 6	6,52	0,99	16,97	4,33	13,65	35,38
Subpop. 7	5,88	0,87	14,87	4,68	15,05	31,05
Subpop. 8	7,72	1,04	15,59	4,41	13,25	33,28
Subpop. 9	6,07	0,86	15,73	4,35	13,70	35,15
Subpop. 10	6,94	0,97	16,54	4,36	13,05	36,23
$\bar{X}_{C2}$	6,67	0,95	15,95	4,45	13,88	34,48
Ciclo 3						
Subpop. 1	6,85	0,95	15,12	4,51	13,55	33,65
Subpop. 2	5,61	0,92	15,36	4,29	13,30	31,43
Subpop. 3	6,86	0,99	15,46	4,57	15,30	34,48
Subpop. 4	6,54	0,96	15,59	4,44	14,25	34,85
Subpop. 5	5,94	0,94	16,19	4,38	14,15	35,00
Subpop. 6	5,66	0,93	16,47	4,23	12,95	34,15
Subpop. 7	6,19	0,88	14,26	4,70	15,55	30,38
Subpop. 8	6,74	0,95	15,60	4,62	13,90	34,10
Subpop. 9	6,71	0,90	16,53	4,51	13,75	35,20
Subpop. 10	7,27	1,03	15,64	4,36	13,10	34,48
$\bar{X}_{C3}$	6,44	0,95	15,62	4,46	13,98	33,77

Tabela 2.6 – Médias e diferença mínima significativa (DMS) para os caracteres produção de grãos (PG), prolificidade (PROL), comprimento de espiga (CE), diâmetro de espiga (DE), número de fileiras por espiga (NFE) e número de grãos por fileira (NGF), avaliados na população BR-105 original e suas respectivas 10 subpopulações não autofecundadas, nos cinco ciclos de deriva genética

(conclusão)						
Pop/subpop.	PG (t ha ⁻¹)	PROL (esp pl ⁻¹)	CE (cm esp ⁻¹)	DE (cm esp ⁻¹)	NFE (n°)	NGF (n°)
Ciclo 4						
Subpop. 1	6,49	0,94	15,76	4,35	13,60	34,85
Subpop. 2	5,51	0,85	14,65	4,48	13,85	31,95
Subpop. 3	5,84	0,91	14,36	4,62	16,00	31,38
Subpop. 4	6,28	0,96	15,65	4,34	14,45	34,45
Subpop. 5	4,86	0,86	15,08	4,22	13,60	29,88
Subpop. 6	7,22	0,97	16,07	4,50	14,20	35,13
Subpop. 7	4,98	0,78	13,79	4,91	16,00	27,68
Subpop. 8	6,25	0,94	14,46	4,56	14,45	32,23
Subpop. 9	8,17	0,94	16,78	4,60	13,30	36,48
Subpop. 10	4,72	0,87	15,64	4,28	13,50	30,30
$\bar{X}_{C4}$	6,13	0,90	15,22	4,49	14,30	32,43
Ciclo 5						
Subpop. 1	5,25	0,88	15,30	4,30	13,50	33,38
Subpop. 2	4,19	0,77	14,00	4,36	14,10	29,45
Subpop. 3	5,95	0,89	14,66	4,59	16,15	32,70
Subpop. 4	6,93	0,95	16,45	4,33	14,85	35,10
Subpop. 5	5,21	0,89	15,14	4,10	13,00	31,38
Subpop. 6	7,23	0,96	16,20	4,57	14,75	35,10
Subpop. 7	5,04	0,77	14,17	4,71	15,15	29,78
Subpop. 8	5,98	0,85	14,55	4,55	14,65	33,30
Subpop. 9	6,30	0,79	16,02	4,67	14,45	34,83
Subpop. 10	7,55	1,00	17,07	4,64	14,05	35,63
$\bar{X}_{C5}$	5,96	0,87	15,35	4,48	14,47	33,06
Média geral	6,52	0,94	15,76	4,46	14,17	34,04
DMS (5%)	1,10	0,11	1,07	0,19	0,88	2,50

Tabela 2.7 – Médias e diferença mínima significativa (DMS) para os caracteres produção de grãos (PG), prolificidade (PROL), comprimento de espiga (CE), diâmetro de espiga (DE), número de fileiras por espiga (NFE) e número de grãos por fileira (NGF), avaliados na população BR-106 original e suas respectivas 10 subpopulações não autofecundadas, nos cinco ciclos de deriva genética

(continua)

Pop/subpop.	PG (t ha ⁻¹)	PROL (esp pl ⁻¹)	CE (cm esp ⁻¹)	DE (cm esp ⁻¹)	NFE (nº)	NGF (nº)
BR-106 _{C0}	8,57	0,94	16,04	4,81	13,83	37,89
Ciclo 1						
Subpop. 1	7,10	0,86	14,89	4,60	13,35	35,35
Subpop. 2	8,24	0,94	15,68	4,56	13,95	36,08
Subpop. 3	7,89	0,92	15,48	4,81	13,75	35,20
Subpop. 4	8,15	0,94	16,22	4,72	13,80	38,35
Subpop. 5	8,83	1,02	16,08	4,68	13,40	37,90
Subpop. 6	6,87	0,95	15,88	4,48	12,80	37,28
Subpop. 7	7,49	0,95	15,33	4,67	13,35	37,08
Subpop. 8	8,18	1,03	15,84	4,74	12,80	37,75
Subpop. 9	6,70	0,90	14,83	4,74	14,40	35,85
Subpop. 10	8,07	0,88	15,15	4,64	13,00	34,03
$\bar{X}_{C1}$	7,75	0,94	15,54	4,66	13,46	36,49
Ciclo 2						
Subpop. 1	7,14	0,86	14,55	4,75	14,25	33,88
Subpop. 2	7,75	0,92	16,52	4,73	13,95	36,28
Subpop. 3	7,47	0,93	14,32	4,60	13,10	34,18
Subpop. 4	8,79	1,03	16,75	4,65	13,15	40,33
Subpop. 5	7,14	0,92	14,33	4,68	13,20	33,95
Subpop. 6	8,39	0,99	16,57	4,75	13,35	39,18
Subpop. 7	7,50	0,95	15,56	4,72	13,85	36,83
Subpop. 8	6,34	0,92	14,02	4,49	12,50	33,18
Subpop. 9	7,23	0,95	14,97	4,63	13,95	36,70
Subpop. 10	7,52	0,88	15,24	4,56	13,50	36,28
$\bar{X}_{C2}$	7,52	0,94	15,28	4,66	13,48	36,08
Ciclo 3						
Subpop. 1	7,74	0,95	15,88	4,67	14,10	34,55
Subpop. 2	6,39	0,85	14,59	4,62	14,10	34,28
Subpop. 3	5,97	0,84	13,50	4,66	13,60	31,98
Subpop. 4	7,70	0,97	15,84	4,70	14,45	37,18
Subpop. 5	6,60	1,00	14,54	4,49	12,30	35,75
Subpop. 6	6,94	1,03	19,23	4,39	12,83	36,93
Subpop. 7	7,55	0,94	14,98	4,58	14,00	38,95
Subpop. 8	7,48	0,97	14,07	4,58	12,70	34,10
Subpop. 9	6,79	0,92	13,60	4,63	14,00	32,93
Subpop. 10	7,36	0,96	14,70	4,58	13,60	35,03
$\bar{X}_{C3}$	7,05	0,94	15,09	4,59	13,57	35,17

Tabela 2.7 – Médias e diferença mínima significativa (DMS) para os caracteres produção de grãos (PG), prolificidade (PROL), comprimento de espiga (CE), diâmetro de espiga (DE), número de fileiras por espiga (NFE) e número de grãos por fileira (NGF), avaliados na população BR-106 original e suas respectivas 10 subpopulações não autofecundadas, nos cinco ciclos de deriva genética

(conclusão)						
Pop/subpop.	PG (t ha ⁻¹)	PROL (esp pl ⁻¹)	CE (cm esp ⁻¹)	DE (cm esp ⁻¹)	NFE (n°)	NGF (n°)
Ciclo 4						
Subpop. 1	7,87	0,97	15,70	4,77	14,10	32,73
Subpop. 2	6,34	0,87	16,01	4,61	13,10	34,50
Subpop. 3	6,72	0,92	14,87	4,82	14,15	32,50
Subpop. 4	6,74	1,01	14,77	4,43	13,10	34,68
Subpop. 5	6,39	0,96	15,02	4,48	13,15	35,78
Subpop. 6	5,90	0,93	14,15	4,34	12,80	33,43
Subpop. 7	8,40	1,01	15,70	4,67	13,55	38,93
Subpop. 8	6,73	0,99	13,44	4,56	13,35	31,83
Subpop. 9	7,61	1,00	14,60	4,59	13,75	35,48
Subpop. 10	5,93	0,90	15,10	4,38	13,05	35,35
$\bar{X}_{C4}$	6,86	0,96	14,93	4,56	13,41	34,52
Ciclo 5						
Subpop. 1	6,40	0,93	14,27	4,70	13,85	30,05
Subpop. 2	4,56	0,76	14,90	4,35	12,80	33,40
Subpop. 3	6,19	0,91	14,93	4,66	13,60	32,15
Subpop. 4	8,25	1,06	15,85	4,52	13,15	37,85
Subpop. 5	8,36	1,02	15,59	4,62	13,35	37,50
Subpop. 6	6,18	0,93	14,84	4,42	13,05	32,98
Subpop. 7	7,47	0,96	15,03	4,66	14,20	34,98
Subpop. 8	5,23	0,79	13,44	4,46	13,25	32,83
Subpop. 9	6,09	1,01	14,05	4,36	13,15	34,83
Subpop. 10	4,91	0,92	14,24	4,34	14,10	32,85
$\bar{X}_{C5}$	6,36	0,93	14,71	4,51	13,45	33,94
Média geral	7,35	0,94	15,20	4,63	13,53	35,68
DMS (5%)	1,13	0,11	1,03	0,18	0,71	2,62

Nas populações autofecundadas ($\otimes$), as médias gerais para a população BR-105 $\otimes$ foram de 4,10 t ha⁻¹, 0,86 esp pl⁻¹, 14,43 cm esp⁻¹, 4,16 cm esp⁻¹, 13,74 e 30,10 para os caracteres PG, PROL, CE, DE, NFE e NGF, respectivamente. Para a população BR-106 $\otimes$, as médias foram de 4,53 t ha⁻¹ para PG, 0,85 esp pl⁻¹ para PROL, 13,83 cm esp⁻¹ para CE, 4,27 cm esp⁻¹ para DE, 13,29 para NFE e 31,31 para NGF. A população BR-105 $\otimes$ foi menos produtiva, apresentou menor diâmetro de sabugo e menor número de grãos por fileira que a população BR-106 $\otimes$, porém foi mais prolífica, e apresentou maior comprimento de espigas e maior número de fileiras por espiga (Tabelas 2.8 e 2.9).

Para o caráter PG da população BR-105 $\otimes$, as médias de todos os ciclos foram superiores à média da população original (C0 – 3,91 t ha⁻¹), mas não foram diferentes estatisticamente. Os aumentos variaram de 1,79% no C3 a 9,21% no C5, e os IV variação foram de 3,53 a 4,56 t ha⁻¹ no primeiro ciclo e de 3,54 a 5,12 t ha⁻¹ no quinto ciclo, indicando ter ocorrido aumento na diferenciação entre as subpopulações autofecundadas do primeiro para o último ciclo. As subpopulações 1, 3 e 9 do segundo ciclo e 9 e 10 do quarto ciclo, foram significativamente mais produtivas que a população original, indicando que a deriva genética pode ter fixado alelos favoráveis nestas subpopulações (Tabela 2.8).

Com relação ao caráter PG da população BR-106 $\otimes$, ocorreu o inverso em relação à população BR-105 $\otimes$. As médias de todos os ciclos foram inferiores à média da população original (C0 – 4,98 t ha⁻¹), com reduções de maior magnitude, sendo que o quinto ciclo apresentou a maior queda, de 19,08% (4,03 t ha⁻¹), e foi o único que diferiu estatisticamente de C0. Nesta população, as médias variaram de 3,57 a 5,53 t ha⁻¹ no primeiro ciclo e de 2,98 a 5,18 t ha⁻¹ no quinto ciclo, indicando diferenciação das subpopulações ao longo dos ciclos (Tabela 2.9).

Os efeitos da endogamia causados pela deriva genética e pela autofecundação atuaram de maneira diferente nas duas populações avaliadas. Como esperado, houve uma queda acentuada das médias do caráter PG das subpopulações autofecundadas em relação às não autofecundadas, com maior magnitude para a população BR-106. Mas, ainda assim, esta população foi mais produtiva que a população BR-105 na média de todos os ciclos, exceto no ciclo C5. Os IV foram maiores na população BR-106 $\otimes$, exceto para o terceiro ciclo, e as médias de todos os ciclos de deriva genética foram inferiores à média da população original (C0), ao contrário do ocorrido para a população BR-105 $\otimes$, em que essas médias foram superiores. O fato da população BR-106 possuir maior variabilidade do que a BR-105 faz com que ela sofra mais os efeitos da endogamia, principalmente para o caráter PG, que possui maior grau de dominância que os demais caracteres (SOUZA JR et al., 1993). Garbuglio (2007), avaliando a depressão por endogamia de S_1 para S_2 em várias populações, com F 's equivalentes a 0,50 e 0,75, similares aos ciclos 0 e 5 das populações autofecundadas, relatou valores de depressão por endogamia para produção de grãos variando de 15,82% a 36,15%, para os diferentes locais avaliados.

Para o caráter PROL da população BR-105 $\otimes$, as médias de todos os ciclos de deriva genética foram inferiores à média da população original (0,88 esp pl⁻¹), mas não apresentaram diferenças estatísticas, sendo que a maior redução foi de 5,68% no quarto ciclo (0,83 esp pl⁻¹). Houve um aumento considerável no IV das médias do primeiro para o último ciclo, em que as

médias variaram de 0,81 a 0,91 esp pl⁻¹ para C1 e de 0,76 a 0,99 esp pl⁻¹ para C5. Considerando a população BR-106 $\otimes$, houve reduções e aumentos das médias dos ciclos em relação à população original (0,85 esp pl⁻¹), mas, assim como para a população BR-105 $\otimes$, não foram diferentes estatisticamente. O maior aumento foi de 5,88% no quarto ciclo e as médias variaram de 0,73 a 1,06 esp pl⁻¹ no primeiro ciclo e de 0,75 a 0,97 esp pl⁻¹ no quinto ciclo, sendo que somente a subpopulação 6 no primeiro ciclo apresentou média superior e significativa em relação à C0. Nota-se que este caráter foi sensivelmente menos afetado pela autofecundação que o caráter PG, pois os efeitos aditivos e de dominância são igualmente importantes para o controle do caráter (REZENDE, 1997) (Tabelas 2.8 e 2.9). Garbuglio (2007), analisando a depressão por endogamia em diferentes populações de milho, reportou aumentos e reduções de S_1 para S_2 para o caráter PROL.

O caráter CE da população BR-105 $\otimes$ não apresentou médias dos ciclos estatisticamente diferentes em relação à população original (C0 – 14,63 cm esp⁻¹). Nos dois primeiros ciclos houve um leve aumento nas médias e nos três últimos, reduções, com IV de 13,83 a 15,45 cm esp⁻¹ no C1 e de 13,40 a 15,02 cm esp⁻¹ no C5. Somente as subpopulações 9 (15,75 cm esp⁻¹) e 10 (16,19 cm esp⁻¹) do quarto ciclo apresentaram comprimento de espiga estatisticamente superior à C0. Para a população BR-106 $\otimes$, em média, houve diminuição do comprimento de espiga em relação à C0 para todos os ciclos, sendo que a maior redução (8,01%) e também a única significativa foi no quinto ciclo, que obteve média de 13,32 cm esp⁻¹. Nesta população, as médias variaram de 13,13 a 14,25 cm esp⁻¹ no C1 e de 12,43 a 14,18 cm esp⁻¹ no C5, e apenas as subpopulações 6 (C2) e 5 (C4) obtiveram médias superiores e significativas à população original. Assim como ocorreu para o caráter PG, as médias de CE da população BR-105 $\otimes$ reduziram menos que as médias da população BR-106 $\otimes$, visto que esta última é mais sensível à endogamia, pois possui maior variabilidade genética (Tabelas 2.8 e 2.9). Carena, Hallauer e Miranda Filho (2010) relataram para populações com F igual a 0,50, uma depressão por endogamia de 8%, similar à encontrada para o quinto ciclo da população BR-106 deste estudo. Garbuglio (2007) relatou estimativas de DEN de S_1 para S_2 para diversas populações, variando de 2,68% a 9,55%.

O caráter DE apresentou performance bastante similar ao do caráter PG, pois as médias de todos os ciclos de deriva genética foram superiores à média da população original (C0) para a população BR-105 $\otimes$, e inferiores à C0 para a população BR-106 $\otimes$. Para a população BR-105 $\otimes$, nenhum ciclo apresentou diferença estatística em relação à população original e, na população BR-106 $\otimes$, somente o quinto ciclo foi significativo, com uma redução de 5,66% (4,17 cm esp⁻¹). Os IV foram de elevada magnitude ao longo dos ciclos nas duas

populações, variando de 4,00 a 4,25 cm esp⁻¹ para C1 e de 4,05 a 4,42 cm esp⁻¹ para C5, na população BR-105 $\otimes$, e de 3,95 a 4,41 cm esp⁻¹ (C1) e 3,99 a 4,40 cm esp⁻¹ (C5) na população BR-106 $\otimes$. Nove subpopulações da população BR-105 apresentaram médias superiores e significativas à C0, destacando-se novamente a subpopulação 7, que foi significativa nos ciclos três a cinco, obtendo desempenho similar ao ocorrido para esta mesma subpopulação não autofecundada (Tabelas 2.8 e 2.9). Estimativas de DEN de S_1 para S_2 , obtidas por Garbuglio (2007) para o caráter DE variaram de 3,82% a 9,27% para várias populações de milho analisadas.

Para o caráter NFE, as médias dos ciclos apresentaram resultados similares aos dos caracteres PG e DE, pois na população BR-105 $\otimes$ todos os ciclos apresentaram médias superiores à população original (13,41), enquanto que na população BR-106 $\otimes$ as médias foram inferiores à C0 (13,44), não havendo diferenças significativas. Os IV no primeiro e último ciclo na população BR-105 $\otimes$ foram de 13,15 a 14,50 (C1) e 13,45 a 15,00 (C5), enquanto que na população BR-106 $\otimes$ as médias variaram de 12,30 a 13,70 (C1) e 12,45 a 13,81 (C5). Com exceção do primeiro ciclo, os IV foram maiores na população BR-105 $\otimes$, e esta população também apresentou oito subpopulações com maior número de fileiras por espiga que a população original (Tabelas 2.8 e 2.9).

Com relação ao caráter NGF, as médias de todos os ciclos de deriva genética foram inferiores às médias da população original (C0) para as duas populações, sendo que somente a média do quinto ciclo (29,25) da população BR-106 $\otimes$ foi diferente estatisticamente de C0 (33,10), com uma redução de 11,63%. O menor IV na população BR-105 $\otimes$ ocorreu no quinto ciclo (28,08 a 30,90) e o maior no quarto ciclo (24,70 a 33,78), enquanto que para a população BR-106 $\otimes$, o menor foi no C1 (28,75 a 32,70) e o maior no C5 (24,85 a 34,10). Somente as subpopulações 9 (BR-105 $\otimes$) e 5 (BR-106 $\otimes$), ambas do quarto ciclo, apresentaram médias superiores e significativas à população original, com valores de 33,78 e 36,78, respectivamente. Exceto para o quarto ciclo, todos os IV da população BR-106 $\otimes$ foram superiores aos da população BR-105 $\otimes$ (Tabelas 2.8 e 2.9).

Tabela 2.8 – Médias e diferença mínima significativa (DMS) para os caracteres produção de grãos (PG), prolificidade (PROL), comprimento de espiga (CE), diâmetro de espiga (DE), número de fileiras por espiga (NFE) e número de grãos por fileira (NGF), avaliados na população BR-105 e suas respectivas 10 subpopulações autofecundadas ($\otimes$), nos cinco ciclos de deriva genética

(continua)

Pop/subpop.	PG (t ha ⁻¹)	PROL (esp pl ⁻¹)	CE (cm esp ⁻¹)	DE (cm esp ⁻¹)	NFE (n°)	NGF (n°)
BR-105 c_0	3,91	0,88	14,63	4,07	13,41	30,88
Ciclo 1						
Subpop. 1	4,13	0,87	14,85	4,21	14,50	32,03
Subpop. 2	3,79	0,85	14,51	4,08	13,50	30,05
Subpop. 3	4,04	0,81	14,81	4,25	14,10	30,73
Subpop. 4	4,05	0,90	15,45	4,00	13,60	32,10
Subpop. 5	3,53	0,86	14,68	4,12	13,45	30,25
Subpop. 6	4,08	0,87	15,08	4,02	13,15	31,15
Subpop. 7	4,56	0,91	15,32	4,07	13,70	32,43
Subpop. 8	4,34	0,87	15,41	4,22	13,70	31,33
Subpop. 9	3,67	0,83	13,83	4,02	14,05	29,23
Subpop. 10	4,04	0,87	13,87	4,16	13,60	29,03
$\bar{X}_{c1}$	4,02	0,86	14,78	4,11	13,74	30,83
Ciclo 2						
Subpop. 1	5,04	0,93	14,84	4,06	13,15	31,95
Subpop. 2	4,44	0,88	14,22	4,16	13,90	29,95
Subpop. 3	4,85	0,95	15,18	4,25	13,90	31,95
Subpop. 4	3,86	0,73	13,76	4,43	14,65	29,38
Subpop. 5	3,71	0,83	15,02	4,02	12,60	31,13
Subpop. 6	3,78	0,82	14,72	4,00	13,65	30,15
Subpop. 7	3,48	0,78	14,16	4,13	13,60	29,13
Subpop. 8	4,26	0,83	15,24	4,35	13,75	32,60
Subpop. 9	5,23	0,94	15,49	4,35	13,95	32,08
Subpop. 10	3,85	0,82	13,77	4,20	13,20	28,85
$\bar{X}_{c2}$	4,25	0,85	14,64	4,19	13,64	30,72
Ciclo 3						
Subpop. 1	4,14	0,86	14,06	4,12	12,85	30,03
Subpop. 2	3,47	0,84	13,71	3,99	12,60	27,95
Subpop. 3	4,56	0,96	13,56	4,30	14,65	29,48
Subpop. 4	4,08	0,87	14,57	4,11	13,75	30,23
Subpop. 5	3,21	0,79	14,55	4,03	13,60	29,68
Subpop. 6	3,38	0,91	14,04	3,95	12,75	27,70
Subpop. 7	3,90	0,78	13,11	4,46	16,00	27,03
Subpop. 8	4,47	0,89	14,35	4,35	14,05	30,33
Subpop. 9	4,25	0,84	14,61	4,16	13,70	30,35
Subpop. 10	4,39	0,99	14,64	4,13	12,75	31,23
$\bar{X}_{c3}$	3,98	0,87	14,12	4,16	13,67	29,40

Tabela 2.8 – Médias e diferença mínima significativa (DMS) para os caracteres produção de grãos (PG), prolificidade (PROL), comprimento de espiga (CE), diâmetro de espiga (DE), número de fileiras por espiga (NFE) e número de grãos por fileira (NGF), avaliados na população BR-105 e suas respectivas 10 subpopulações autofecundadas ($\otimes$), nos cinco ciclos de deriva genética

(conclusão)

Pop/subpop.	PG (t ha ⁻¹)	PROL (esp pl ⁻¹)	CE (cm esp ⁻¹)	DE (cm esp ⁻¹)	NFE (nº)	NGF (nº)
Ciclo 4						
Subpop. 1	4,40	0,85	13,98	4,21	13,20	29,70
Subpop. 2	3,51	0,80	13,29	4,14	14,15	27,10
Subpop. 3	4,22	0,81	14,21	4,29	15,00	30,15
Subpop. 4	3,86	0,84	14,39	4,12	13,90	29,95
Subpop. 5	3,19	0,78	13,96	3,76	12,15	27,00
Subpop. 6	4,62	0,89	14,69	4,15	13,65	29,80
Subpop. 7	3,91	0,78	12,50	4,53	15,50	24,70
Subpop. 8	4,06	0,82	13,08	4,24	13,90	26,85
Subpop. 9	5,33	0,90	15,75	4,25	13,40	33,78
Subpop. 10	4,80	0,80	16,19	4,43	13,75	33,23
$\bar{X}_{C4}$	4,19	0,83	14,20	4,21	13,86	29,23
Ciclo 5						
Subpop. 1	3,64	0,86	14,52	4,06	13,65	28,78
Subpop. 2	3,54	0,77	13,40	4,15	13,90	28,08
Subpop. 3	4,39	0,86	13,89	4,27	15,00	30,45
Subpop. 4	4,02	0,85	14,61	4,05	14,20	29,75
Subpop. 5	3,92	0,83	13,76	4,09	13,95	29,88
Subpop. 6	4,67	0,91	13,87	4,26	14,05	28,80
Subpop. 7	4,24	0,76	14,50	4,42	15,00	29,20
Subpop. 8	4,38	0,95	14,18	4,26	14,55	30,30
Subpop. 9	4,75	0,83	14,35	4,22	13,60	29,63
Subpop. 10	5,12	0,99	15,02	4,26	13,45	30,90
$\bar{X}_{C5}$	4,27	0,86	14,21	4,20	14,14	29,58
Média geral	4,10	0,86	14,43	4,16	13,74	30,10
DMS (5%)	0,84	0,14	1,06	0,22	0,99	2,62

Tabela 2.9 – Médias e diferença mínima significativa (DMS) para os caracteres produção de grãos (PG), prolificidade (PROL), comprimento de espiga (CE), diâmetro de espiga (DE), número de fileiras por espiga (NFE) e número de grãos por fileira (NGF), avaliados na população BR-106 e suas respectivas 10 subpopulações autofecundadas ($\otimes$), nos cinco ciclos de deriva genética

(continua)

Pop/subpop.	PG (t ha ⁻¹)	PROL (esp pl ⁻¹)	CE (cm esp ⁻¹)	DE (cm esp ⁻¹)	NFE (n°)	NGF (n°)
BR-106 c_0	4,98	0,85	14,48	4,42	13,44	33,10
Ciclo 1						
Subpop. 1	3,85	0,82	13,13	4,35	13,40	29,40
Subpop. 2	5,07	0,90	14,10	4,18	13,55	32,70
Subpop. 3	4,39	0,75	13,21	4,37	13,55	28,75
Subpop. 4	4,16	0,82	13,51	4,25	13,70	31,33
Subpop. 5	5,53	0,90	14,21	4,41	13,25	31,70
Subpop. 6	4,40	1,06	14,16	3,95	12,30	32,23
Subpop. 7	3,86	0,78	13,64	4,27	13,50	29,98
Subpop. 8	5,22	0,93	14,25	4,31	12,50	31,23
Subpop. 9	3,57	0,73	13,61	4,22	13,70	32,50
Subpop. 10	4,16	0,77	13,73	4,21	12,50	30,15
$\bar{X}_{c1}$	4,42	0,84	13,75	4,25	13,20	31,00
Ciclo 2						
Subpop. 1	4,14	0,77	13,73	4,40	13,80	29,70
Subpop. 2	4,45	0,77	14,32	4,34	14,05	31,30
Subpop. 3	4,73	0,85	14,38	4,31	13,00	34,10
Subpop. 4	4,94	0,85	15,30	4,31	13,35	35,50
Subpop. 5	4,51	0,88	12,96	4,39	13,55	29,13
Subpop. 6	4,88	0,84	15,76	4,27	12,45	34,55
Subpop. 7	3,61	0,76	13,35	4,14	13,55	31,55
Subpop. 8	4,29	0,88	13,57	4,28	12,45	30,58
Subpop. 9	4,99	0,83	13,66	4,31	14,00	32,78
Subpop. 10	5,60	0,88	14,21	4,49	13,95	34,20
$\bar{X}_{c2}$	4,61	0,83	14,12	4,32	13,42	32,34
Ciclo 3						
Subpop. 1	4,91	0,81	13,81	4,35	13,00	30,40
Subpop. 2	4,29	0,77	13,21	4,33	14,15	28,85
Subpop. 3	5,09	0,92	13,40	4,40	12,35	30,78
Subpop. 4	4,67	0,95	13,83	4,33	13,30	31,83
Subpop. 5	4,75	0,89	13,48	4,15	13,10	30,48
Subpop. 6	4,61	0,85	14,07	4,12	12,70	32,10
Subpop. 7	4,22	0,85	13,67	4,08	13,15	33,83
Subpop. 8	4,63	0,91	13,47	4,21	12,95	30,88
Subpop. 9	4,15	0,87	12,76	4,31	13,55	29,20
Subpop. 10	4,10	0,76	13,55	4,22	13,50	32,28
$\bar{X}_{c3}$	4,54	0,86	13,52	4,25	13,18	31,06

Tabela 2.9 – Médias e diferença mínima significativa (DMS) para os caracteres produção de grãos (PG), prolificidade (PROL), comprimento de espiga (CE), diâmetro de espiga (DE), número de fileiras por espiga (NFE) e número de grãos por fileira (NGF), avaliados na população BR-106 e suas respectivas 10 subpopulações autofecundadas (⊗), nos cinco ciclos de deriva genética

(conclusão)						
Pop/subpop.	PG (t ha ⁻¹)	PROL (esp pl ⁻¹)	CE (cm esp ⁻¹)	DE (cm esp ⁻¹)	NFE (nº)	NGF (nº)
Ciclo 4						
Subpop. 1	5,20	0,89	14,06	4,46	13,60	28,58
Subpop. 2	3,93	0,80	13,71	4,25	12,95	29,35
Subpop. 3	5,70	0,97	14,33	4,61	13,60	33,58
Subpop. 4	4,58	0,90	13,82	4,10	13,40	32,25
Subpop. 5	5,55	0,97	15,52	4,35	13,30	36,78
Subpop. 6	4,07	0,85	13,97	4,04	12,45	30,65
Subpop. 7	4,95	0,93	13,47	4,28	13,95	31,33
Subpop. 8	4,21	0,90	12,69	4,23	13,00	29,65
Subpop. 9	4,45	0,92	13,23	4,21	13,05	30,90
Subpop. 10	3,35	0,84	12,96	3,87	12,95	28,18
$\bar{X}_{C4}$	4,60	0,90	13,77	4,24	13,23	31,12
Ciclo 5						
Subpop. 1	4,04	0,85	12,55	4,34	13,80	24,85
Subpop. 2	3,80	0,75	13,85	4,25	13,55	29,48
Subpop. 3	3,85	0,80	14,11	4,40	13,50	27,00
Subpop. 4	4,76	0,90	13,96	4,10	13,25	32,00
Subpop. 5	5,18	0,97	14,18	4,11	12,45	34,10
Subpop. 6	4,88	0,89	13,83	4,17	13,45	31,05
Subpop. 7	4,19	0,82	12,95	4,28	13,81	29,08
Subpop. 8	3,08	0,79	12,43	4,02	12,55	27,36
Subpop. 9	3,52	0,84	12,73	3,99	12,65	30,40
Subpop. 10	2,98	0,76	12,61	4,04	13,70	27,23
$\bar{X}_{C5}$	4,03	0,84	13,32	4,17	13,27	29,25
Média geral	4,53	0,85	13,83	4,27	13,29	31,31
DMS (5%)	0,83	0,12	1,01	0,20	0,82	2,55

Os coeficientes de variação (CV%) para o caráter PG foram de 29,53 e 24,36% para as populações BR-105 e BR-106, respectivamente. É importante ressaltar que esses CV% são considerados de alta magnitude devido à utilização de subpopulações com e sem autofecundação simultaneamente, além do caráter PG possuir maior influência ambiental que os demais caracteres, ocasionando uma grande variação entre as médias e diminuindo a média geral. Para os caracteres PROL e NGF da população BR-105 e PROL da população BR-106 os CVs foram de 18,66%, 16,44% e 15,83%, respectivamente. Para os demais caracteres as estimativas ficaram abaixo de 15% nas duas populações, evidenciando uma boa precisão experimental e estando de acordo com as estimativas apresentadas na literatura (Tabelas 2.10

e 2.11) (MOREIRA, 1999; CUNHA, 2004; HALLAUER; CARENA; MIRANDA FILHO, 2010; FRITSCHÉ-NETO et al., 2012).

As análises de variância individuais e as análises de variância conjuntas para as duas populações em cada nível de endogamia encontram-se nos Anexos A ao P. Nas análises de variância conjuntas para os dois níveis de endogamia foram detectadas diferenças significativas ($p \leq 0,05$ ou $p \leq 0,01$) para ambientes (A) nas duas populações analisadas, indicando que houve variação das médias entre os ambientes avaliados. Também foram observadas diferenças significativas para ciclos (C) para os caracteres PG, PROL, CE e NGF da população BR-105 e PG, CE, DE, NFE e NGF da população BR-106, apontando que houve variação entre os ciclos de deriva genética nas duas populações avaliadas. A interação ciclos x ambientes (C x A) foi significativa apenas para os caracteres PG e CE da população BR-105, mostrando que para esses caracteres os ciclos de deriva apresentaram performances diferenciais nos quatro ambientes avaliados. Para os demais caracteres, os ciclos obtiveram performances consistentes nos ambientes avaliados (Tabelas 2.10 e 2.11).

Detectaram-se também diferenças significativas para endogamia (E) nas duas populações para todos os caracteres, indicando que uma geração de autofecundação afetou as médias de todos os caracteres, como esperado (HALLAUER; CARENA; MIRANDA FILHO, 2010). A interação endogamia x ambientes (E x A) foi não significativa para todos os caracteres nas duas populações, indicando que houve consistência entre os níveis de endogamia nos quatro ambientes avaliados (Tabelas 2.10 e 2.11).

A interação ciclos x endogamia (C x E) foi significativa para o caráter PG nas duas populações e para os caracteres CE e NGF na população BR-106 demonstrando que, exceto para esses caracteres, houve consistência entre os ciclos nos dois níveis de endogamia utilizados. A interação ciclos x endogamia x ambientes (C x E x A) foi significativa apenas para os caracteres DE e NGF da população BR-105, indicando que, para estes caracteres, a interação C x E variou nos diferentes ambientes avaliados (Tabelas 2.10 e 2.11).

Foram observadas diferenças significativas para subpopulações dentro de ciclos (S/C) em todos os caracteres nas duas populações avaliadas. Tais resultados indicam que, tanto as médias das subpopulações com autofecundação quanto as sem autofecundação, diferiram entre si nos ciclos de deriva genética. Nos desdobramentos, observa-se que para S/C0 a maioria dos caracteres nas duas populações não apresentaram diferenças significativas, exceto para os caracteres PG e NGF da população BR-106. Esperava-se que nenhum caráter apresentasse diferença significativa no C0 (população original), já que neste ciclo ainda não houve a ocorrência de deriva genética e a variação entre as subpopulações deveria ser mínima

(Tabelas 2.10 e 2.11). Entretanto, o fato desses caracteres terem apresentado diferenças somente na população BR-106 pode ser explicado pela alta variabilidade existente nesta população (SOUZA JR et al., 1993).

Nos demais desdobramentos (*S/C1* a *S/C5*), detectaram-se diferenças significativas para todos os caracteres nas duas populações, com exceção dos caracteres PG e PROL no desdobramento *S/C1* e PG, PROL e NGF no desdobramento *S/C2* da população BR-105, e para os caracteres PROL e DE no desdobramento *S/C2* e PG no desdobramento *S/C3* da população BR-106. O aumento da variação entre e aumento da uniformidade dentro das subpopulações no decorrer dos ciclos são consequências esperadas da deriva genética (FUTUYMA, 2009). Desta forma, observa-se que houve uma tendência geral de aumento das diferenças significativas nos caracteres das duas populações com o passar dos ciclos de deriva (*S/C1* a *S/C5*) (Tabelas 2.10 e 2.11). A amostragem reduzida ao longo dos ciclos faz com que as frequências alélicas das subpopulações flutuem irregularmente, podendo haver fixação ou perda de alelos favoráveis ou desfavoráveis, fazendo com que caminhem progressivamente em direções opostas, e se diferenciem (WRIGHT, 1931; FALCONER; MACKAY, 1996).

Para a interação subpopulações x ambientes dentro de ciclo (*S* x *A* / *C*) foram observadas diferenças significativas para os caracteres PG, DE, NFE e NGF da população BR-105 e para o caráter NFE da população BR-106. Pode-se observar que na população BR-105 a interação *SxA/C0* não apresentou efeitos significativos e que na interação *SxA/C1* apenas o caráter NGF apresentou diferenças significativas. Para as interações *SxA/C2* e *SxA/C3* da população BR-105, os caracteres que apresentaram efeitos significativos foram PG e NFE na primeira interação e PROL e NFE na segunda. As interações *SxA/C4* e *SxA/C5* da população BR-105 foram as que apresentaram maior número de efeitos significativos para todos os caracteres, com exceção de PG e PROL na interação *SxA/C4* e PROL na interação *SxA/C5*. Já para a população BR-106, foram observados menor número de efeitos significativos nos desdobramentos (*SxA/C0* a *SxA/C5*) do que na população BR-105. Foram detectadas diferenças significativas para os caracteres PG e CE na interação *SxA/C2*, NFE na interação *SxA/C3*, PROL na interação *SxA/C4* e NFE na interação *SxA/C5*. Tais resultados indicam que as subpopulações derivadas da população BR-105 interagiram mais com os ambientes dentro de cada ciclo do que as subpopulações derivadas da população BR-106 (Tabelas 2.10 e 2.11).

Também foram observadas diferenças significativas para a interação endogamia x subpopulações dentro de ciclo (*E* x *S* / *C*) para todos os caracteres nas duas populações, exceto para os caracteres PROL e NFE nas populações BR-105 e BR-106, respectivamente.

Não houve efeitos significativos desta interação para nenhum caráter na população BR-105 dentro dos ciclos 0, 1 e 3. Para os demais desdobramentos, todos os efeitos foram significativos, com exceção dos caracteres NFE e NGF na interação *ExS/C2*, dos caracteres PROL e CE na interação *ExS/C4* e PROL na interação *ExS/C5*. Para a população BR-106, foram observadas diferenças significativas para o caráter PG na interação *ExS/C0*, PROL na interação *ExS/C1*, PG, CE, DE e NGF na interação *ExS/C2*, PG, PROL e NFE na interação *ExS/C3*, PG, CE e NGF na interação *ExS/C4* e PG e DE na interação *ExS/C5*. Verifica-se que, nas duas populações, quanto mais avançado o ciclo de deriva genética, maior foi o efeito da interação *ExS*. Além do mais, no caso do caráter PG, por possuir um maior grau de dominância que os demais, esses efeitos foram mais pronunciados quando comparados aos demais caracteres (Tabelas 2.10 e 2.11).

Por último, observaram-se diferenças significativas para a interação endogamia x subpopulações x ambientes dentro de ciclo (*E x S x A / C*) apenas para os caracteres NFE na população BR-105 e PG na população BR-106. Nos desdobramentos, houve efeitos significativos para a população BR-105 somente para os caracteres PROL e NFE nas interações *ExSxA/C4* e *ExSxA/C5*, respectivamente. Já para a população BR-106, houve efeitos significativos para os caracteres PG nas interações *ExSxA/C0* e *ExSxA/C2*, e PROL na interação *ExSxA/C3*. Esses resultados indicam que, de maneira geral, a interação endogamia x subpopulações foi consistente nos diferentes ambientes dentro dos ciclos, devido à maioria dos caracteres não apresentarem diferenças significativas (Tabelas 2.10 e 2.11).

Tabela 2.10 – Quadrados médios e respectivas significâncias, médias gerais e coeficientes de variação da análise de variância conjunta para as subpopulações nos dois níveis de endogamia, obtidas da população original BR-105, nos cinco ciclos de deriva, para produção de grãos e seus componentes, avaliados em quatro ambientes

(continua)

Fonte de Variação	GL	Quadrados médios					
		PG	PROL ^a	CE	DE ^a	NFE	NGF
Rep/Amb (R/A)	4	15,71**	7,68 ^{ns}	6,30 ^{ns}	42,07**	0,95 ^{ns}	44,60 ^{ns}
Ambientes (A)	3	275,63**	297,40**	93,69**	17,05*	6,60**	326,34**
Ciclos (C)	5	8,77*	15,59**	17,78**	6,27 ^{ns}	2,14 ^{ns}	125,48**
C x A	15	5,54*	4,57 ^{ns}	6,42*	11,05 ^{ns}	2,07 ^{ns}	43,22 ^{ns}
(R x C) / A = Res (a)	20	2,45	2,80	4,03	5,24	1,14	27,80
Endogamia (E)	1	1.387,06**	135,00**	422,41**	2.220,42**	43,69**	3.721,73**
E x A	3	2,72 ^{ns}	5,03 ^{ns}	3,77 ^{ns}	16,44 ^{ns}	0,64 ^{ns}	1,03 ^{ns}
(R x E) / A = Res (b)	4	3,03	2,66	2,30	12,54	0,31	6,45
C x E	5	11,89**	2,41 ^{ns}	2,68 ^{ns}	5,69 ^{ns}	1,46 ^{ns}	10,99 ^{ns}
C x E x A	15	3,49 ^{ns}	1,28 ^{ns}	2,72 ^{ns}	6,05*	0,83 ^{ns}	16,55*
(R x E x C) / A = Res (c)	20	2,21	1,16	1,44	2,28	0,61	6,72
Subpopulações/C (S/C)	54	4,33**	4,02**	4,68**	23,16**	5,44**	25,74**
S / C0	9	0,89 ^{ns}	2,93 ^{ns}	1,02 ^{ns}	5,48 ^{ns}	0,88 ^{ns}	7,42 ^{ns}
S / C1	9	1,83 ^{ns}	2,18 ^{ns}	2,93*	11,33*	4,02**	15,46*
S / C2	9	2,29 ^{ns}	1,85 ^{ns}	2,76*	12,46*	4,36**	9,24 ^{ns}
S / C3	9	2,91*	4,51*	2,95*	43,02**	9,12**	16,26*
S / C4	9	9,33**	3,69*	12,30**	34,00**	9,81**	77,00**
S / C5	9	8,74**	8,96**	6,12**	32,65**	4,46**	29,03**
(S x A) / C	162	1,73**	2,24 ^{ns}	1,73 ^{ns}	7,38**	2,04**	11,60**
SxA / C0	27	1,08 ^{ns}	1,99 ^{ns}	0,88 ^{ns}	7,45 ^{ns}	0,98 ^{ns}	8,09 ^{ns}
SxA / C1	27	1,76 ^{ns}	1,37 ^{ns}	1,99 ^{ns}	5,42 ^{ns}	0,99 ^{ns}	11,53*
SxA / C2	27	2,28**	2,03 ^{ns}	0,98 ^{ns}	4,88 ^{ns}	1,93*	6,93 ^{ns}
SxA / C3	27	1,22 ^{ns}	3,03*	0,96 ^{ns}	5,97 ^{ns}	1,85*	9,05 ^{ns}
SxA / C4	27	1,82 ^{ns}	2,57 ^{ns}	3,11**	8,92*	2,78**	21,41**
SxA / C5	27	2,23**	2,47 ^{ns}	2,47*	11,65**	3,69**	12,62*
(R x S) / C/A = Res (d)	216	1,21	1,87	1,37	5,25	1,08	7,33

Tabela 2.10 – Quadrados médios e respectivas significâncias, médias gerais e coeficientes de variação da análise de variância conjunta para as subpopulações nos dois níveis de endogamia, obtidas da população original BR-105, nos cinco ciclos de deriva, para produção de grãos e seus componentes, avaliados em quatro ambientes

(conclusão)

Fonte de Variação	GL	Quadrados médios					
		PG	PROL ^a	CE	DE ^a	NFE	NGF
(E x S) / C	54	1,29**	1,23 ^{ns}	1,41**	5,70**	0,90*	10,46**
ExS / C0	9	0,42 ^{ns}	0,64 ^{ns}	0,97 ^{ns}	4,80 ^{ns}	0,66 ^{ns}	8,13 ^{ns}
ExS / C1	9	0,59 ^{ns}	1,49 ^{ns}	0,93 ^{ns}	4,50 ^{ns}	0,72 ^{ns}	5,46 ^{ns}
ExS / C2	9	1,44*	2,64*	1,87*	8,65**	0,73 ^{ns}	5,11 ^{ns}
ExS / C3	9	0,51 ^{ns}	0,59 ^{ns}	0,69 ^{ns}	1,26 ^{ns}	0,92 ^{ns}	4,73 ^{ns}
ExS / C4	9	3,04**	0,76 ^{ns}	1,30 ^{ns}	8,54**	1,19*	21,45**
ExS / C5	9	1,76**	1,26 ^{ns}	2,74**	6,44*	1,20*	17,88**
(E x S x A) / C	162	0,69 ^{ns}	1,36 ^{ns}	0,76 ^{ns}	3,13 ^{ns}	0,80*	5,70 ^{ns}
ExSxA / C0	27	0,64 ^{ns}	1,14 ^{ns}	0,74 ^{ns}	4,37 ^{ns}	0,63 ^{ns}	4,94 ^{ns}
ExSxA / C1	27	0,34 ^{ns}	1,25 ^{ns}	0,68 ^{ns}	2,44 ^{ns}	0,79 ^{ns}	6,41 ^{ns}
ExSxA / C2	27	0,83 ^{ns}	1,05 ^{ns}	0,82 ^{ns}	3,25 ^{ns}	0,55 ^{ns}	6,39 ^{ns}
ExSxA / C3	27	0,76 ^{ns}	1,31 ^{ns}	0,62 ^{ns}	2,81 ^{ns}	0,85 ^{ns}	3,95 ^{ns}
ExSxA / C4	27	0,71 ^{ns}	2,38**	0,94 ^{ns}	3,26 ^{ns}	0,80 ^{ns}	6,48 ^{ns}
ExSxA / C5	27	0,86 ^{ns}	1,01 ^{ns}	0,79 ^{ns}	2,65 ^{ns}	1,17**	6,05 ^{ns}
(E x S x R) C/A = Res (e)	216	0,62	1,17	0,81	3,08	0,60	5,31
CV (%) Res (a)		29,53	18,66	13,30	5,31	7,66	16,44
Média geral		5,31	0,90	15,09	4,31	13,95	32,07

^{ns}, * e ** não significativo, significativo a 5% e 1% de probabilidade pelo teste *F*, respectivamente; PG (produção de grãos, em t ha⁻¹), PROL (prolifidade, em esp pl⁻¹), CE (comprimento de espiga, em cm esp⁻¹), DE (diâmetro de espiga, em cm esp⁻¹), NFE (número de fileiras por espiga), NGF (número de grãos por fileira); ^a Quadrados médios multiplicados por 10².

Tabela 2.11 – Quadrados médios e respectivas significâncias, médias gerais e coeficientes de variação da análise de variância conjunta para as subpopulações nos dois níveis de endogamia, obtidas da população original BR-106, nos cinco ciclos de deriva, para produção de grãos e seus componentes, avaliados em quatro ambientes

(continua)

Fonte de Variação	GL	Quadrados médios					
		PG	PROL ^a	CE	DE ^a	NFE	NGF
Rep/Amb (R/A)	4	25,73**	22,03**	8,47**	27,35**	2,01*	48,45**
Ambientes (A)	3	110,79**	118,43**	28,15**	88,38**	10,19**	95,74**
Ciclos (C)	5	43,31**	4,26 ^{ns}	33,28**	140,14**	2,28*	280,98**
C x A	15	3,11 ^{ns}	2,06 ^{ns}	1,22 ^{ns}	6,27 ^{ns}	0,35 ^{ns}	13,12 ^{ns}
(R x C) / A = Res (a)	20	2,10	2,01	0,95	5,59	0,69	9,65
Endogamia (E)	1	1.913,97**	186,74*	453,50**	3.070,93**	14,53**	4.577,58**
E x A	3	3,52 ^{ns}	9,88 ^{ns}	4,51 ^{ns}	25,98 ^{ns}	0,18 ^{ns}	36,96 ^{ns}
(R x E) / A = Res (b)	4	0,68	5,98	3,71	23,20	0,40	17,96
C x E	5	12,02**	0,93 ^{ns}	2,60*	5,32 ^{ns}	0,67 ^{ns}	23,61**
C x E x A	15	1,19 ^{ns}	1,05 ^{ns}	0,70 ^{ns}	4,11 ^{ns}	0,44 ^{ns}	7,37 ^{ns}
(R x E x C) / A = Res (c)	20	1,11	1,08	0,71	2,83	0,56	5,58
Subpopulações/C (S/C)	54	6,33**	4,51**	5,97**	19,82**	3,15**	51,19**
S / C0	9	3,50**	1,39 ^{ns}	1,60 ^{ns}	2,46 ^{ns}	0,39 ^{ns}	15,81*
S / C1	9	6,31**	7,79**	2,49*	17,28**	4,25**	21,81**
S / C2	9	4,04**	1,94 ^{ns}	12,42**	5,20 ^{ns}	4,45**	72,40**
S / C3	9	1,62 ^{ns}	3,38*	5,37**	14,48**	4,21**	45,01**
S / C4	9	7,27**	3,35*	6,28**	52,24**	2,64**	52,31**
S / C5	9	15,24**	9,23**	7,65**	27,27**	2,97**	99,79**
(S x A) / C	162	1,57 ^{ns}	1,53 ^{ns}	1,12 ^{ns}	3,88 ^{ns}	0,81**	7,56 ^{ns}
SxA / C0	27	1,12 ^{ns}	0,69 ^{ns}	0,61 ^{ns}	3,05 ^{ns}	0,62 ^{ns}	4,31 ^{ns}
SxA / C1	27	0,96 ^{ns}	0,88 ^{ns}	1,06 ^{ns}	3,90 ^{ns}	0,68 ^{ns}	7,03 ^{ns}
SxA / C2	27	2,44*	2,01 ^{ns}	2,06*	3,01 ^{ns}	0,71 ^{ns}	9,59 ^{ns}
SxA / C3	27	1,36 ^{ns}	1,30 ^{ns}	1,11 ^{ns}	3,30 ^{ns}	1,05**	7,45 ^{ns}
SxA / C4	27	1,80 ^{ns}	2,69*	0,96 ^{ns}	4,49 ^{ns}	0,51 ^{ns}	7,28 ^{ns}
SxA / C5	27	1,76 ^{ns}	1,64 ^{ns}	0,90 ^{ns}	5,56 ^{ns}	1,28**	9,69 ^{ns}
(R x S) / C/A = Res (d)	216	1,33	1,61	1,23	4,16	0,55	7,49

Tabela 2.11 – Quadrados médios e respectivas significâncias, médias gerais e coeficientes de variação da análise de variância conjunta para as subpopulações nos dois níveis de endogamia, obtidas da população original BR-106, nos cinco ciclos de deriva, para produção de grãos e seus componentes, avaliados em quatro ambientes

(conclusão)

Fonte de Variação	GL	Quadrados médios					
		PG	PROL ^a	CE	DE ^a	NFE	NGF
(E x S) / C	54	2,12**	1,93**	1,49**	4,43**	0,79 ^{ns}	12,13**
ExS / C0	9	1,86**	1,89 ^{ns}	0,44 ^{ns}	3,95 ^{ns}	0,40 ^{ns}	3,68 ^{ns}
ExS / C1	9	0,82 ^{ns}	2,74**	0,73 ^{ns}	3,43 ^{ns}	0,28 ^{ns}	8,67 ^{ns}
ExS / C2	9	2,05**	1,70 ^{ns}	2,03**	7,75**	0,64 ^{ns}	11,00*
ExS / C3	9	2,22**	2,53*	1,43 ^{ns}	1,90 ^{ns}	1,87**	7,74 ^{ns}
ExS / C4	9	2,81**	0,93 ^{ns}	3,55**	4,17 ^{ns}	0,56 ^{ns}	35,17**
ExS / C5	9	2,98**	1,79 ^{ns}	0,73 ^{ns}	5,39*	1,02 ^{ns}	6,54 ^{ns}
(E x S x A) / C	162	0,74*	1,20 ^{ns}	0,64 ^{ns}	2,85 ^{ns}	0,53 ^{ns}	6,00 ^{ns}
ExSxA / C0	27	1,00*	1,35 ^{ns}	0,56 ^{ns}	3,67 ^{ns}	0,84 ^{ns}	5,72 ^{ns}
ExSxA / C1	27	0,46 ^{ns}	0,99 ^{ns}	0,62 ^{ns}	3,59 ^{ns}	0,83 ^{ns}	4,74 ^{ns}
ExSxA / C2	27	0,92*	0,87 ^{ns}	0,80 ^{ns}	2,80 ^{ns}	0,36 ^{ns}	7,32 ^{ns}
ExSxA / C3	27	0,63 ^{ns}	1,77*	0,55 ^{ns}	2,05 ^{ns}	0,53 ^{ns}	6,46 ^{ns}
ExSxA / C4	27	0,73 ^{ns}	1,08 ^{ns}	0,61 ^{ns}	2,23 ^{ns}	0,25 ^{ns}	6,34 ^{ns}
ExSxA / C5	27	0,69 ^{ns}	1,16 ^{ns}	0,73 ^{ns}	2,76 ^{ns}	0,36 ^{ns}	5,41 ^{ns}
(E x S x R) C/A = Res (e)	216	0,57	1,06	0,79	2,71	0,59	5,41
CV (%) Res (a)		24,36	15,83	6,73	5,31	6,18	9,27
Média geral		5,94	0,90	14,52	4,45	13,41	33,50

^{ns}, * e ** não significativo, significativo a 5% e 1% de probabilidade pelo teste *F*, respectivamente; PG (produção de grãos, em t ha⁻¹), PROL (prolificidade, em esp pl⁻¹), CE (comprimento de espiga, em cm esp⁻¹), DE (diâmetro de espiga, em cm esp⁻¹), NFE (número de fileiras por espiga), NGF (número de grãos por fileira); ^a Quadrados médios multiplicados por 10².

Os efeitos da deriva genética foram muito pronunciados e o desempenho *per se* das subpopulações ao longo dos ciclos de deriva para todos os caracteres foi afetado consideravelmente pelo tamanho efetivo reduzido da amostra utilizada ($N_E = 5$), especialmente nas subpopulações originadas da população original BR-106. Dentro de um mesmo ciclo de deriva, constatou-se uma grande variação nas médias das subpopulações, aparentemente sem nenhum padrão de desempenho nos demais ciclos, e que pode ser atribuída às mudanças das frequências alélicas causadas pela deriva genética. Isto explica também a tendência das médias das subpopulações se diferenciarem das médias das suas respectivas populações de origem (C0) ao longo dos ciclos, em consequência da deriva genética e do efeito da endogamia, induzido pelo tamanho efetivo reduzido da amostra. Cada loco que controla um caráter quantitativo teve a sua frequência alterada de um ciclo para o outro, ocasionando variação nas médias dos caracteres. Como a deriva genética é um

fenômeno aleatório, espera-se que a frequência alélica média das subpopulações se aproxime da frequência alélica da população de origem e, da mesma forma, a média de um determinado caráter quantitativo nas subpopulações se aproxime do valor do caráter na população de origem (FALCONER; MACKAY, 1996).

De acordo com Falconer e Mackay (1996), o tamanho efetivo reduzido causa um aumento na frequência de homozigotos em consequência da endogamia. A depressão por endogamia é obtida pela expressão $2 \sum_i p_i q_i d_i F$, estando, portanto, em função das frequências alélicas (p e q) e dos efeitos de dominância (d). É possível perceber que quanto maiores forem os níveis de dominância dos locos que controlam o caráter, maiores serão as diferenças das subpopulações em relação à média da população de origem (C_0) e maior será a proporção de subpopulações com média inferior à C_0 .

Rezende (1997) estudou a contribuição dos efeitos aditivos (locos em homozigose) e dos efeitos de dominância (locos em heterozigose) para o ciclo 0 de seleção recorrente nas populações BR-105 e BR-106. O autor observou que os efeitos de dominância foram mais evidentes que os efeitos aditivos para o caráter peso de grãos. Já para prolificidade, os dois tipos de efeito ocorreram, de modo que não foi possível determinar qual efeito foi mais importante. Outros autores, avaliando diferentes populações de milho, também reportaram o predomínio dos efeitos de dominância para o caráter produção de grãos (SMITH 1979b; SMITH, 1983; SMITH 1984; HELMS; HALLAUER; SMITH, 1989; EYHERABIDE; HALLAUER, 1991; CEPEDA et al., 2000; EDWARDS; LAMKEY, 2003; FLACHENECKER et al., 2006; HALLAUER; CARENA; MIRANDA FILHO, 2010; ROMAY et al., 2012; PEÑA-ASIN; ÁLVAREZ; ORDAS, 2013; LAMKEY; LORENZ, 2014).

Como os efeitos de dominância são mais importantes para o caráter PG, espera-se que seja mais sensível aos efeitos da deriva genética. De maneira geral, as médias das subpopulações para PG das populações BR-105 e BR-106, nos dois níveis de endogamia, foram inferiores às médias das populações originais (C_0), principalmente para a população BR-106, em que poucas médias foram superiores à C_0 . O fato da população BR-106 ser um composto e, conseqüentemente, possuir maior variabilidade, fez com que os efeitos da endogamia causada pela deriva genética fossem mais pronunciados. Como a população BR-105 foi obtida da seleção entre progênies S_1 's, tornou-se menos sensível à depressão por endogamia (SOUZA JR et al., 1993).

2.2.2.2 Estimativas dos efeitos da deriva genética

Para o caráter PG da população BR-105, as médias acumuladas de deriva genética diminuíram progressivamente ao longo dos ciclos, sendo que somente as médias dos ciclos 4 ($C_4 - C_0$) e 5 ($C_5 - C_0$) foram significativas ($p \leq 0,05$ ou $p \leq 0,01$), com valores de $-1,00 \text{ t ha}^{-1}$ e $-1,16 \text{ t ha}^{-1}$, respectivamente. Observou-se uma tendência de maior quantidade de estimativas significativas das subpopulações do primeiro para o último ciclo de deriva genética, sendo que a subpopulação 2 foi a que obteve a menor estimativa acumulada de deriva genética no quinto ciclo ($-2,93 \text{ t ha}^{-1}$), significativa desde o ciclo 3 (Tabela 2.12).

Para a população BR-106, as médias das subpopulações apresentaram performances similares às da população BR-105, diminuindo progressivamente do primeiro para o último ciclo, sendo significativas para os ciclos 3 a 5 ($C_3 - C_0$ a $C_5 - C_0$). Todos os ciclos apresentaram maior número de subpopulações com estimativas significativas e com maior magnitude do que a população BR-105, como era esperado, já que a população BR-106 é mais sensível aos efeitos da endogamia. Coincidentemente, a subpopulação 2 também apresentou a menor estimativa acumulada de deriva genética no quinto ciclo ($-4,01 \text{ t ha}^{-1}$) em relação às demais, com efeitos significativos a partir do ciclo 3 (Tabela 2.13).

O aumento negativo da magnitude das estimativas acumuladas ao longo dos ciclos significa que, nas duas populações, a deriva genética contribuiu para a queda expressiva de produtividade das subpopulações, ressaltando que o valor negativo das estimativas significa que houve diminuição da média da subpopulação em relação à população original (C_0). Houve uma grande variação nas estimativas das subpopulações para o caráter PG das duas populações, mais acentuada para a população BR-106, já que esta possui maior variabilidade e, conseqüentemente, sofre mais com os efeitos da endogamia. A grande variação existente entre as estimativas acumuladas ao longo dos ciclos comprova que a deriva genética é um processo aleatório e não pode ser predito, somente quantificado (FALCONER; MACKAY, 1996). Moreira (1999), estudando as mesmas populações em apenas dois ciclos de deriva genética encontrou resultados similares, em que as estimativas médias foram significativas nos dois ciclos avaliados para as duas populações, com maior magnitude para a população BR-106.

Rezende (1997) relatou o efeito da redução da heterozigose devido à deriva genética nas populações BR-105 e BR-106, observando valores negativos em ambas as populações, correspondendo a $-0,61 \text{ t ha}^{-1}$ para a população BR-105 e $-1,69 \text{ t ha}^{-1}$ para a população BR-106. As estimativas negativas apontam que os efeitos da deriva genética limitaram o

progresso com a seleção para o caráter PG nas populações *per se*. Estimativas de deriva genética em programas de seleção recorrente em diferentes populações de milho variaram de -0,04 a 0,17 t ha⁻¹ (SMITH, 1979b; SMITH 1983, HELMS; HALLAUER; SMITH, 1989; EYHERABIDE; HALLAUER, 1991; CEPEDA et al., 2000; BUTRUILLE et al., 2004; FLACHENECKER et al., 2006). Deve-se ressaltar que estas estimativas de deriva genética estão influenciadas pela seleção, visto que a amostra não é aleatória, mas sim selecionada. De qualquer forma, essas estimativas são importantes, pois podem interferir aleatoriamente nos programas de melhoramento alterando o ganho de seleção.

A variação das estimativas significativas para o caráter PROL foi menor em relação ao caráter PG e a população BR-105, ao contrário do esperado, sofreu mais os efeitos da deriva genética do que a população BR-106. O fato de se observar menos estimativas dos efeitos acumulados para o caráter PROL pode ser explicado pelo menor envolvimento dos efeitos de dominância neste caráter. No quinto ciclo foram observadas estimativas de deriva genética de maior magnitude para as subpopulações, em que a média foi significativa apenas para a população BR-105 (-1,11 esp pl⁻¹). Deve-se mencionar que, na população BR-106, a subpopulação 4 do quinto ciclo apresentou estimativa positiva, indicando que, apenas neste caso, houve um aumento da média do caráter (Tabelas 2.12 e 2.13).

Rezende (1997) observou resultados similares, em que para o caráter PROL da população BR-105, a estimativa de deriva genética foi significativamente negativa (-1,70 esp pl⁻¹), indicando uma maior redução no número de espigas por planta em relação à população BR-106. Moreira (1999), avaliando as mesmas populações em dois ciclos de deriva genética, não encontrou efeitos acumulados significativos para o caráter PROL e poucas subpopulações apresentaram estimativas significativas.

O caráter CE apresentou performance similar ao caráter PG, em que a maior quantidade de estimativas significativas ficou concentrada nos ciclos finais, com maior magnitude para a população BR-106. As médias de deriva genética foram significativas somente para os ciclos 4 e 5, nas duas populações avaliadas, sendo de -1,22 e -1,09 cm esp⁻¹ na população BR-105 e de -1,10 e -1,33 cm esp⁻¹ na população BR-106, respectivamente, indicando que houve uma diminuição do comprimento de espiga ao longo dos ciclos de deriva em relação à população original (C0). Deve-se chamar atenção para a subpopulação 6 oriunda da população BR-106, na qual houve grande variação na magnitude e direção das estimativas do ciclo 3 (3,19 cm esp⁻¹) para o ciclo 4 (-1,89 cm esp⁻¹) e para o ciclo 5 (-1,20 cm esp⁻¹) (Tabelas 2.12 e 2.13).

Estes resultados sugerem que o caráter CE possui mais locos com efeitos de dominância, e que a variação presente entre as estimativas acumuladas ao longo dos ciclos comprova que a deriva genética é um processo aleatório, o qual causou diferenciação entre as subpopulações, resultado do pequeno tamanho efetivo da amostra utilizada (FALCONER; MACKAY, 1996). Cunha (2004), avaliando subpopulações de milho com três tamanhos efetivos (N_E) diferentes, constatou que as médias do caráter CE seguem um padrão de decréscimo proporcional à diminuição N_E .

Tabela 2.12 – Estimativas acumuladas de deriva genética através dos contrastes entre as médias das 10 subpopulações não autofecundadas e a média da população BR-105 original (C_0), nos cinco ciclos de deriva (C_1 a C_5), para os caracteres produção de grãos (PG), prolificidade (PROL) e comprimento de espiga (CE)

Subpopulação	PG (t ha ⁻¹)				
	$C_1 - C_0$	$C_2 - C_0$	$C_3 - C_0$	$C_4 - C_0$	$C_5 - C_0$
1	-0,48 ^{ns}	-0,23 ^{ns}	-0,27 ^{ns}	-0,63 ^{ns}	-1,88**
2	-0,09 ^{ns}	-0,34 ^{ns}	-1,52**	-1,62**	-2,93**
3	-1,42**	-0,82 ^{ns}	-0,27 ^{ns}	-1,29*	-1,18*
4	0,06 ^{ns}	-0,91 ^{ns}	-0,58 ^{ns}	-0,85 ^{ns}	-0,20 ^{ns}
5	-0,29 ^{ns}	0,22 ^{ns}	-1,18*	-2,27**	-1,91**
6	-0,42 ^{ns}	-0,61 ^{ns}	-1,47**	0,09 ^{ns}	0,10 ^{ns}
7	0,15 ^{ns}	-1,24*	-0,94 ^{ns}	-2,15**	-2,09**
8	-0,12 ^{ns}	0,60 ^{ns}	-0,39 ^{ns}	-0,88 ^{ns}	-1,15*
9	-0,92 ^{ns}	-1,06*	-0,42 ^{ns}	1,04 ^{ns}	-0,82 ^{ns}
10	0,47 ^{ns}	-0,19 ^{ns}	0,15 ^{ns}	-1,41**	0,43 ^{ns}
Média	-0,31 ^{ns}	-0,46 ^{ns}	-0,69 ^{ns}	-1,00*	-1,16*

Subpopulação	PROL (esp pl ⁻¹) ^a				
	$C_1 - C_0$	$C_2 - C_0$	$C_3 - C_0$	$C_4 - C_0$	$C_5 - C_0$
1	-0,61 ^{ns}	-0,06 ^{ns}	-0,31 ^{ns}	-0,48 ^{ns}	-1,06 ^{ns}
2	0,31 ^{ns}	-0,34 ^{ns}	-0,68 ^{ns}	-1,34*	-2,14**
3	-1,26*	-0,66 ^{ns}	0,09 ^{ns}	-0,76 ^{ns}	-0,95 ^{ns}
4	-0,24 ^{ns}	-0,44 ^{ns}	-0,21 ^{ns}	-0,30 ^{ns}	-0,39 ^{ns}
5	-0,34 ^{ns}	0,14 ^{ns}	-0,46 ^{ns}	-1,29*	-0,96 ^{ns}
6	-0,38 ^{ns}	0,05 ^{ns}	-0,55 ^{ns}	-0,16 ^{ns}	-0,29 ^{ns}
7	0,16 ^{ns}	-1,14*	-1,05 ^{ns}	-2,08**	-2,15**
8	0,33 ^{ns}	0,58 ^{ns}	-0,40 ^{ns}	-0,44 ^{ns}	-1,34*
9	-1,51**	-1,23*	-0,83 ^{ns}	-0,45 ^{ns}	-1,94**
10	0,43 ^{ns}	-0,20 ^{ns}	0,44 ^{ns}	-1,20*	0,10 ^{ns}
Média	-0,31 ^{ns}	-0,33 ^{ns}	-0,40 ^{ns}	-0,85 ^{ns}	-1,11*

Subpopulação	CE (cm esp ⁻¹)				
	$C_1 - C_0$	$C_2 - C_0$	$C_3 - C_0$	$C_4 - C_0$	$C_5 - C_0$
1	-1,00 ^{ns}	-1,01 ^{ns}	-1,33*	-0,69 ^{ns}	-1,15*
2	-0,17 ^{ns}	-0,30 ^{ns}	-1,09*	-1,80**	-2,45**
3	-1,23*	-0,15 ^{ns}	-0,98 ^{ns}	-2,09**	-1,78**
4	-0,33 ^{ns}	-0,42 ^{ns}	-0,86 ^{ns}	-0,79 ^{ns}	0,01 ^{ns}
5	-0,24 ^{ns}	-0,48 ^{ns}	-0,26 ^{ns}	-1,37**	-1,31*
6	-0,03 ^{ns}	0,52 ^{ns}	0,03 ^{ns}	-0,38 ^{ns}	-0,25 ^{ns}
7	0,11 ^{ns}	-1,58**	-2,19**	-2,66**	-2,28**
8	-0,66 ^{ns}	-0,86 ^{ns}	-0,85 ^{ns}	-1,98**	-1,90**
9	-0,96 ^{ns}	-0,72 ^{ns}	0,09 ^{ns}	0,33 ^{ns}	-0,43 ^{ns}
10	-0,53 ^{ns}	0,09 ^{ns}	-0,80 ^{ns}	-0,81 ^{ns}	0,62 ^{ns}
Média	-0,50 ^{ns}	-0,49 ^{ns}	-0,82 ^{ns}	-1,22*	-1,09*

^{ns}, * e ** não significativo, significativo a 5% e 1% de probabilidade pelo teste *t*, respectivamente; ^a valores multiplicados por 10.

Tabela 2.13 – Estimativas acumuladas de deriva genética através dos contrastes entre as médias das 10 subpopulações não autofecundadas e a média da população BR-106 original (C_0), nos cinco ciclos de deriva (C_1 a C_5), para os caracteres produção de grãos (PG), prolificidade (PROL) e comprimento de espiga (CE)

Subpopulação	PG (t ha ⁻¹)				
	$C_1 - C_0$	$C_2 - C_0$	$C_3 - C_0$	$C_4 - C_0$	$C_5 - C_0$
1	-1,47**	-1,43**	-0,83 ^{ns}	-0,70 ^{ns}	-2,17**
2	-0,34 ^{ns}	-0,83 ^{ns}	-2,18**	-2,23**	-4,01**
3	-0,68 ^{ns}	-1,10*	-2,60**	-1,85**	-2,38**
4	-0,42 ^{ns}	0,22 ^{ns}	-0,87 ^{ns}	-1,83**	-0,33 ^{ns}
5	0,26 ^{ns}	-1,43**	-1,97**	-2,18**	-0,21 ^{ns}
6	-1,70**	-0,19 ^{ns}	-1,63**	-2,67**	-2,39**
7	-1,08 ^{ns}	-1,07 ^{ns}	-1,02 ^{ns}	-0,17 ^{ns}	-1,10*
8	-0,39 ^{ns}	-2,23**	-1,10*	-1,84**	-3,34**
9	-1,87**	-1,34*	-1,78**	-0,96 ^{ns}	-2,48**
10	-0,51 ^{ns}	-1,06 ^{ns}	-1,21*	-2,64**	-3,66**
Média	-0,82 ^{ns}	-1,05 ^{ns}	-1,52**	-1,71**	-2,21**

Subpopulação	PROL (esp pl ⁻¹) ^a				
	$C_1 - C_0$	$C_2 - C_0$	$C_3 - C_0$	$C_4 - C_0$	$C_5 - C_0$
1	-0,82 ^{ns}	-0,80 ^{ns}	0,02 ^{ns}	0,22 ^{ns}	-0,10 ^{ns}
2	-0,07 ^{ns}	-0,22 ^{ns}	-0,92 ^{ns}	-0,71 ^{ns}	-1,88**
3	-0,20 ^{ns}	-0,12 ^{ns}	-1,07 ^{ns}	-0,21 ^{ns}	-0,32 ^{ns}
4	-0,08 ^{ns}	0,88 ^{ns}	0,29 ^{ns}	0,70 ^{ns}	1,14*
5	0,75 ^{ns}	-0,23 ^{ns}	0,60 ^{ns}	0,18 ^{ns}	0,74 ^{ns}
6	0,09 ^{ns}	0,45 ^{ns}	0,88 ^{ns}	-0,15 ^{ns}	-0,17 ^{ns}
7	0,03 ^{ns}	0,09 ^{ns}	-0,05 ^{ns}	0,69 ^{ns}	0,19 ^{ns}
8	0,88 ^{ns}	-0,22 ^{ns}	0,28 ^{ns}	0,45 ^{ns}	-1,58**
9	-0,48 ^{ns}	0,02 ^{ns}	-0,22 ^{ns}	0,60 ^{ns}	0,64 ^{ns}
10	-0,67 ^{ns}	-0,63 ^{ns}	0,17 ^{ns}	-0,47 ^{ns}	-0,27 ^{ns}
Média	-0,06 ^{ns}	-0,08 ^{ns}	0,00 ^{ns}	0,13 ^{ns}	-0,16 ^{ns}

Subpopulação	CE (cm esp ⁻¹)				
	$C_1 - C_0$	$C_2 - C_0$	$C_3 - C_0$	$C_4 - C_0$	$C_5 - C_0$
1	-1,15*	-1,49**	-0,16 ^{ns}	-0,34 ^{ns}	-1,77**
2	-0,36 ^{ns}	0,48 ^{ns}	-1,45**	-0,03 ^{ns}	-1,14*
3	-0,56 ^{ns}	-1,72**	-2,54**	-1,17*	-1,11*
4	0,18 ^{ns}	0,71 ^{ns}	-0,20 ^{ns}	-1,27*	-0,19 ^{ns}
5	0,04 ^{ns}	-1,71**	-1,50**	-1,02*	-0,45 ^{ns}
6	-0,16 ^{ns}	0,53 ^{ns}	3,19**	-1,89**	-1,20*
7	-0,71 ^{ns}	-0,48 ^{ns}	-1,06*	-0,34 ^{ns}	-1,01*
8	-0,20 ^{ns}	-2,02**	-1,97**	-2,60**	-2,60**
9	-1,21*	-1,07*	-2,44**	-1,44**	-1,99**
10	-0,89 ^{ns}	-0,80 ^{ns}	-1,34**	-0,94 ^{ns}	-1,80**
Média	-0,50 ^{ns}	-0,76 ^{ns}	-0,95 ^{ns}	-1,10*	-1,33**

^{ns}, * e ** não significativo, significativo a 5% e 1% de probabilidade pelo teste *t*, respectivamente; ^a valores multiplicados por 10.

O caráter DE apresentou performance similar aos caracteres PG e CE para as duas populações, em que a maior quantidade de estimativas significativas foi identificada nos ciclos finais e, novamente, a população BR-106 foi mais sensível aos efeitos da deriva genética que a população BR-105. As médias das estimativas de deriva aumentaram gradativamente ao longo dos ciclos para a população BR-106, sendo significativas nos ciclos 3 a 5 ($C_3 - C_0$ a $C_5 - C_0$), enquanto que na população BR-105 não foram significativas em nenhum ciclo. A população BR-106 apresentou mais que o dobro de estimativas significativas que a população BR-105, evidenciando uma maior diferenciação das subpopulações. Na população BR-105, a maioria das estimativas foi positiva, enquanto que na população BR-106 todas as estimativas significativas foram negativas, demonstrando que a deriva genética provocou um desempenho inverso para o caráter DE nas duas populações (Tabelas 2.14 e 2.15). Cunha (2004), avaliando subpopulações de milho com três tamanhos efetivos diferentes, não detectou diferenças significativas para o caráter DE, apesar de ter havido uma tendência geral de diminuição das médias com a diminuição do N_E .

Considerando o caráter NFE, observa-se que para as duas populações as médias não foram significativas em nenhum ciclo e a quantidade de estimativas significativas em todos os ciclos foi aproximada. Na população BR-105, das dezessete estimativas significativas, oito foram positivas e nove negativas e, na população BR-106, todas as estimativas foram negativas. A grande variação nos sinais e na magnitude das estimativas das subpopulações oriundas da população BR-105 foi ocasionada pela deriva genética, visto que a diferenciação entre as subpopulações é uma consequência esperada deste fenômeno. Nas duas populações as estimativas significativas distribuídas ao longo de todos os ciclos, mas, mesmo assim, houve acúmulo dos efeitos da deriva genética nas médias de algumas subpopulações, contribuindo para o aumento ou a diminuição do número de fileiras por espiga (Tabelas 2.14 e 2.15).

Em relação ao caráter NGF, houve um padrão de desempenho similar ao caráter PG, em que as médias dos ciclos 4 e 5 foram significativas para a população BR-105, e dos ciclos 3 a 5 para a população BR-106. Novamente a população BR-106 foi mais sensível aos efeitos da deriva genética, visto que as estimativas aparecem em maior quantidade e, de modo geral, foram de maior magnitude, contribuindo para a diminuição da média do caráter, apesar de algumas subpopulações terem apresentado estimativas positivas, porém não significativas. Para as duas populações, houve uma grande variação entre as estimativas de deriva genética das subpopulações de um ciclo para o outro, resultado da diferenciação causada pela deriva genética devido à utilização de um tamanho efetivo reduzido de amostra ao longo dos ciclos avaliados (Tabelas 2.14 e 2.15).

Tabela 2.14 – Estimativas acumuladas de deriva genética através dos contrastes entre as médias das 10 subpopulações não autofecundadas e a média da população BR-105 original (C_0), nos cinco ciclos de deriva (C_1 a C_5), para os caracteres diâmetro de espiga (DE), número de fileiras por espiga (NFE) e número de grãos por fileira (NGF)

Subpopulação	DE (cm esp ⁻¹)				
	$C_1 - C_0$	$C_2 - C_0$	$C_3 - C_0$	$C_4 - C_0$	$C_5 - C_0$
1	0,15 ^{ns}	0,09 ^{ns}	0,09 ^{ns}	-0,07 ^{ns}	-0,12 ^{ns}
2	0,07 ^{ns}	0,09 ^{ns}	-0,14 ^{ns}	0,05 ^{ns}	-0,06 ^{ns}
3	-0,06 ^{ns}	0,11 ^{ns}	0,15 ^{ns}	0,20*	0,17 ^{ns}
4	-0,03 ^{ns}	0,09 ^{ns}	0,02 ^{ns}	-0,08 ^{ns}	-0,09 ^{ns}
5	0,22*	-0,05 ^{ns}	-0,04 ^{ns}	-0,21*	-0,33**
6	-0,08 ^{ns}	-0,10 ^{ns}	-0,19*	0,07 ^{ns}	0,14 ^{ns}
7	0,01 ^{ns}	0,26**	0,27**	0,49**	0,28*
8	0,04 ^{ns}	-0,01 ^{ns}	0,20*	0,14 ^{ns}	0,13 ^{ns}
9	0,05 ^{ns}	-0,07 ^{ns}	0,09 ^{ns}	0,18 ^{ns}	0,25**
10	0,14 ^{ns}	-0,07 ^{ns}	-0,07 ^{ns}	-0,14 ^{ns}	0,22*
Média	0,05 ^{ns}	0,03 ^{ns}	0,04 ^{ns}	0,06 ^{ns}	0,06 ^{ns}

Subpopulação	NFE (n°)				
	$C_1 - C_0$	$C_2 - C_0$	$C_3 - C_0$	$C_4 - C_0$	$C_5 - C_0$
1	0,87*	-1,44**	-0,63 ^{ns}	-0,58 ^{ns}	-0,68 ^{ns}
2	0,17 ^{ns}	0,37 ^{ns}	-0,88*	-0,33 ^{ns}	-0,08 ^{ns}
3	-0,23 ^{ns}	0,22 ^{ns}	1,12**	1,82**	1,97**
4	-0,68 ^{ns}	0,62 ^{ns}	0,07 ^{ns}	0,27 ^{ns}	0,67 ^{ns}
5	0,62 ^{ns}	-0,58 ^{ns}	-0,03 ^{ns}	-0,58 ^{ns}	-1,19**
6	-0,93*	-0,53 ^{ns}	-1,24**	0,02 ^{ns}	0,57 ^{ns}
7	-0,48 ^{ns}	0,87*	1,37**	1,82**	0,97*
8	-0,23 ^{ns}	-0,93*	-0,28 ^{ns}	0,27 ^{ns}	0,47 ^{ns}
9	0,57 ^{ns}	-0,48 ^{ns}	-0,43 ^{ns}	-0,88*	0,27 ^{ns}
10	0,47 ^{ns}	-1,14**	-1,09*	-0,68 ^{ns}	-0,13 ^{ns}
Média	0,01 ^{ns}	-0,30 ^{ns}	-0,20 ^{ns}	0,11 ^{ns}	0,28 ^{ns}

Subpopulação	NGF (n°)				
	$C_1 - C_0$	$C_2 - C_0$	$C_3 - C_0$	$C_4 - C_0$	$C_5 - C_0$
1	-1,96 ^{ns}	-2,26 ^{ns}	-2,26 ^{ns}	-1,06 ^{ns}	-2,53*
2	-0,93 ^{ns}	-1,61 ^{ns}	-4,48**	-3,96**	-6,46**
3	-2,21 ^{ns}	-0,78 ^{ns}	-1,43 ^{ns}	-4,53**	-3,21**
4	0,57 ^{ns}	-1,13 ^{ns}	-1,06 ^{ns}	-1,46 ^{ns}	-0,81 ^{ns}
5	-1,23 ^{ns}	-0,01 ^{ns}	-0,91 ^{ns}	-6,03**	-4,53**
6	-1,23 ^{ns}	-0,53 ^{ns}	-1,76 ^{ns}	-0,78 ^{ns}	-0,81 ^{ns}
7	1,19 ^{ns}	-4,86**	-5,53**	-8,23**	-6,13**
8	-2,16 ^{ns}	-2,63*	-1,81 ^{ns}	-3,68**	-2,61*
9	-2,66*	-0,76 ^{ns}	-0,71 ^{ns}	0,57 ^{ns}	-1,08 ^{ns}
10	-2,53*	0,32 ^{ns}	-1,43 ^{ns}	-5,61**	-0,28 ^{ns}
Média	-1,32 ^{ns}	-1,43 ^{ns}	-2,14 ^{ns}	-3,48**	-2,85*

^{ns}, * e ** não significativo, significativo a 5% e 1% de probabilidade pelo teste *t*, respectivamente.

Tabela 2.15 – Estimativas acumuladas de deriva genética através dos contrastes entre as médias das 10 subpopulações não autofecundadas e a média da população BR-106 original (C_0), nos cinco ciclos de deriva (C_1 a C_5), para os caracteres diâmetro de espiga (DE), número de fileiras por espiga (NFE) e número de grãos por fileira (NGF)

Subpopulação	DE (cm esp ⁻¹)				
	$C_1 - C_0$	$C_2 - C_0$	$C_3 - C_0$	$C_4 - C_0$	$C_5 - C_0$
1	-0,21*	-0,06 ^{ns}	-0,14 ^{ns}	-0,04 ^{ns}	-0,11 ^{ns}
2	-0,25**	-0,08 ^{ns}	-0,19*	-0,20*	-0,46**
3	0,00 ^{ns}	-0,21*	-0,15 ^{ns}	0,01 ^{ns}	-0,15 ^{ns}
4	-0,09 ^{ns}	-0,16 ^{ns}	-0,11 ^{ns}	-0,38**	-0,29**
5	-0,13 ^{ns}	-0,13 ^{ns}	-0,32**	-0,33**	-0,19*
6	-0,33**	-0,06 ^{ns}	-0,42**	-0,47**	-0,39**
7	-0,14 ^{ns}	-0,09 ^{ns}	-0,23**	-0,14 ^{ns}	-0,15 ^{ns}
8	-0,08 ^{ns}	-0,32**	-0,24**	-0,25**	-0,35**
9	-0,08 ^{ns}	-0,18*	-0,18*	-0,22*	-0,45**
10	-0,17*	-0,25**	-0,24**	-0,44**	-0,48**
Média	-0,15 ^{ns}	-0,16 ^{ns}	-0,22*	-0,25**	-0,30**

Subpopulação	NFE (nº)				
	$C_1 - C_0$	$C_2 - C_0$	$C_3 - C_0$	$C_4 - C_0$	$C_5 - C_0$
1	-0,48 ^{ns}	0,42 ^{ns}	0,27 ^{ns}	0,27 ^{ns}	0,02 ^{ns}
2	0,12 ^{ns}	0,12 ^{ns}	0,27 ^{ns}	-0,73*	-1,03**
3	-0,08 ^{ns}	-0,73*	-0,23 ^{ns}	0,32 ^{ns}	-0,23 ^{ns}
4	-0,03 ^{ns}	-0,68 ^{ns}	0,62 ^{ns}	-0,73*	-0,68 ^{ns}
5	-0,43 ^{ns}	-0,63 ^{ns}	-1,53**	-0,68 ^{ns}	-0,48 ^{ns}
6	-1,03**	-0,48 ^{ns}	-1,01**	-1,03**	-0,78**
7	-0,48 ^{ns}	0,02 ^{ns}	0,17 ^{ns}	-0,28 ^{ns}	0,37 ^{ns}
8	-1,03**	-1,33**	-1,13**	-0,48 ^{ns}	-0,58 ^{ns}
9	0,57 ^{ns}	0,12 ^{ns}	0,17 ^{ns}	-0,08 ^{ns}	-0,68 ^{ns}
10	-0,83*	-0,33 ^{ns}	-0,23 ^{ns}	-0,78*	0,27 ^{ns}
Média	-0,37 ^{ns}	-0,35 ^{ns}	-0,26 ^{ns}	-0,42 ^{ns}	-0,38 ^{ns}

Subpopulação	NGF (nº)				
	$C_1 - C_0$	$C_2 - C_0$	$C_3 - C_0$	$C_4 - C_0$	$C_5 - C_0$
1	-2,54*	-4,02**	-3,34**	-5,17**	-7,84**
2	-1,82 ^{ns}	-1,62 ^{ns}	-3,62**	-3,39*	-4,49**
3	-2,69*	-3,72**	-5,92**	-5,39**	-5,74**
4	0,46 ^{ns}	2,43 ^{ns}	-0,72 ^{ns}	-3,22*	-0,04 ^{ns}
5	0,01 ^{ns}	-3,94**	-2,14 ^{ns}	-2,12 ^{ns}	-0,39 ^{ns}
6	-0,62 ^{ns}	1,28 ^{ns}	-0,97 ^{ns}	-4,47**	-4,92**
7	-0,82 ^{ns}	-1,07 ^{ns}	1,06 ^{ns}	1,03 ^{ns}	-2,92*
8	-0,14 ^{ns}	-4,72**	-3,79**	-6,07**	-5,07**
9	-2,04 ^{ns}	-1,19 ^{ns}	-4,97**	-2,42 ^{ns}	-3,07*
10	-3,87**	-1,62 ^{ns}	-2,87*	-2,54*	-5,04**
Média	-1,41 ^{ns}	-1,82 ^{ns}	-2,73*	-3,38**	-3,95**

^{ns}, * e ** não significativo, significativo a 5% e 1% de probabilidade pelo teste *t*, respectivamente.

Os efeitos médios da deriva entre os ciclos não foram significativos ($p \leq 0,05$ ou $p \leq 0,01$) para nenhum caráter avaliado (Tabelas 2.16 a 2.19). Para o caráter PG da população BR-105 observaram-se treze estimativas de deriva genética significativas, sendo três positivas e dez negativas, enquanto que, na população BR-106, das dezoito estimativas significativas, quatro foram positivas e quatorze negativas. De modo geral, os efeitos da deriva genética provocaram a diminuição das médias das subpopulações entre os ciclos, visto que a maioria das estimativas significativas foi negativa, corroborando com os resultados encontrados por Moreira (1999). A população BR-105 apresentou a maior quantidade de estimativas significativas entre os ciclos 3 e 4 ($C_4 - C_3$), ciclos 4 e 5 ($C_5 - C_4$), e a população BR-106 entre os ciclos 2 e 3, e 4 e 5. O surgimento de subpopulações com estimativas positivas em um determinado ciclo, seguido de estimativas negativas no ciclo seguinte (ou o inverso), como no caso da subpopulação 6 nos ciclos 1 a 3 ($C_1 - C_0$; $C_2 - C_1$; $C_3 - C_2$) ocorreu, pois a deriva genética é um fenômeno aleatório e não pode ser predito, fazendo com que as subpopulações flutuem irregularmente ao longo dos ciclos (Tabelas 2.16 e 2.17).

Com relação ao caráter PROL, houve uma menor quantidade de estimativas significativas em relação ao caráter PG. Seis estimativas foram significativas para a população BR-105, sendo cinco negativas e uma positiva. Dentre estas, destaca-se a subpopulação 10, na qual o efeito da deriva genética foi negativo entre os ciclos 3 e 4, e passou a ser positivo entre os ciclos 4 e 5. A população BR-106 apresentou apenas três estimativas significativas, todas negativas, para a subpopulação 8 ($-1,10 \text{ esp pl}^{-1}$) entre os ciclos 1 e 2 ($C_2 - C_1$), e subpopulações 2 ($-1,18 \text{ esp pl}^{-1}$) e 8 ($-2,04 \text{ esp pl}^{-1}$) entre os ciclos 4 e 5. Nota-se que, assim como ocorreu para as estimativas de deriva genética acumuladas em relação à C_0 , a população BR-105 foi mais afetada do que a BR-106 e, de maneira geral, a deriva genética contribuiu mais para a diminuição da quantidade de espigas por planta nas duas populações, resultado similar ao reportado por Moreira (1999) (Tabelas 2.16 e 2.17).

O caráter CE apresentou maior quantidade de estimativas significativas que PROL, pois, assim como o caráter PG, os efeitos de dominância estão mais presentes do que os efeitos aditivos. Novamente, a população BR-106 apresentou mais estimativas significativas e de maior magnitude que a população BR-105. A população BR-105 apresentou duas estimativas positivas e cinco negativas e, dentre estas, destaca-se a subpopulação 3, que possuiu a maior variação nos sinais das estimativas entre os ciclos. Para a população BR-106, dezessete estimativas foram significativas, sendo seis positivas e onze negativas, em que a maior variação ocorreu para a subpopulação 6 dos ciclos 2 e 3 ($2,66 \text{ cm esp}^{-1}$) para os ciclos 3 e 4 ($-5,08 \text{ cm esp}^{-1}$) (Tabelas 2.16 e 2.17).

Tabela 2.16 – Estimativas de deriva genética entre os ciclos de deriva através dos contrastes entre as médias das 10 subpopulações não autofecundadas derivadas da população BR-105 em um determinado ciclo (C_n), em relação às médias das respectivas subpopulações nos demais ciclos (C_1 a C_5), para os caracteres produção de grãos (PG), prolificidade (PROL) e comprimento de espiga (CE)

Subpopulação	PG (t ha ⁻¹)				
	$C_1 - C_0$	$C_2 - C_1$	$C_3 - C_2$	$C_4 - C_3$	$C_5 - C_4$
1	-0,48 ^{ns}	0,25 ^{ns}	-0,04 ^{ns}	-0,36 ^{ns}	-1,24*
2	-0,09 ^{ns}	-0,25 ^{ns}	-1,17*	-0,10 ^{ns}	-1,31*
3	-1,42**	0,61 ^{ns}	0,55 ^{ns}	-1,02 ^{ns}	0,11 ^{ns}
4	0,06 ^{ns}	-0,97 ^{ns}	0,33 ^{ns}	-0,27 ^{ns}	0,65 ^{ns}
5	-0,29 ^{ns}	0,51 ^{ns}	-1,41**	-1,09*	0,35 ^{ns}
6	-0,42 ^{ns}	-0,19 ^{ns}	-0,86 ^{ns}	1,56**	0,02 ^{ns}
7	0,15 ^{ns}	-1,39**	0,30 ^{ns}	-1,21*	0,06 ^{ns}
8	-0,12 ^{ns}	0,71 ^{ns}	-0,99 ^{ns}	-0,49 ^{ns}	-0,27 ^{ns}
9	-0,92 ^{ns}	-0,14 ^{ns}	0,64 ^{ns}	1,46**	-1,86**
10	0,47 ^{ns}	-0,65 ^{ns}	0,33 ^{ns}	-1,56**	1,83**
Média	-0,31 ^{ns}	-0,15 ^{ns}	-0,23 ^{ns}	-0,31 ^{ns}	-0,17 ^{ns}

Subpopulação	PROL (esp pl ⁻¹) ^a				
	$C_1 - C_0$	$C_2 - C_1$	$C_3 - C_2$	$C_4 - C_3$	$C_5 - C_4$
1	-0,61 ^{ns}	0,55 ^{ns}	-0,25 ^{ns}	-0,16 ^{ns}	-0,59 ^{ns}
2	0,31 ^{ns}	-0,65 ^{ns}	-0,34 ^{ns}	-0,66 ^{ns}	-0,80 ^{ns}
3	-1,26*	0,60 ^{ns}	0,75 ^{ns}	-0,85 ^{ns}	-0,19 ^{ns}
4	-0,24 ^{ns}	-0,20 ^{ns}	0,23 ^{ns}	-0,09 ^{ns}	-0,09 ^{ns}
5	-0,34 ^{ns}	0,48 ^{ns}	-0,60 ^{ns}	-0,83 ^{ns}	0,33 ^{ns}
6	-0,38 ^{ns}	0,43 ^{ns}	-0,60 ^{ns}	0,39 ^{ns}	-0,13 ^{ns}
7	0,16 ^{ns}	-1,30*	0,09 ^{ns}	-1,03 ^{ns}	-0,07 ^{ns}
8	0,33 ^{ns}	0,25 ^{ns}	-0,98 ^{ns}	-0,04 ^{ns}	-0,90 ^{ns}
9	-1,51**	0,29 ^{ns}	0,40 ^{ns}	0,38 ^{ns}	-1,49**
10	0,43 ^{ns}	-0,63 ^{ns}	0,64 ^{ns}	-1,64**	1,30*
Média	-0,31 ^{ns}	-0,02 ^{ns}	-0,07 ^{ns}	-0,45 ^{ns}	-0,26 ^{ns}

Subpopulação	CE (cm esp ⁻¹)				
	$C_1 - C_0$	$C_2 - C_1$	$C_3 - C_2$	$C_4 - C_3$	$C_5 - C_4$
1	-1,00 ^{ns}	-0,01 ^{ns}	-0,32 ^{ns}	0,65 ^{ns}	-0,46 ^{ns}
2	-0,17 ^{ns}	-0,14 ^{ns}	-0,78 ^{ns}	-0,71 ^{ns}	-0,65 ^{ns}
3	-1,23*	1,08*	-0,83 ^{ns}	-1,11*	0,31 ^{ns}
4	-0,33 ^{ns}	-0,09 ^{ns}	-0,44 ^{ns}	0,07 ^{ns}	0,80 ^{ns}
5	-0,24 ^{ns}	-0,25 ^{ns}	0,22 ^{ns}	-1,11*	0,06 ^{ns}
6	-0,03 ^{ns}	0,55 ^{ns}	-0,49 ^{ns}	-0,41 ^{ns}	0,13 ^{ns}
7	0,11 ^{ns}	-1,69**	-0,61 ^{ns}	-0,47 ^{ns}	0,38 ^{ns}
8	-0,66 ^{ns}	-0,20 ^{ns}	0,01 ^{ns}	-1,14*	0,08 ^{ns}
9	-0,96 ^{ns}	0,24 ^{ns}	0,81 ^{ns}	0,24 ^{ns}	-0,76 ^{ns}
10	-0,53 ^{ns}	0,62 ^{ns}	-0,89 ^{ns}	-0,01 ^{ns}	1,43**
Média	-0,50 ^{ns}	0,01 ^{ns}	-0,33 ^{ns}	-0,40 ^{ns}	0,13 ^{ns}

^{ns}, ** e * não significativo, significativo a 5% e 1% de probabilidade pelo teste *t*, respectivamente; ^a valores multiplicados por 10.

Tabela 2.17 – Estimativas de deriva genética entre os ciclos de deriva através dos contrastes entre as médias das 10 subpopulações não autofecundadas derivadas da população BR-106 em um determinado ciclo (C_n), em relação às médias das respectivas subpopulações nos demais ciclos (C_1 a C_5), para os caracteres produção de grãos (PG), prolificidade (PROL) e comprimento de espiga (CE)

Subpopulação	PG (t ha ⁻¹)				
	$C_1 - C_0$	$C_2 - C_1$	$C_3 - C_2$	$C_4 - C_3$	$C_5 - C_4$
1	-1,47**	0,04 ^{ns}	0,60 ^{ns}	0,13 ^{ns}	-1,47**
2	-0,34 ^{ns}	-0,49 ^{ns}	-1,36*	-0,05 ^{ns}	-1,78**
3	-0,68 ^{ns}	-0,42 ^{ns}	-1,49**	0,75 ^{ns}	-0,54 ^{ns}
4	-0,42 ^{ns}	0,64 ^{ns}	-1,09*	-0,96 ^{ns}	1,51**
5	0,26 ^{ns}	-1,70**	-0,53 ^{ns}	-0,21 ^{ns}	1,96**
6	-1,70**	1,52**	-1,44**	-1,04 ^{ns}	0,28 ^{ns}
7	-1,08 ^{ns}	0,00 ^{ns}	0,05 ^{ns}	0,85 ^{ns}	-0,94 ^{ns}
8	-0,39 ^{ns}	-1,84**	1,13*	-0,74 ^{ns}	-1,50**
9	-1,87**	0,53 ^{ns}	-0,44 ^{ns}	0,82 ^{ns}	-1,52**
10	-0,51 ^{ns}	-0,55 ^{ns}	-0,15 ^{ns}	-1,44**	-1,02 ^{ns}
Média	-0,82 ^{ns}	-0,23 ^{ns}	-0,47 ^{ns}	-0,19 ^{ns}	-0,50 ^{ns}

Subpopulação	PROL (esp pl ⁻¹) ^a				
	$C_1 - C_0$	$C_2 - C_1$	$C_3 - C_2$	$C_4 - C_3$	$C_5 - C_4$
1	-0,82 ^{ns}	0,03 ^{ns}	0,81 ^{ns}	0,20 ^{ns}	-0,31 ^{ns}
2	-0,07 ^{ns}	-0,15 ^{ns}	-0,70 ^{ns}	0,21 ^{ns}	-1,18*
3	-0,20 ^{ns}	0,08 ^{ns}	-0,95 ^{ns}	0,86 ^{ns}	-0,11 ^{ns}
4	-0,08 ^{ns}	0,96 ^{ns}	-0,59 ^{ns}	0,41 ^{ns}	0,44 ^{ns}
5	0,75 ^{ns}	-0,99 ^{ns}	0,84 ^{ns}	-0,42 ^{ns}	0,56 ^{ns}
6	0,09 ^{ns}	0,36 ^{ns}	0,43 ^{ns}	-1,03 ^{ns}	-0,02 ^{ns}
7	0,03 ^{ns}	0,06 ^{ns}	-0,14 ^{ns}	0,74 ^{ns}	-0,50 ^{ns}
8	0,88 ^{ns}	-1,10*	0,50 ^{ns}	0,18 ^{ns}	-2,04**
9	-0,48 ^{ns}	0,50 ^{ns}	-0,24 ^{ns}	0,82 ^{ns}	0,04 ^{ns}
10	-0,67 ^{ns}	0,04 ^{ns}	0,80 ^{ns}	-0,64 ^{ns}	0,20 ^{ns}
Média	-0,06 ^{ns}	-0,02 ^{ns}	0,08 ^{ns}	0,13 ^{ns}	-0,29 ^{ns}

Subpopulação	CE (cm esp ⁻¹)				
	$C_1 - C_0$	$C_2 - C_1$	$C_3 - C_2$	$C_4 - C_3$	$C_5 - C_4$
1	-1,15*	-0,35 ^{ns}	1,33**	-0,18 ^{ns}	-1,42**
2	-0,36 ^{ns}	0,84 ^{ns}	-1,93**	1,42**	-1,11*
3	-0,56 ^{ns}	-1,16*	-0,83 ^{ns}	1,37**	0,06 ^{ns}
4	0,18 ^{ns}	0,53 ^{ns}	-0,91 ^{ns}	-1,07*	1,08*
5	0,04 ^{ns}	-1,75**	0,20 ^{ns}	0,49 ^{ns}	0,57 ^{ns}
6	-0,16 ^{ns}	0,69 ^{ns}	2,66**	-5,08**	0,70 ^{ns}
7	-0,71 ^{ns}	0,23 ^{ns}	-0,59 ^{ns}	0,72 ^{ns}	-0,67 ^{ns}
8	-0,20 ^{ns}	-1,82**	0,05 ^{ns}	-0,63 ^{ns}	0,00 ^{ns}
9	-1,21*	0,14 ^{ns}	-1,37**	1,00*	-0,55 ^{ns}
10	-0,89 ^{ns}	0,09 ^{ns}	-0,55 ^{ns}	0,40 ^{ns}	-0,86 ^{ns}
Média	-0,50 ^{ns}	-0,26 ^{ns}	-0,19 ^{ns}	-0,16 ^{ns}	-0,22 ^{ns}

^{ns}, * e ** não significativo, significativo a 5% e 1% de probabilidade pelo teste *t*, respectivamente; ^a valores multiplicados por 10.

Em relação ao caráter DE, para a população BR-105, a maioria das estimativas significativas foi positiva, enquanto que, para a população BR-106, a grande maioria foi negativa, demonstrando que a deriva genética provocou desempenhos opostos nas duas populações, sendo que a população BR-106 foi mais afetada no sentido de redução do diâmetro da espiga. Nas duas populações, as estimativas significativas ficaram distribuídas ao longo de todos os ciclos, indicando que a deriva genética fez com que as subpopulações flutuassem irregularmente de um ciclo para o outro, não tendo uma performance previsível (Tabelas 2.18 e 2.19).

Para o caráter NFE, as duas populações apresentaram quantidades similares de estimativas significativas, sendo que houve maior número de valores negativos do que positivos e, de modo geral, houve uma redução na média das subpopulações entre os ciclos. Para a população BR-105, houve mais efeitos significativos de deriva genética entre os ciclos 1 e 2 e, para a população BR-106, entre a população original e o ciclo 1 ($C_1 - C_0$), e entre os ciclos 3 e 4. Notou-se uma grande variação nos sinais das estimativas das subpopulações de um ciclo para o outro e, de modo geral, a população BR-105 foi mais sensível aos efeitos da endogamia gerados pela deriva genética (Tabelas 2.18 e 2.19).

Considerando o caráter NGF, a maioria das estimativas significativas para as duas populações foi negativa, indicando que, possivelmente, este caráter possui mais efeitos de dominância envolvidos na sua herança, assim como os caracteres PG e CE. A deriva genética atuou mais intensamente nas subpopulações 10 (BR-105), 4 e 9 (BR-106), em que as estimativas foram negativas em um ciclo e se tornaram positivas no ciclo seguinte (ou o inverso), indicando que a deriva genética causada pelo tamanho efetivo reduzido alterou de forma mais drástica as médias destas subpopulações (Tabelas 2.18 e 2.19).

As estimativas de deriva genética acumuladas em relação à população original foram de maior magnitude do que as estimativas entre os ciclos para a maioria dos caracteres avaliados, principalmente para PG, CE, DE e NGF. Isto ocorreu pois o tamanho efetivo da população de origem é maior do que o dos ciclos de deriva ($N_E = 5$) e, com isso, os efeitos acumulados entre os ciclos e a população original são maiores. Entre os ciclos, os tamanhos efetivos são iguais a cinco e, por isso, os efeitos da deriva genética de um ciclo para o outro são de menor magnitude.

Houve uma tendência de uma maior quantidade de estimativas acumuladas nos ciclos mais avançados (ciclos 3 a 5), enquanto que as estimativas entre os ciclos se encontraram mais distribuídas. A grande maioria das estimativas foi negativa, indicando que a deriva genética contribuiu mais para diminuir as médias dos caracteres do que para aumentar,

principalmente para a população BR-106 que, por ser um composto e possuir maior variabilidade genética do que a população BR-105, foi mais sensível aos efeitos da endogamia.

Algumas subpopulações flutuaram mais do que outras, visto que suas estimativas de deriva, tanto acumuladas quanto entre os ciclos, alternaram de positivas para negativas (e vice-versa) de um ciclo para o outro. Tais resultados indicam que as alterações aleatórias nas frequências alélicas sofridas por estas subpopulações, causadas pela deriva genética em função do tamanho efetivo reduzido, refletiram também nas médias dos caracteres. Além disso, a alteração das médias depende também dos efeitos de dominância dos caracteres avaliados, pois, quanto maior for a contribuição desses efeitos, maior será o efeito da deriva genética. Assim, se os efeitos de dominância foram próximos de zero ($d \approx 0$), menor será o efeito da deriva genética, e a média da população original e da amostra tendem a ser similares ($\mu_1 \approx \mu_0$) (SOUZA JR, 1995).

Tabela 2.18 – Estimativas de deriva genética entre os ciclos de deriva através dos contrastes entre as médias das 10 subpopulações não autofecundadas derivadas da população BR-105 em um determinado ciclo (C_n), em relação às médias das respectivas subpopulações nos demais ciclos (C_1 a C_5), para os caracteres diâmetro de espiga (DE), número de fileiras por espiga (NFE) e número de grãos por fileira (NGF)

Subpopulação	DE (cm esp ⁻¹)				
	$C_1 - C_0$	$C_2 - C_1$	$C_3 - C_2$	$C_4 - C_3$	$C_5 - C_4$
1	0,15 ^{ns}	-0,06 ^{ns}	0,00 ^{ns}	-0,16 ^{ns}	-0,05 ^{ns}
2	0,07 ^{ns}	0,02 ^{ns}	-0,22*	0,19*	-0,11 ^{ns}
3	-0,06 ^{ns}	0,17 ^{ns}	0,04 ^{ns}	0,05 ^{ns}	-0,03 ^{ns}
4	-0,03 ^{ns}	0,12 ^{ns}	-0,07 ^{ns}	-0,10 ^{ns}	-0,02 ^{ns}
5	0,22*	-0,27**	0,01 ^{ns}	-0,17 ^{ns}	-0,12 ^{ns}
6	-0,08 ^{ns}	-0,01 ^{ns}	-0,09 ^{ns}	0,27**	0,07 ^{ns}
7	0,01 ^{ns}	0,25**	0,02 ^{ns}	0,21*	-0,20*
8	0,04 ^{ns}	-0,06 ^{ns}	0,22*	-0,06 ^{ns}	-0,01 ^{ns}
9	0,05 ^{ns}	-0,13 ^{ns}	0,16 ^{ns}	0,09 ^{ns}	0,07 ^{ns}
10	0,14 ^{ns}	-0,20*	0,00 ^{ns}	-0,07 ^{ns}	0,36**
Média	0,05 ^{ns}	-0,02 ^{ns}	0,01 ^{ns}	0,03 ^{ns}	0,00 ^{ns}

Subpopulação	NFE (n°)				
	$C_1 - C_0$	$C_2 - C_1$	$C_3 - C_2$	$C_4 - C_3$	$C_5 - C_4$
1	0,87*	-2,30**	0,80 ^{ns}	0,05 ^{ns}	-0,10 ^{ns}
2	0,17 ^{ns}	0,20 ^{ns}	-1,25**	0,55 ^{ns}	0,25 ^{ns}
3	-0,23 ^{ns}	0,45 ^{ns}	0,90*	0,70 ^{ns}	0,15 ^{ns}
4	-0,68 ^{ns}	1,30**	-0,55 ^{ns}	0,20 ^{ns}	0,40 ^{ns}
5	0,62 ^{ns}	-1,20**	0,55 ^{ns}	-0,55 ^{ns}	-0,60 ^{ns}
6	-0,93*	0,40 ^{ns}	-0,70 ^{ns}	1,25**	0,55 ^{ns}
7	-0,48 ^{ns}	1,35**	0,50 ^{ns}	0,45 ^{ns}	-0,85*
8	-0,23 ^{ns}	-0,70 ^{ns}	0,65 ^{ns}	0,55 ^{ns}	0,20 ^{ns}
9	0,57 ^{ns}	-1,05*	0,05 ^{ns}	-0,45 ^{ns}	1,15**
10	0,47 ^{ns}	-1,60**	0,05 ^{ns}	0,40 ^{ns}	0,55 ^{ns}
Média	0,01 ^{ns}	-0,32 ^{ns}	0,10 ^{ns}	0,32 ^{ns}	0,17 ^{ns}

Subpopulação	NGF (n°)				
	$C_1 - C_0$	$C_2 - C_1$	$C_3 - C_2$	$C_4 - C_3$	$C_5 - C_4$
1	-1,96 ^{ns}	-0,30 ^{ns}	0,00 ^{ns}	1,20 ^{ns}	-1,48 ^{ns}
2	-0,93 ^{ns}	-0,68 ^{ns}	-2,88*	0,52 ^{ns}	-2,50*
3	-2,21 ^{ns}	1,43 ^{ns}	-0,65 ^{ns}	-3,10*	1,33 ^{ns}
4	0,57 ^{ns}	-1,70 ^{ns}	0,08 ^{ns}	-0,40 ^{ns}	0,65 ^{ns}
5	-1,23 ^{ns}	1,23 ^{ns}	-0,90 ^{ns}	-5,13**	1,50 ^{ns}
6	-1,23 ^{ns}	0,70 ^{ns}	-1,23 ^{ns}	0,98 ^{ns}	-0,02 ^{ns}
7	1,19 ^{ns}	-6,05**	-0,68 ^{ns}	-2,70*	2,10 ^{ns}
8	-2,16 ^{ns}	-0,48 ^{ns}	0,83 ^{ns}	-1,88 ^{ns}	1,08 ^{ns}
9	-2,66*	1,90 ^{ns}	0,05 ^{ns}	1,28 ^{ns}	-1,65 ^{ns}
10	-2,53*	2,85*	-1,75 ^{ns}	-4,18**	5,33**
Média	-1,32 ^{ns}	-0,11 ^{ns}	-0,71 ^{ns}	-1,34 ^{ns}	0,63 ^{ns}

^{ns}, * e ** não significativo, significativo a 5% e 1% de probabilidade pelo teste *t*, respectivamente.

Tabela 2.19 – Estimativas de deriva genética entre os ciclos de deriva através dos contrastes entre as médias das 10 subpopulações não autofecundadas derivadas da população BR-106 em um determinado ciclo (C_n), em relação às médias das respectivas subpopulações nos demais ciclos (C_1 a C_5), para os caracteres diâmetro de espiga (DE), número de fileiras por espiga (NFE) e número de grãos por fileira (NGF)

Subpopulação	DE (cm esp ⁻¹)				
	$C_1 - C_0$	$C_2 - C_1$	$C_3 - C_2$	$C_4 - C_3$	$C_5 - C_4$
1	-0,21*	0,15 ^{ns}	-0,07 ^{ns}	0,09 ^{ns}	-0,07 ^{ns}
2	-0,25**	0,17 ^{ns}	-0,12 ^{ns}	-0,01 ^{ns}	-0,26**
3	0,00 ^{ns}	-0,21*	0,05 ^{ns}	0,17 ^{ns}	-0,16 ^{ns}
4	-0,09 ^{ns}	-0,08 ^{ns}	0,05 ^{ns}	-0,27**	0,09 ^{ns}
5	-0,13 ^{ns}	0,00 ^{ns}	-0,19*	-0,01 ^{ns}	0,14 ^{ns}
6	-0,33**	0,27**	-0,36**	-0,05 ^{ns}	0,08 ^{ns}
7	-0,14 ^{ns}	0,04 ^{ns}	-0,14 ^{ns}	0,09 ^{ns}	-0,01 ^{ns}
8	-0,08 ^{ns}	-0,25**	0,09 ^{ns}	-0,02 ^{ns}	-0,10 ^{ns}
9	-0,08 ^{ns}	-0,10 ^{ns}	0,00 ^{ns}	-0,04 ^{ns}	-0,23**
10	-0,17*	-0,08 ^{ns}	0,02 ^{ns}	-0,20*	-0,04 ^{ns}
Média	-0,15 ^{ns}	-0,01 ^{ns}	-0,07 ^{ns}	-0,02 ^{ns}	-0,06 ^{ns}

Subpopulação	NFE (n°)				
	$C_1 - C_0$	$C_2 - C_1$	$C_3 - C_2$	$C_4 - C_3$	$C_5 - C_4$
1	-0,48 ^{ns}	0,90*	-0,15 ^{ns}	0,00 ^{ns}	-0,25 ^{ns}
2	0,12 ^{ns}	0,00 ^{ns}	0,15 ^{ns}	-1,00**	-0,30 ^{ns}
3	-0,08 ^{ns}	-0,65 ^{ns}	0,50 ^{ns}	0,55 ^{ns}	-0,55 ^{ns}
4	-0,03 ^{ns}	-0,65 ^{ns}	1,30**	-1,35**	0,05 ^{ns}
5	-0,43 ^{ns}	-0,20 ^{ns}	-0,90*	0,85*	0,20 ^{ns}
6	-1,03**	0,55 ^{ns}	-0,53 ^{ns}	-0,02 ^{ns}	0,25 ^{ns}
7	-0,48 ^{ns}	0,50 ^{ns}	0,15 ^{ns}	-0,45 ^{ns}	0,65 ^{ns}
8	-1,03**	-0,30 ^{ns}	0,20 ^{ns}	0,65 ^{ns}	-0,10 ^{ns}
9	0,57 ^{ns}	-0,45 ^{ns}	0,05 ^{ns}	-0,25 ^{ns}	-0,60 ^{ns}
10	-0,83*	0,50 ^{ns}	0,10 ^{ns}	-0,55 ^{ns}	1,05**
Média	-0,37 ^{ns}	0,02 ^{ns}	0,09 ^{ns}	-0,16 ^{ns}	0,04 ^{ns}

Subpopulação	NGF (n°)				
	$C_1 - C_0$	$C_2 - C_1$	$C_3 - C_2$	$C_4 - C_3$	$C_5 - C_4$
1	-2,54*	-1,48 ^{ns}	0,67 ^{ns}	-1,83 ^{ns}	-2,68*
2	-1,82 ^{ns}	0,20 ^{ns}	-2,00 ^{ns}	0,23 ^{ns}	-1,10 ^{ns}
3	-2,69*	-1,03 ^{ns}	-2,20 ^{ns}	0,52 ^{ns}	-0,35 ^{ns}
4	0,46 ^{ns}	1,98 ^{ns}	-3,15*	-2,50 ^{ns}	3,18*
5	0,01 ^{ns}	-3,95**	1,80 ^{ns}	0,02 ^{ns}	1,73 ^{ns}
6	-0,62 ^{ns}	1,90 ^{ns}	-2,25 ^{ns}	-3,50**	-0,45 ^{ns}
7	-0,82 ^{ns}	-0,25 ^{ns}	2,13 ^{ns}	-0,03 ^{ns}	-3,95**
8	-0,14 ^{ns}	-4,58**	0,93 ^{ns}	-2,28 ^{ns}	1,00 ^{ns}
9	-2,04 ^{ns}	0,85 ^{ns}	-3,78**	2,55*	-0,65 ^{ns}
10	-3,87**	2,25 ^{ns}	-1,25 ^{ns}	0,33 ^{ns}	-2,50 ^{ns}
Média	-1,41 ^{ns}	-0,41 ^{ns}	-0,91 ^{ns}	-0,65 ^{ns}	-0,58 ^{ns}

^{ns}, * e ** não significativo, significativo a 5% e 1% de probabilidade pelo teste t , respectivamente.

2.2.2.3 Estimativas dos efeitos da deriva genética na autofecundação

As duas populações originais e todas as respectivas subpopulações foram autofecundadas, gerando um nível a mais de endogamia. Desta forma, pôde-se visualizar o efeito que a deriva genética originada pelo tamanho efetivo reduzido produziu nas estimativas dos caracteres das subpopulações autofecundadas, ressaltando que não é possível quantificar o quanto da perda do vigor foi gerada pela deriva genética e o quanto foi gerada pela autofecundação.

Para o caráter PG, os efeitos acumulados da deriva genética nas populações autofecundadas foram em menor quantidade e de magnitudes e direções diferentes, quando comparadas com as populações não autofecundadas. Na população BR-105 $\otimes$, ao contrário do que ocorreu para a população não autofecundada, as estimativas significativas ($p \leq 0,05$ ou $p \leq 0,01$) foram positivas, indicando que as subpopulações foram mais produtivas que a população original. Na população BR-106 $\otimes$, as estimativas foram negativas e, portanto, as subpopulações foram menos produtivas que a população original, sendo que a média das dez subpopulações foi significativa somente para o quinto ciclo ($C_5 - C_0$), indicando que as subpopulações deste ciclo foram 0,95 t ha⁻¹ menos produtivas que a população original. Algumas subpopulações como, por exemplo, as subpopulações 2 e 5 (BR-105 $\otimes$) e 3 e 8 (BR-106 $\otimes$) tiveram suas estimativas alteradas pela autofecundação. Essas alterações algumas vezes refletem na mudança de significância das estimativas de um nível de endogamia para o outro ou na troca de direção das estimativas (Tabelas 2.20 e 2.21). A população BR-105 $\otimes$ foi menos sensível à autofecundação, já que foi obtida da seleção de progênies S₁, enquanto que a BR-106 $\otimes$ contém maior variabilidade genética e, com isso, sofre mais com os efeitos da endogamia (SOUZA JR et al., 1993).

Com relação ao caráter PROL, não houve significância para as médias das estimativas das subpopulações em nenhum ciclo para nenhuma das populações, indicando que, em média, as subpopulações não diferiram da população original em nenhum ciclo avaliado. Para a população BR-105 $\otimes$, houve uma diminuição na quantidade de estimativas significativas em relação à população não autofecundada, em que somente a subpopulação 4 ($C_2 - C_0$) apresentou significância (-1,55 esp pl⁻¹). Para a população BR-106 $\otimes$, as quatro subpopulações significativas foram diferentes das subpopulações não autofecundadas. O caráter PROL apresentou uma menor quantidade de estimativas que o caráter PG, porém, ao contrário do que ocorreu com as populações não autofecundadas, a população BR-106 $\otimes$ foi mais sensível

que a população BR-105 $\otimes$. A endogamia gerada pela deriva e pela autofecundação nas subpopulações autofecundadas pode ter contribuído para essa inversão de performance e, além disso, o fato deste caráter possuir mais efeitos aditivos explica a menor quantidade de estimativas significativas que o caráter PG (Tabelas 2.20 e 2.21).

A média das estimativas para o caráter CE foi significativa apenas para a população BR-106 $\otimes$ no quinto ciclo (-1,16 cm), indicando que estas subpopulações apresentaram efeito acumulado de deriva genética, diferindo da população original. A população BR-105 $\otimes$ apresentou seis subpopulações com estimativas negativas e duas positivas, mais concentradas no quarto ciclo ($C_4 - C_0$), e a população BR-106 $\otimes$ apresentou vinte estimativas negativas e duas positivas, sendo que a maior quantidade delas se concentrou nos três últimos ciclos ($C_3 - C_0$ a $C_5 - C_0$). De maneira geral, houve uma diminuição no comprimento de espigas para as subpopulações, mais intenso na população BR-106 $\otimes$, assim como ocorreu para as estimativas das populações não autofecundadas. Além disso, após a autofecundação, a quantidade de valores significativos diminuiu e algumas subpopulações que tinham valores positivos passaram a ser negativos, ou vice-versa (Tabelas 2.20 e 2.21).

Tabela 2.20 – Estimativas dos efeitos acumulados da deriva genética na autofecundação através dos contrastes entre as médias das 10 subpopulações autofecundadas ($\otimes$) e a média da população BR-105 original ($C_{0\otimes}$), nos cinco ciclos de deriva (C_1 a C_5), para os caracteres produção de grãos (PG), prolificidade (PROL) e comprimento de espiga (CE)

Subpopulação	PG (t ha ⁻¹)				
	$C_1 - C_0$	$C_2 - C_0$	$C_3 - C_0$	$C_4 - C_0$	$C_5 - C_0$
1	0,22 ^{ns}	1,13**	0,23 ^{ns}	0,49 ^{ns}	-0,27 ^{ns}
2	-0,12 ^{ns}	0,53 ^{ns}	-0,44 ^{ns}	-0,40 ^{ns}	-0,37 ^{ns}
3	0,13 ^{ns}	0,94*	0,65 ^{ns}	0,31 ^{ns}	0,48 ^{ns}
4	0,14 ^{ns}	-0,05 ^{ns}	0,17 ^{ns}	-0,05 ^{ns}	0,11 ^{ns}
5	-0,38 ^{ns}	-0,20 ^{ns}	-0,70 ^{ns}	-0,72 ^{ns}	0,01 ^{ns}
6	0,17 ^{ns}	-0,13 ^{ns}	-0,53 ^{ns}	0,71 ^{ns}	0,76 ^{ns}
7	0,65 ^{ns}	-0,43 ^{ns}	-0,01 ^{ns}	0,00 ^{ns}	0,33 ^{ns}
8	0,43 ^{ns}	0,35 ^{ns}	0,56 ^{ns}	0,15 ^{ns}	0,47 ^{ns}
9	-0,24 ^{ns}	1,32**	0,34 ^{ns}	1,42**	0,84*
10	0,13 ^{ns}	-0,06 ^{ns}	0,48 ^{ns}	0,89*	1,21**
Média	0,11 ^{ns}	0,34 ^{ns}	0,08 ^{ns}	0,28 ^{ns}	0,36 ^{ns}

Subpopulação	PROL (esp pl ⁻¹) ^a				
	$C_1 - C_0$	$C_2 - C_0$	$C_3 - C_0$	$C_4 - C_0$	$C_5 - C_0$
1	-0,13 ^{ns}	0,47 ^{ns}	-0,27 ^{ns}	-0,31 ^{ns}	-0,29 ^{ns}
2	-0,33 ^{ns}	-0,04 ^{ns}	-0,41 ^{ns}	-0,84 ^{ns}	-1,13 ^{ns}
3	-0,78 ^{ns}	0,68 ^{ns}	0,72 ^{ns}	-0,72 ^{ns}	-0,28 ^{ns}
4	0,14 ^{ns}	-1,55*	-0,18 ^{ns}	-0,48 ^{ns}	-0,32 ^{ns}
5	-0,27 ^{ns}	-0,54 ^{ns}	-0,94 ^{ns}	-1,01 ^{ns}	-0,54 ^{ns}
6	-0,11 ^{ns}	-0,68 ^{ns}	0,26 ^{ns}	0,07 ^{ns}	0,21 ^{ns}
7	0,26 ^{ns}	-1,01 ^{ns}	-1,03 ^{ns}	-1,07 ^{ns}	-1,28 ^{ns}
8	-0,14 ^{ns}	-0,58 ^{ns}	0,06 ^{ns}	-0,69 ^{ns}	0,67 ^{ns}
9	-0,53 ^{ns}	0,59 ^{ns}	-0,41 ^{ns}	0,17 ^{ns}	-0,53 ^{ns}
10	-0,12 ^{ns}	-0,66 ^{ns}	1,08 ^{ns}	-0,83 ^{ns}	1,06 ^{ns}
Média	-0,20 ^{ns}	-0,33 ^{ns}	-0,11 ^{ns}	-0,57 ^{ns}	-0,25 ^{ns}

Subpopulação	CE (cm esp ⁻¹)				
	$C_1 - C_0$	$C_2 - C_0$	$C_3 - C_0$	$C_4 - C_0$	$C_5 - C_0$
1	0,22 ^{ns}	0,21 ^{ns}	-0,58 ^{ns}	-0,65 ^{ns}	-0,11 ^{ns}
2	-0,12 ^{ns}	-0,41 ^{ns}	-0,92 ^{ns}	-1,34*	-1,24*
3	0,18 ^{ns}	0,55 ^{ns}	-1,07*	-0,42 ^{ns}	-0,75 ^{ns}
4	0,81 ^{ns}	-0,87 ^{ns}	-0,06 ^{ns}	-0,25 ^{ns}	-0,03 ^{ns}
5	0,05 ^{ns}	0,39 ^{ns}	-0,08 ^{ns}	-0,67 ^{ns}	-0,88 ^{ns}
6	0,45 ^{ns}	0,09 ^{ns}	-0,59 ^{ns}	0,06 ^{ns}	-0,76 ^{ns}
7	0,68 ^{ns}	-0,47 ^{ns}	-1,52**	-2,13**	-0,13 ^{ns}
8	0,78 ^{ns}	0,61 ^{ns}	-0,28 ^{ns}	-1,55**	-0,45 ^{ns}
9	-0,80 ^{ns}	0,86 ^{ns}	-0,02 ^{ns}	1,12*	-0,29 ^{ns}
10	-0,77 ^{ns}	-0,86 ^{ns}	0,01 ^{ns}	1,55**	0,38 ^{ns}
Média	0,15 ^{ns}	0,01 ^{ns}	-0,51 ^{ns}	-0,43 ^{ns}	-0,43 ^{ns}

^{ns}, * e ** não significativo, significativo a 5% e 1% de probabilidade pelo teste *t*, respectivamente; ^a valores multiplicados por 10.

Tabela 2.21 – Estimativas dos efeitos acumulados da deriva genética na autofecundação através dos contrastes entre as médias das 10 subpopulações autofecundadas ($\otimes$) e a média da população BR-106 original ($C_{0\otimes}$), nos cinco ciclos de deriva (C_1 a C_5), para os caracteres produção de grãos (PG), prolificidade (PROL) e comprimento de espiga (CE)

Subpopulação	PG (t ha ⁻¹)				
	$C_1 - C_0$	$C_2 - C_0$	$C_3 - C_0$	$C_4 - C_0$	$C_5 - C_0$
1	-1,13**	-0,84*	-0,07 ^{ns}	0,22 ^{ns}	-0,94*
2	0,09 ^{ns}	-0,53 ^{ns}	-0,69 ^{ns}	-1,05*	-1,18**
3	-0,59 ^{ns}	-0,25 ^{ns}	0,11 ^{ns}	0,72 ^{ns}	-1,13**
4	-0,82*	-0,04 ^{ns}	-0,31 ^{ns}	-0,40 ^{ns}	-0,22 ^{ns}
5	0,55 ^{ns}	-0,47 ^{ns}	-0,23 ^{ns}	0,57 ^{ns}	0,20 ^{ns}
6	-0,58 ^{ns}	-0,10 ^{ns}	-0,37 ^{ns}	-0,91*	-0,10 ^{ns}
7	-1,12**	-1,37**	-0,76 ^{ns}	-0,03 ^{ns}	-0,79 ^{ns}
8	0,24 ^{ns}	-0,69 ^{ns}	-0,35 ^{ns}	-0,77 ^{ns}	-1,90**
9	-1,41**	0,01 ^{ns}	-0,83*	-0,52 ^{ns}	-1,46**
10	-0,82*	0,62 ^{ns}	-0,88*	-1,63**	-2,00**
Média	-0,56 ^{ns}	-0,36 ^{ns}	-0,44 ^{ns}	-0,38 ^{ns}	-0,95*

Subpopulação	PROL (esp pl ⁻¹) ^a				
	$C_1 - C_0$	$C_2 - C_0$	$C_3 - C_0$	$C_4 - C_0$	$C_5 - C_0$
1	-0,31 ^{ns}	-0,75 ^{ns}	-0,35 ^{ns}	0,45 ^{ns}	-0,01 ^{ns}
2	0,49 ^{ns}	-0,74 ^{ns}	-0,74 ^{ns}	-0,46 ^{ns}	-0,95 ^{ns}
3	-0,99 ^{ns}	0,05 ^{ns}	0,67 ^{ns}	1,20*	-0,50 ^{ns}
4	-0,33 ^{ns}	-0,01 ^{ns}	0,97 ^{ns}	0,51 ^{ns}	0,50 ^{ns}
5	0,51 ^{ns}	0,35 ^{ns}	0,37 ^{ns}	1,19*	1,22*
6	2,07**	-0,13 ^{ns}	0,06 ^{ns}	0,05 ^{ns}	0,42 ^{ns}
7	-0,65 ^{ns}	-0,91 ^{ns}	0,06 ^{ns}	0,80 ^{ns}	-0,29 ^{ns}
8	0,86 ^{ns}	0,27 ^{ns}	0,59 ^{ns}	0,54 ^{ns}	-0,54 ^{ns}
9	-1,15 ^{ns}	-0,14 ^{ns}	0,26 ^{ns}	0,70 ^{ns}	-0,05 ^{ns}
10	-0,81 ^{ns}	0,30 ^{ns}	-0,86 ^{ns}	-0,09 ^{ns}	-0,86 ^{ns}
Média	-0,03 ^{ns}	-0,17 ^{ns}	0,10 ^{ns}	0,49 ^{ns}	-0,11 ^{ns}

Subpopulação	CE (cm esp ⁻¹)				
	$C_1 - C_0$	$C_2 - C_0$	$C_3 - C_0$	$C_4 - C_0$	$C_5 - C_0$
1	-1,35**	-0,75 ^{ns}	-0,67 ^{ns}	-0,43 ^{ns}	-1,94**
2	-0,38 ^{ns}	-0,16 ^{ns}	-1,27*	-0,78 ^{ns}	-0,64 ^{ns}
3	-1,28*	-0,10 ^{ns}	-1,09*	-0,15 ^{ns}	-0,37 ^{ns}
4	-0,97*	0,81 ^{ns}	-0,65 ^{ns}	-0,67 ^{ns}	-0,52 ^{ns}
5	-0,28 ^{ns}	-1,52**	-1,00*	1,03*	-0,31 ^{ns}
6	-0,32 ^{ns}	1,28*	-0,42 ^{ns}	-0,52 ^{ns}	-0,66 ^{ns}
7	-0,84 ^{ns}	-1,13*	-0,82 ^{ns}	-1,02*	-1,53**
8	-0,23 ^{ns}	-0,92 ^{ns}	-1,01*	-1,79**	-2,05**
9	-0,87 ^{ns}	-0,83 ^{ns}	-1,72**	-1,26*	-1,76**
10	-0,75 ^{ns}	-0,27 ^{ns}	-0,93 ^{ns}	-1,53**	-1,88**
Média	-0,73 ^{ns}	-0,36 ^{ns}	-0,96 ^{ns}	-0,71 ^{ns}	-1,16*

^{ns}, * e ** não significativo, significativo a 5% e 1% de probabilidade pelo teste *t*, respectivamente; ^a valores multiplicados por 10.

Para o caráter DE, assim como para CE, observou-se que apenas a média das estimativas do quinto ciclo ($C_5 - C_0$) da população BR-106 $\otimes$ foi significativa, indicando que as subpopulações deste ciclo tiveram um menor diâmetro de espiga que a população original. Para a população BR-105 $\otimes$, onze valores foram significativos, concentrados nos ciclos 2 a 4 e, para a população BR-106 $\otimes$, vinte e dois valores foram significativos, com a maioria deles concentrados nos ciclos 3 a 5. Observa-se que, assim como para as subpopulações não autofecundadas, a população BR-105 $\otimes$ apresentou maior número de valores positivos, enquanto que a população BR-106 $\otimes$ apresentou maior número de valores negativos. Portanto, de modo geral, a autofecundação não alterou a direção das estimativas das subpopulações, mas reduziu a quantidade e a magnitude das mesmas, principalmente na população BR-106 (Tabelas 2.22 e 2.23).

O caráter NFE apresentou performance similar ao caráter DE, pois nenhuma média foi significativa em nenhum ciclo para nenhuma população. Para a população BR-105 $\otimes$, a maioria das subpopulações apresentaram valores significativos positivos, ao contrário do que ocorreu com as populações não autofecundadas, indicando que houve um aumento no número de fileiras por espiga das subpopulações em relação à população original autofecundada. Para a população BR-106 $\otimes$, todos os valores foram negativos, similar ao ocorrido para as populações sem autofecundação, mas em menor quantidade. A deriva genética e a autofecundação provocaram performances diferentes nas duas populações avaliadas, evidenciando que seus efeitos estão diretamente relacionados com a variabilidade genética existente na população utilizada e o tipo de ação gênica predominante no caráter em questão (Tabelas 2.22 e 2.23).

Com relação ao caráter NGF, somente a média das estimativas do quinto ciclo ($C_5 - C_0$) da população BR-106 $\otimes$ foi significativa (-3,85) e, nas duas populações, um número substancialmente menor de subpopulações foi significativo em relação às populações não autofecundadas. Assim, a autofecundação alterou a quantidade de estimativas significativas, mas, de modo geral, não alterou a direção das mesmas. As duas populações apresentaram somente uma subpopulação com valor positivo, e a população BR-106 $\otimes$ apresentou quase três vezes mais valores negativos que a BR-105 $\otimes$, indicando que, assim como para as populações não autofecundadas, a população BR-106 $\otimes$ foi mais sensível aos efeitos da endogamia. Deve-se ressaltar que a subpopulação 5 (BR-106 $\otimes$) flutuou mais que as demais subpopulações, sendo negativa nos ciclos 2 (-3,98) e 3 (-2,63) e passando para positiva no ciclo 4 (3,67) (Tabelas 2.22 e 2.23).

Tabela 2.22 – Estimativas dos efeitos acumulados da deriva genética na autofecundação através dos contrastes entre as médias das 10 subpopulações autofecundadas ($\otimes$) e a média da população BR-105 original ($C_{0\otimes}$), nos cinco ciclos de deriva (C_1 a C_5), para os caracteres diâmetro de espiga (DE), número de fileiras por espiga (NFE) e número de grãos por fileira (NGF)

Subpopulação	DE (cm esp ⁻¹)				
	$C_1 - C_0$	$C_2 - C_0$	$C_3 - C_0$	$C_4 - C_0$	$C_5 - C_0$
1	0,14 ^{ns}	-0,01 ^{ns}	0,05 ^{ns}	0,14 ^{ns}	-0,01 ^{ns}
2	0,01 ^{ns}	0,08 ^{ns}	-0,08 ^{ns}	0,06 ^{ns}	0,08 ^{ns}
3	0,18 ^{ns}	0,18 ^{ns}	0,22*	0,21*	0,20 ^{ns}
4	-0,08 ^{ns}	0,36**	0,03 ^{ns}	0,05 ^{ns}	-0,03 ^{ns}
5	0,05 ^{ns}	-0,06 ^{ns}	-0,04 ^{ns}	-0,31**	0,02 ^{ns}
6	-0,06 ^{ns}	-0,08 ^{ns}	-0,13 ^{ns}	0,07 ^{ns}	0,18 ^{ns}
7	-0,01 ^{ns}	0,06 ^{ns}	0,39**	0,46**	0,35**
8	0,14 ^{ns}	0,27*	0,28**	0,17 ^{ns}	0,18 ^{ns}
9	-0,05 ^{ns}	0,28**	0,09 ^{ns}	0,18 ^{ns}	0,15 ^{ns}
10	0,09 ^{ns}	0,13 ^{ns}	0,06 ^{ns}	0,36**	0,19 ^{ns}
Média	0,04 ^{ns}	0,12 ^{ns}	0,09 ^{ns}	0,14 ^{ns}	0,13 ^{ns}

Subpopulação	NFE (n°)				
	$C_1 - C_0$	$C_2 - C_0$	$C_3 - C_0$	$C_4 - C_0$	$C_5 - C_0$
1	1,10*	-0,26 ^{ns}	-0,56 ^{ns}	-0,21 ^{ns}	0,24 ^{ns}
2	0,09 ^{ns}	0,49 ^{ns}	-0,81 ^{ns}	0,74 ^{ns}	0,49 ^{ns}
3	0,69 ^{ns}	0,49 ^{ns}	1,25*	1,60**	1,60**
4	0,19 ^{ns}	1,25*	0,34 ^{ns}	0,49 ^{ns}	0,79 ^{ns}
5	0,04 ^{ns}	-0,81 ^{ns}	0,19 ^{ns}	-1,26**	0,54 ^{ns}
6	-0,26 ^{ns}	0,24 ^{ns}	-0,66 ^{ns}	0,24 ^{ns}	0,65 ^{ns}
7	0,29 ^{ns}	0,19 ^{ns}	2,60**	2,10**	1,60**
8	0,29 ^{ns}	0,34 ^{ns}	0,65 ^{ns}	0,49 ^{ns}	1,15*
9	0,65 ^{ns}	0,54 ^{ns}	0,29 ^{ns}	-0,01 ^{ns}	0,19 ^{ns}
10	0,19 ^{ns}	-0,21 ^{ns}	-0,66 ^{ns}	0,34 ^{ns}	0,04 ^{ns}
Média	0,33 ^{ns}	0,23 ^{ns}	0,26 ^{ns}	0,45 ^{ns}	0,73 ^{ns}

Subpopulação	NGF (n°)				
	$C_1 - C_0$	$C_2 - C_0$	$C_3 - C_0$	$C_4 - C_0$	$C_5 - C_0$
1	1,15 ^{ns}	1,08 ^{ns}	-0,85 ^{ns}	-1,18 ^{ns}	-2,10 ^{ns}
2	-0,82 ^{ns}	-0,93 ^{ns}	-2,93*	-3,78**	-2,80*
3	-0,15 ^{ns}	1,08 ^{ns}	-1,40 ^{ns}	-0,73 ^{ns}	-0,43 ^{ns}
4	1,23 ^{ns}	-1,50 ^{ns}	-0,65 ^{ns}	-0,93 ^{ns}	-1,13 ^{ns}
5	-0,63 ^{ns}	0,25 ^{ns}	-1,20 ^{ns}	-3,88**	-1,00 ^{ns}
6	0,27 ^{ns}	-0,73 ^{ns}	-3,18*	-1,08 ^{ns}	-2,08 ^{ns}
7	1,55 ^{ns}	-1,75 ^{ns}	-3,85**	-6,18**	-1,68 ^{ns}
8	0,45 ^{ns}	1,73 ^{ns}	-0,55 ^{ns}	-4,03**	-0,57 ^{ns}
9	-1,65 ^{ns}	1,20 ^{ns}	-0,52 ^{ns}	2,90*	-1,25 ^{ns}
10	-1,85 ^{ns}	-2,03 ^{ns}	0,35 ^{ns}	2,35 ^{ns}	0,02 ^{ns}
Média	-0,05 ^{ns}	-0,16 ^{ns}	-1,48 ^{ns}	-1,65 ^{ns}	-1,30 ^{ns}

^{ns}, * e ** não significativo, significativo a 5% e 1% de probabilidade pelo teste *t*, respectivamente.

Tabela 2.23 – Estimativas dos efeitos acumulados da deriva genética na autofecundação através dos contrastes entre as médias das 10 subpopulações autofecundadas ($\otimes$) e a média da população BR-106 original ($C_{0\otimes}$), nos cinco ciclos de deriva (C_1 a C_5), para os caracteres diâmetro de espiga (DE), número de fileiras por espiga (NFE) e número de grãos por fileira (NGF)

Subpopulação	DE (cm esp ⁻¹)				
	$C_1 - C_0$	$C_2 - C_0$	$C_3 - C_0$	$C_4 - C_0$	$C_5 - C_0$
1	-0,07 ^{ns}	-0,02 ^{ns}	-0,06 ^{ns}	0,05 ^{ns}	-0,07 ^{ns}
2	-0,24*	-0,08 ^{ns}	-0,09 ^{ns}	-0,17 ^{ns}	-0,17 ^{ns}
3	-0,05 ^{ns}	-0,11 ^{ns}	-0,01 ^{ns}	0,20*	-0,01 ^{ns}
4	-0,17 ^{ns}	-0,11 ^{ns}	-0,09 ^{ns}	-0,32**	-0,32**
5	-0,01 ^{ns}	-0,03 ^{ns}	-0,26**	-0,07 ^{ns}	-0,30**
6	-0,47**	-0,15 ^{ns}	-0,30**	-0,38**	-0,25**
7	-0,14 ^{ns}	-0,28**	-0,34**	-0,14 ^{ns}	-0,14 ^{ns}
8	-0,11 ^{ns}	-0,14 ^{ns}	-0,21*	-0,19*	-0,40**
9	-0,20*	-0,11 ^{ns}	-0,10 ^{ns}	-0,21*	-0,43**
10	-0,20*	0,07 ^{ns}	-0,20*	-0,55**	-0,37**
Média	-0,16 ^{ns}	-0,10 ^{ns}	-0,17 ^{ns}	-0,18 ^{ns}	-0,25*

Subpopulação	NFE (nº)				
	$C_1 - C_0$	$C_2 - C_0$	$C_3 - C_0$	$C_4 - C_0$	$C_5 - C_0$
1	-0,04 ^{ns}	0,36 ^{ns}	-0,44 ^{ns}	0,16 ^{ns}	0,36 ^{ns}
2	0,11 ^{ns}	0,61 ^{ns}	0,71 ^{ns}	-0,49 ^{ns}	0,11 ^{ns}
3	0,11 ^{ns}	-0,44 ^{ns}	-1,09**	0,16 ^{ns}	0,06 ^{ns}
4	0,26 ^{ns}	-0,09 ^{ns}	-0,14 ^{ns}	-0,04 ^{ns}	-0,19 ^{ns}
5	-0,19 ^{ns}	0,11 ^{ns}	-0,34 ^{ns}	-0,14 ^{ns}	-0,99*
6	-1,14**	-0,99*	-0,74 ^{ns}	-0,99*	0,01 ^{ns}
7	0,06 ^{ns}	0,11 ^{ns}	-0,29 ^{ns}	0,51 ^{ns}	0,37 ^{ns}
8	-0,94*	-0,99*	-0,49 ^{ns}	-0,44 ^{ns}	-0,89*
9	0,26 ^{ns}	0,56 ^{ns}	0,11 ^{ns}	-0,39 ^{ns}	-0,79*
10	-0,94*	0,51 ^{ns}	0,06 ^{ns}	-0,49 ^{ns}	0,26 ^{ns}
Média	-0,24 ^{ns}	-0,02 ^{ns}	-0,26 ^{ns}	-0,21 ^{ns}	-0,17 ^{ns}

Subpopulação	NGF (nº)				
	$C_1 - C_0$	$C_2 - C_0$	$C_3 - C_0$	$C_4 - C_0$	$C_5 - C_0$
1	-3,70**	-3,40**	-2,70*	-4,53**	-8,25**
2	-0,40 ^{ns}	-1,80 ^{ns}	-4,25**	-3,75**	-3,63**
3	-4,35**	1,00 ^{ns}	-2,33 ^{ns}	0,47 ^{ns}	-6,10**
4	-1,78 ^{ns}	2,40 ^{ns}	-1,28 ^{ns}	-0,85 ^{ns}	-1,10 ^{ns}
5	-1,40 ^{ns}	-3,98**	-2,63*	3,67**	1,00 ^{ns}
6	-0,88 ^{ns}	1,45 ^{ns}	-1,00 ^{ns}	-2,45*	-2,05 ^{ns}
7	-3,13*	-1,55 ^{ns}	0,72 ^{ns}	-1,78 ^{ns}	-4,03**
8	-1,88 ^{ns}	-2,53*	-2,23 ^{ns}	-3,45**	-5,74**
9	-0,60 ^{ns}	-0,33 ^{ns}	-3,90**	-2,20 ^{ns}	-2,70*
10	-2,95*	1,10 ^{ns}	-0,83 ^{ns}	-4,93**	-5,88**
Média	-2,11 ^{ns}	-0,77 ^{ns}	-2,04 ^{ns}	-1,98 ^{ns}	-3,85**

^{ns}, * e ** não significativo, significativo a 5% e 1% de probabilidade pelo teste *t*, respectivamente.

Não foram observados efeitos médios significativos ($p \leq 0,05$ ou $p \leq 0,01$) de deriva genética entre os ciclos para nenhum caráter avaliado (Tabelas 2.24 a 2.27). Para o caráter PG da população BR-105_⊗, observaram-se nove valores significativos, dos quais cinco foram positivos e quatro negativos, sendo que a maioria das estimativas está contida entre os ciclos 1 e 2 ($C_2 - C_1$), e 2 e 3 ($C_3 - C_2$). A subpopulação 9 apresentou performance diferente em relação à mesma subpopulação não autofecundada, pois sua estimativa foi positiva entre os ciclos 1 e 2, negativa entre os ciclos 2 e 3, e novamente positiva entre os ciclos 3 e 4 (Tabela 2.24).

A população BR-106_⊗ apresentou 17 estimativas significativas, sendo treze negativas, mais concentradas entre a população original e o ciclo 1 ($C_1 - C_0$), entre os ciclos 1 e 2 ($C_2 - C_1$), e entre os ciclos 4 e 5 ($C_5 - C_4$). As subpopulações 9 e 10 apresentaram as maiores variações entre os ciclos que as demais, em relação às mesmas subpopulações não autofecundadas, principalmente nos ciclos iniciais. Observa-se que a autofecundação provocou alterações de magnitude e direção das estimativas da população BR-105_⊗ em relação à BR-105 não autofecundada, na qual houve predomínio de valores negativos, ao contrário da população BR-106, em que houve maior quantidade de valores negativos nos dois níveis de endogamia (Tabelas 2.24 e 2.25).

Para o caráter PROL da população BR-105_⊗, foram observadas mais estimativas significativas positivas que para a população não autofecundada. Algumas subpopulações, como as subpopulações 3 e 4, apresentaram variações de magnitude e direção quando comparadas às mesmas subpopulações não autofecundadas. Já para a população BR-106_⊗, somente quatro estimativas foram significativas, das quais três foram negativas e uma positiva, apresentando desempenho inverso à população BR-105_⊗. A subpopulação 6 apresentou a maior ($2,07 \text{ esp pl}^{-1}$) e a menor ($-2,20 \text{ esp pl}^{-1}$) estimativa e, conseqüentemente, a maior variação entre os ciclos (Tabelas 2.24 e 2.25).

A maior quantidade de estimativas positivas para o caráter PROL na população BR-105_⊗ revela que a deriva alterou a direção dos valores nesta população, em comparação com os valores da BR-105 não autofecundada. Nota-se também que houve uma menor variação para as estimativas deste caráter do que para PG, e que a população BR-105_⊗ possui mais estimativas significativas que a população BR-106_⊗, ao contrário do que se tem observado para a maioria dos caracteres (Tabelas 2.24 e 2.25).

Com relação ao caráter CE, para a população BR-105_⊗, oito valores foram negativos e quatro positivos, e as subpopulações 7 a 10 apresentaram variações de direção e magnitude de

estimativas entre os ciclos, em relação às mesmas subpopulações não autofecundadas. Para a população BR-106₈, dez valores foram negativos e quatro positivos e, algumas subpopulações, como por exemplo, as subpopulações 2 e 9, também sofreram alterações de magnitude e direção das estimativas entre os ciclos, quando comparadas com as mesmas subpopulações não autofecundadas. De modo geral, as duas populações apresentaram performances similares às das populações não autofecundadas, exceto que, para algumas subpopulações, houve alterações na magnitude e na direção das estimativas de um nível de endogamia para o outro (Tabelas 2.24 e 2.25).

Tabela 2.24 – Estimativas de deriva genética entre os ciclos de deriva através dos contrastes entre as médias das 10 subpopulações autofecundadas ($\otimes$) derivadas da população BR-105 em um determinado ciclo (C_n), em relação às médias das respectivas subpopulações nos demais ciclos (C_1 a C_5), para os caracteres produção de grãos (PG), prolificidade (PROL) e comprimento de espiga (CE)

Subpopulação	PG (t ha ⁻¹)				
	$C_1 - C_0$	$C_2 - C_1$	$C_3 - C_2$	$C_4 - C_3$	$C_5 - C_4$
1	0,22 ^{ns}	0,91*	-0,90*	0,26 ^{ns}	-0,76 ^{ns}
2	-0,12 ^{ns}	0,65 ^{ns}	-0,97*	0,04 ^{ns}	0,03 ^{ns}
3	0,13 ^{ns}	0,81*	-0,29 ^{ns}	-0,34 ^{ns}	0,17 ^{ns}
4	0,14 ^{ns}	-0,19 ^{ns}	0,22 ^{ns}	-0,22 ^{ns}	0,16 ^{ns}
5	-0,38 ^{ns}	0,18 ^{ns}	-0,50 ^{ns}	-0,02 ^{ns}	0,73 ^{ns}
6	0,17 ^{ns}	-0,30 ^{ns}	-0,40 ^{ns}	1,24**	0,05 ^{ns}
7	0,65 ^{ns}	-1,09**	0,42 ^{ns}	0,01 ^{ns}	0,33 ^{ns}
8	0,43 ^{ns}	-0,08 ^{ns}	0,21 ^{ns}	-0,41 ^{ns}	0,32 ^{ns}
9	-0,24 ^{ns}	1,57**	-0,98*	1,08**	-0,58 ^{ns}
10	0,13 ^{ns}	-0,19 ^{ns}	0,54 ^{ns}	0,41 ^{ns}	0,33 ^{ns}
Média	0,11 ^{ns}	0,23 ^{ns}	-0,27 ^{ns}	0,20 ^{ns}	0,08 ^{ns}

Subpopulação	PROL (esp pl ⁻¹) ^a				
	$C_1 - C_0$	$C_2 - C_1$	$C_3 - C_2$	$C_4 - C_3$	$C_5 - C_4$
1	-0,13 ^{ns}	0,60 ^{ns}	-0,74 ^{ns}	-0,04 ^{ns}	0,01 ^{ns}
2	-0,33 ^{ns}	0,29 ^{ns}	-0,36 ^{ns}	-0,44 ^{ns}	-0,29 ^{ns}
3	-0,78 ^{ns}	1,46*	0,04 ^{ns}	-1,44*	0,44 ^{ns}
4	0,14 ^{ns}	-1,69*	1,36*	-0,30 ^{ns}	0,16 ^{ns}
5	-0,27 ^{ns}	-0,28 ^{ns}	-0,40 ^{ns}	-0,06 ^{ns}	0,46 ^{ns}
6	-0,11 ^{ns}	-0,58 ^{ns}	0,94 ^{ns}	-0,19 ^{ns}	0,14 ^{ns}
7	0,26 ^{ns}	-1,26 ^{ns}	-0,02 ^{ns}	-0,04 ^{ns}	-0,21 ^{ns}
8	-0,14 ^{ns}	-0,44 ^{ns}	0,64 ^{ns}	-0,75 ^{ns}	1,36*
9	-0,53 ^{ns}	1,13 ^{ns}	-1,00 ^{ns}	0,58 ^{ns}	-0,70 ^{ns}
10	-0,12 ^{ns}	-0,54 ^{ns}	1,74**	-1,91**	1,89**
Média	-0,20 ^{ns}	-0,13 ^{ns}	0,22 ^{ns}	-0,46 ^{ns}	0,33 ^{ns}

Subpopulação	CE (cm esp ⁻¹)				
	$C_1 - C_0$	$C_2 - C_1$	$C_3 - C_2$	$C_4 - C_3$	$C_5 - C_4$
1	0,22 ^{ns}	-0,01 ^{ns}	-0,79 ^{ns}	-0,08 ^{ns}	0,54 ^{ns}
2	-0,12 ^{ns}	-0,29 ^{ns}	-0,51 ^{ns}	-0,42 ^{ns}	0,10 ^{ns}
3	0,18 ^{ns}	0,38 ^{ns}	-1,63**	0,65 ^{ns}	-0,33 ^{ns}
4	0,81 ^{ns}	-1,68**	0,81 ^{ns}	-0,19 ^{ns}	0,22 ^{ns}
5	0,05 ^{ns}	0,34 ^{ns}	-0,47 ^{ns}	-0,58 ^{ns}	-0,21 ^{ns}
6	0,45 ^{ns}	-0,36 ^{ns}	-0,68 ^{ns}	0,65 ^{ns}	-0,82 ^{ns}
7	0,68 ^{ns}	-1,16*	-1,05*	-0,61 ^{ns}	2,01**
8	0,78 ^{ns}	-0,17 ^{ns}	-0,89 ^{ns}	-1,27*	1,10*
9	-0,80 ^{ns}	1,66**	-0,89 ^{ns}	1,15*	-1,41**
10	-0,77 ^{ns}	-0,09 ^{ns}	0,87 ^{ns}	1,55**	-1,17*
Média	0,15 ^{ns}	-0,14 ^{ns}	-0,52 ^{ns}	0,08 ^{ns}	0,00 ^{ns}

^{ns}, * e ** não significativo, significativo a 5% e 1% de probabilidade pelo teste *t*, respectivamente; ^a valores multiplicados por 10.

Tabela 2.25 – Estimativas de deriva genética entre os ciclos de deriva através dos contrastes entre as médias das 10 subpopulações autofecundadas ($\otimes$) derivadas da população BR-106 em um determinado ciclo (C_n), em relação às médias das respectivas subpopulações nos demais ciclos (C_1 a C_5), para os caracteres produção de grãos (PG), prolificidade (PROL) e comprimento de espiga (CE)

Subpopulação	PG (t ha ⁻¹)				
	$C_1 - C_0$	$C_2 - C_1$	$C_3 - C_2$	$C_4 - C_3$	$C_5 - C_4$
1	-1,13**	0,29 ^{ns}	0,77 ^{ns}	0,30 ^{ns}	-1,16**
2	0,09 ^{ns}	-0,62 ^{ns}	-0,17 ^{ns}	-0,35 ^{ns}	-0,14 ^{ns}
3	-0,59 ^{ns}	0,34 ^{ns}	0,36 ^{ns}	0,62 ^{ns}	-1,85**
4	-0,82*	0,79 ^{ns}	-0,27 ^{ns}	-0,10 ^{ns}	0,19 ^{ns}
5	0,55 ^{ns}	-1,02*	0,23 ^{ns}	0,80*	-0,37 ^{ns}
6	-0,58 ^{ns}	0,48 ^{ns}	-0,27 ^{ns}	-0,54 ^{ns}	0,81*
7	-1,12**	-0,25 ^{ns}	0,61 ^{ns}	0,72 ^{ns}	-0,75 ^{ns}
8	0,24 ^{ns}	-0,94*	0,34 ^{ns}	-0,41 ^{ns}	-1,14**
9	-1,41**	1,42**	-0,84*	0,30 ^{ns}	-0,93*
10	-0,82*	1,44**	-1,50**	-0,75 ^{ns}	-0,37 ^{ns}
Média	-0,56 ^{ns}	0,19 ^{ns}	-0,07 ^{ns}	0,06 ^{ns}	-0,57 ^{ns}

Subpopulação	PROL (esp pl ⁻¹) ^a				
	$C_1 - C_0$	$C_2 - C_1$	$C_3 - C_2$	$C_4 - C_3$	$C_5 - C_4$
1	-0,31 ^{ns}	-0,44 ^{ns}	0,40 ^{ns}	0,80 ^{ns}	-0,46 ^{ns}
2	0,49 ^{ns}	-1,23*	0,00 ^{ns}	0,28 ^{ns}	-0,49 ^{ns}
3	-0,99 ^{ns}	1,04 ^{ns}	0,63 ^{ns}	0,53 ^{ns}	-1,70**
4	-0,33 ^{ns}	0,31 ^{ns}	0,99 ^{ns}	-0,46 ^{ns}	-0,01 ^{ns}
5	0,51 ^{ns}	-0,16 ^{ns}	0,03 ^{ns}	0,81 ^{ns}	0,04 ^{ns}
6	2,07**	-2,20**	0,19 ^{ns}	-0,01 ^{ns}	0,38 ^{ns}
7	-0,65 ^{ns}	-0,26 ^{ns}	0,98 ^{ns}	0,74 ^{ns}	-1,09 ^{ns}
8	0,86 ^{ns}	-0,59 ^{ns}	0,31 ^{ns}	-0,05 ^{ns}	-1,08 ^{ns}
9	-1,15 ^{ns}	1,01 ^{ns}	0,40 ^{ns}	0,44 ^{ns}	-0,75 ^{ns}
10	-0,81 ^{ns}	1,11 ^{ns}	-1,16 ^{ns}	0,78 ^{ns}	-0,78 ^{ns}
Média	-0,03 ^{ns}	-0,14 ^{ns}	0,28 ^{ns}	0,38 ^{ns}	-0,59 ^{ns}

Subpopulação	CE (cm esp ⁻¹)				
	$C_1 - C_0$	$C_2 - C_1$	$C_3 - C_2$	$C_4 - C_3$	$C_5 - C_4$
1	-1,35**	0,60 ^{ns}	0,08 ^{ns}	0,24 ^{ns}	-1,51**
2	-0,38 ^{ns}	0,22 ^{ns}	-1,11*	0,49 ^{ns}	0,14 ^{ns}
3	-1,28*	1,17*	-0,98*	0,93 ^{ns}	-0,22 ^{ns}
4	-0,97*	1,79**	-1,47**	-0,01 ^{ns}	0,15 ^{ns}
5	-0,28 ^{ns}	-1,24*	0,52 ^{ns}	2,04**	-1,34**
6	-0,32 ^{ns}	1,60**	-1,69**	-0,10 ^{ns}	-0,14 ^{ns}
7	-0,84 ^{ns}	-0,29 ^{ns}	0,31 ^{ns}	-0,20 ^{ns}	-0,51 ^{ns}
8	-0,23 ^{ns}	-0,68 ^{ns}	-0,10 ^{ns}	-0,78 ^{ns}	-0,26 ^{ns}
9	-0,87 ^{ns}	0,05 ^{ns}	-0,90 ^{ns}	0,47 ^{ns}	-0,50 ^{ns}
10	-0,75 ^{ns}	0,48 ^{ns}	-0,67 ^{ns}	-0,59 ^{ns}	-0,35 ^{ns}
Média	-0,73 ^{ns}	0,37 ^{ns}	-0,60 ^{ns}	0,25 ^{ns}	-0,45 ^{ns}

^{ns}, * e ** não significativo, significativo a 5% e 1% de probabilidade pelo teste *t*, respectivamente; ^a valores multiplicados por 10.

Para o caráter DE da população BR-105 $\otimes$, foram observadas sete estimativas significativas, sendo cinco positivas e duas negativas. Além de apresentar menor quantidade de valores significativos que a população não autofecundada, algumas subpopulações apresentaram valores com magnitudes e direções diferentes, como, por exemplo, as subpopulações 4 e 5. Já a população BR-106 $\otimes$ apresentou mais que o dobro de valores significativos que a população BR-105 $\otimes$, dos quais doze foram negativos e cinco positivos. Algumas subpopulações sofreram uma alteração maior na magnitude e na direção das estimativas entre os ciclos em relação às populações não autofecundadas, como no caso das subpopulações 5 e 10. A população BR-106 $\otimes$ apresentou uma quantidade muito maior de estimativas significativas que a população BR-105 $\otimes$, ao contrário do que ocorreu para as subpopulações não autofecundadas, indicando que a população BR-105 $\otimes$ foi menos afetada pela autofecundação para o caráter DE, como esperado (Tabelas 2.26 e 2.27).

Considerado o caráter NFE, observou-se que as duas populações apresentaram a mesma quantidade de estimativas significativas (dez), mas a população BR-105 $\otimes$ foi menos sensível aos efeitos da endogamia, pois apresentou maior número de valores positivos ao longo dos ciclos do que a população BR-106 $\otimes$. Em comparação com as populações não autofecundadas, pode-se dizer que a população BR-105 $\otimes$ apresentou maiores variações na direção e magnitude das estimativas das subpopulações, como se observa para a subpopulação 5, com valores de 1,00 ($C_3 - C_2$), -1,45 ($C_4 - C_3$) e 1,80 ($C_5 - C_4$) (Tabelas 2.26 e 2.27).

Para o caráter NGF, a população BR-106 $\otimes$ apresentou uma quantidade maior de estimativas positivas, assim como para os caracteres PG, CE e DE, indicando que esta população sofreu mais com os efeitos da deriva genética e da autofecundação do que a população BR-105 $\otimes$. Algumas subpopulações, dentre elas a 5, 8 e 9 da população BR-105 $\otimes$ e 3, 5 e 10 da população BR-106 $\otimes$, apresentaram variações na direção e na magnitude das estimativas entre os ciclos, quando comparadas com as populações não autofecundadas. Esses resultados indicam que, para as duas populações, as estimativas entre os ciclos aumentaram e diminuíram de forma aleatória, em consequência da deriva genética e da autofecundação (Tabelas 2.26 e 2.27).

De maneira geral, todos os caracteres das populações autofecundadas apresentaram uma menor quantidade de estimativas acumuladas do que as populações não autofecundadas, com exceção do caráter PROL da população BR-106 $\otimes$. A maior parte dos efeitos significativos das subpopulações ficou concentrada nos ciclos finais, indicando que, quanto mais avançado o ciclo, mais as subpopulações se diferenciaram da população original. Os

caracteres PG e NFE da população BR-105₈ e PROL da BR-106₈ apresentaram mais estimativas positivas, ao contrário do ocorrido para as populações não autofecundadas, em que foram negativas, indicando que, para estes caracteres, houve aumento das médias em relação à população original.

Para as estimativas de deriva entre os ciclos observou-se que, de modo geral, para todos os caracteres avaliados, os valores significativos das subpopulações ficaram distribuídos aleatoriamente, tanto nos ciclos iniciais quanto nos finais. A deriva genética em conjunto com a autofecundação alterou a performance de algumas subpopulações autofecundadas, quando comparadas com as não autofecundadas. Houve mudanças na quantidade de estimativas significativas, na magnitude, e na direção, visto que algumas subpopulações possuíam estimativas positivas e, após serem autofecundadas, as estimativas ficaram negativas (ou o inverso). Isto ocorre, pois o baixo N_E utilizado ao longo dos ciclos leva à fixação ou perda de alelos favoráveis ou desfavoráveis, fazendo com que as subpopulações flutuem irregularmente e, posteriormente, se diferenciem (FALCONER; MACKAY, 1996).

Novamente, a população BR-106₈ apresentou uma maior quantidade de estimativas significativas do que a população BR-105₈, assim como ocorreu para as populações não autofecundadas, já que possui maior variabilidade e, conseqüentemente, sofre mais com os efeitos da endogamia. De maneira geral, a endogamia provocada pela deriva genética e pela autofecundação interferiu na performance dos caracteres avaliados nas duas populações de diferentes formas, em maior ou menor magnitude dependendo do tipo de ação gênica que controla o caráter avaliado e da estrutura genética da população utilizada.

Tabela 2.26 – Estimativas de deriva genética entre os ciclos de deriva através dos contrastes entre as médias das 10 subpopulações autofecundadas ($\otimes$) derivadas da população BR-105 em um determinado ciclo (C_n), em relação às médias das respectivas subpopulações nos demais ciclos (C_1 a C_5), para os caracteres diâmetro de espiga (DE), número de fileiras por espiga (NFE) e número de grãos por fileira (NGF)

Subpopulação	DE (cm esp ⁻¹)				
	$C_1 - C_0$	$C_2 - C_1$	$C_3 - C_2$	$C_4 - C_3$	$C_5 - C_4$
1	0,14 ^{ns}	-0,15 ^{ns}	0,06 ^{ns}	0,09 ^{ns}	-0,15 ^{ns}
2	0,01 ^{ns}	0,07 ^{ns}	-0,16 ^{ns}	0,14 ^{ns}	0,01 ^{ns}
3	0,18 ^{ns}	0,00 ^{ns}	0,04 ^{ns}	-0,01 ^{ns}	-0,02 ^{ns}
4	-0,08 ^{ns}	0,44**	-0,32**	0,01 ^{ns}	-0,08 ^{ns}
5	0,05 ^{ns}	-0,11 ^{ns}	0,02 ^{ns}	-0,27*	0,33**
6	-0,06 ^{ns}	-0,02 ^{ns}	-0,05 ^{ns}	0,20 ^{ns}	0,11 ^{ns}
7	-0,01 ^{ns}	0,07 ^{ns}	0,32**	0,07 ^{ns}	-0,11 ^{ns}
8	0,14 ^{ns}	0,13 ^{ns}	0,00 ^{ns}	-0,11 ^{ns}	0,02 ^{ns}
9	-0,05 ^{ns}	0,33**	-0,19 ^{ns}	0,09 ^{ns}	-0,03 ^{ns}
10	0,09 ^{ns}	0,04 ^{ns}	-0,07 ^{ns}	0,30**	-0,17 ^{ns}
Média	0,04 ^{ns}	0,08 ^{ns}	-0,03 ^{ns}	0,05 ^{ns}	-0,01 ^{ns}

Subpopulação	NFE (n°)				
	$C_1 - C_0$	$C_2 - C_1$	$C_3 - C_2$	$C_4 - C_3$	$C_5 - C_4$
1	1,10*	-1,35**	-0,30 ^{ns}	0,35 ^{ns}	0,45 ^{ns}
2	0,09 ^{ns}	0,40 ^{ns}	-1,30**	1,55**	-0,25 ^{ns}
3	0,69 ^{ns}	-0,20 ^{ns}	0,75 ^{ns}	0,35 ^{ns}	0,00 ^{ns}
4	0,19 ^{ns}	1,05*	-0,90 ^{ns}	0,15 ^{ns}	0,30 ^{ns}
5	0,04 ^{ns}	-0,85 ^{ns}	1,00*	-1,45**	1,80**
6	-0,26 ^{ns}	0,50 ^{ns}	-0,90 ^{ns}	0,90 ^{ns}	0,40 ^{ns}
7	0,29 ^{ns}	-0,10 ^{ns}	2,40**	-0,50 ^{ns}	-0,50 ^{ns}
8	0,29 ^{ns}	0,05 ^{ns}	0,30 ^{ns}	-0,15 ^{ns}	0,65 ^{ns}
9	0,65 ^{ns}	-0,10 ^{ns}	-0,25 ^{ns}	-0,30 ^{ns}	0,20 ^{ns}
10	0,19 ^{ns}	-0,40 ^{ns}	-0,45 ^{ns}	1,00*	-0,30 ^{ns}
Média	0,33 ^{ns}	-0,10 ^{ns}	0,04 ^{ns}	0,19 ^{ns}	0,28 ^{ns}

Subpopulação	NGF (n°)				
	$C_1 - C_0$	$C_2 - C_1$	$C_3 - C_2$	$C_4 - C_3$	$C_5 - C_4$
1	1,15 ^{ns}	-0,07 ^{ns}	-1,93 ^{ns}	-0,32 ^{ns}	-0,93 ^{ns}
2	-0,82 ^{ns}	-0,10 ^{ns}	-2,00 ^{ns}	-0,85 ^{ns}	0,97 ^{ns}
3	-0,15 ^{ns}	1,23 ^{ns}	-2,48 ^{ns}	0,67 ^{ns}	0,30 ^{ns}
4	1,23 ^{ns}	-2,73*	0,85 ^{ns}	-0,28 ^{ns}	-0,20 ^{ns}
5	-0,63 ^{ns}	0,88 ^{ns}	-1,45 ^{ns}	-2,68*	2,88*
6	0,27 ^{ns}	-1,00 ^{ns}	-2,45 ^{ns}	2,10 ^{ns}	-1,00 ^{ns}
7	1,55 ^{ns}	-3,30*	-2,10 ^{ns}	-2,33 ^{ns}	4,50**
8	0,45 ^{ns}	1,28 ^{ns}	-2,28 ^{ns}	-3,48**	3,45**
9	-1,65 ^{ns}	2,85*	-1,73 ^{ns}	3,43**	-4,15**
10	-1,85 ^{ns}	-0,17 ^{ns}	2,38 ^{ns}	2,00 ^{ns}	-2,33 ^{ns}
Média	-0,05 ^{ns}	-0,12 ^{ns}	-1,32 ^{ns}	-0,17 ^{ns}	0,35 ^{ns}

^{ns}, * e ** não significativo, significativo a 5% e 1% de probabilidade pelo teste *t*, respectivamente.

Tabela 2.27 – Estimativas de deriva genética entre os ciclos de deriva através dos contrastes entre as médias das 10 subpopulações autofecundadas ($\otimes$) derivadas da população BR-106 em um determinado ciclo (C_n), em relação às médias das respectivas subpopulações nos demais ciclos (C_1 a C_5), para os caracteres diâmetro de espiga (DE), número de fileiras por espiga (NFE) e número de grãos por fileira (NGF)

Subpopulação	DE (cm esp ⁻¹)				
	$C_1 - C_0$	$C_2 - C_1$	$C_3 - C_2$	$C_4 - C_3$	$C_5 - C_4$
1	-0,07 ^{ns}	0,05 ^{ns}	-0,04 ^{ns}	0,11 ^{ns}	-0,12 ^{ns}
2	-0,24*	0,16 ^{ns}	0,00 ^{ns}	-0,08 ^{ns}	0,00 ^{ns}
3	-0,05 ^{ns}	-0,07 ^{ns}	0,10 ^{ns}	0,21*	-0,21*
4	-0,17 ^{ns}	0,06 ^{ns}	0,02 ^{ns}	-0,23*	0,00 ^{ns}
5	-0,01 ^{ns}	-0,02 ^{ns}	-0,24*	0,20*	-0,24*
6	-0,47**	0,32**	-0,15 ^{ns}	-0,08 ^{ns}	0,13 ^{ns}
7	-0,14 ^{ns}	-0,14 ^{ns}	-0,06 ^{ns}	0,20*	0,00 ^{ns}
8	-0,11 ^{ns}	-0,03 ^{ns}	-0,07 ^{ns}	0,01 ^{ns}	-0,21*
9	-0,20*	0,09 ^{ns}	0,01 ^{ns}	-0,11 ^{ns}	-0,22*
10	-0,20*	0,28**	-0,27**	-0,35**	0,18 ^{ns}
Média	-0,16 ^{ns}	0,07 ^{ns}	-0,07 ^{ns}	-0,01 ^{ns}	-0,07 ^{ns}
Subpopulação	NFE (n°)				
	$C_1 - C_0$	$C_2 - C_1$	$C_3 - C_2$	$C_4 - C_3$	$C_5 - C_4$
1	-0,04 ^{ns}	0,40 ^{ns}	-0,80*	0,60 ^{ns}	0,20 ^{ns}
2	0,11 ^{ns}	0,50 ^{ns}	0,10 ^{ns}	-1,20**	0,60 ^{ns}
3	0,11 ^{ns}	-0,55 ^{ns}	-0,65 ^{ns}	1,25**	-0,10 ^{ns}
4	0,26 ^{ns}	-0,35 ^{ns}	-0,05 ^{ns}	0,10 ^{ns}	-0,15 ^{ns}
5	-0,19 ^{ns}	0,30 ^{ns}	-0,45 ^{ns}	0,20 ^{ns}	-0,85*
6	-1,14**	0,15 ^{ns}	0,25 ^{ns}	-0,25 ^{ns}	1,00*
7	0,06 ^{ns}	0,05 ^{ns}	-0,40 ^{ns}	0,80*	-0,14 ^{ns}
8	-0,94*	-0,05 ^{ns}	0,50 ^{ns}	0,05 ^{ns}	-0,45 ^{ns}
9	0,26 ^{ns}	0,30 ^{ns}	-0,45 ^{ns}	-0,50 ^{ns}	-0,40 ^{ns}
10	-0,94*	1,45**	-0,45 ^{ns}	-0,55 ^{ns}	0,75 ^{ns}
Média	-0,24 ^{ns}	0,22 ^{ns}	-0,24 ^{ns}	0,05 ^{ns}	0,05 ^{ns}
Subpopulação	NGF (n°)				
	$C_1 - C_0$	$C_2 - C_1$	$C_3 - C_2$	$C_4 - C_3$	$C_5 - C_4$
1	-3,70**	0,30 ^{ns}	0,70 ^{ns}	-1,83 ^{ns}	-3,73**
2	-0,40 ^{ns}	-1,40 ^{ns}	-2,45*	0,50 ^{ns}	0,13 ^{ns}
3	-4,35**	5,35**	-3,33**	2,80*	-6,58**
4	-1,78 ^{ns}	4,18**	-3,68**	0,43 ^{ns}	-0,25 ^{ns}
5	-1,40 ^{ns}	-2,58*	1,35 ^{ns}	6,30**	-2,68*
6	-0,88 ^{ns}	2,33 ^{ns}	-2,45*	-1,45 ^{ns}	0,40 ^{ns}
7	-3,13*	1,58 ^{ns}	2,28 ^{ns}	-2,50*	-2,25 ^{ns}
8	-1,88 ^{ns}	-0,65 ^{ns}	0,30 ^{ns}	-1,23 ^{ns}	-2,29 ^{ns}
9	-0,60 ^{ns}	0,27 ^{ns}	-3,58**	1,70 ^{ns}	-0,50 ^{ns}
10	-2,95*	4,05**	-1,93 ^{ns}	-4,10**	-0,95 ^{ns}
Média	-2,11 ^{ns}	1,34 ^{ns}	-1,28 ^{ns}	0,06 ^{ns}	-1,87 ^{ns}

^{ns}, * e ** não significativo, significativo a 5% e 1% de probabilidade pelo teste *t*, respectivamente.

2.2.2.4 Depressão por endogamia

Para o caráter PG, todas as estimativas médias para as duas populações foram significativas e negativas ($p \leq 0,05$ ou $p \leq 0,01$), indicando que as subpopulações apresentaram elevada depressão por endogamia (DEN). Nas duas populações, os três primeiros ciclos apresentaram valores de maior magnitude, apontando que a DEN foi mais acentuada nos ciclos iniciais do que nos finais. A perda de vigor é mais acentuada nas primeiras gerações de autofecundação e, portanto, as subpopulações dos ciclos iniciais apresentaram estimativas de maior magnitude do que dos finais. As estimativas para a população BR-105 variaram de -3,64 a -1,29 t ha⁻¹ para a subpopulação 5 nos ciclos 2 e 5, respectivamente, e para a população BR-106 de -4,00 a -1,30 t ha⁻¹ para as subpopulações 4 (ciclo 1) e 6 (ciclo 5). Tais resultados indicam que a DEN para este caráter foi elevada nas duas populações, mas ocorreu com maior magnitude na população BR-106 (Tabelas 2.28 e 2.29).

O caráter PROL, ao contrário de PG, não apresentou estimativas médias significativas para nenhuma população em nenhum ciclo. Assim, para este caráter, a DEN não foi tão intensa quanto para PG e, portanto, de maneira geral, as médias das subpopulações com e sem autofecundação não apresentaram grandes diferenças. Para a população BR-105, os valores variaram de -2,16 a -1,46 esp pl⁻¹ para as subpopulações 8 e 10, respectivamente, no segundo ciclo, e para a população BR-106 os valores variaram de -1,99 a -1,33 esp pl⁻¹ para as subpopulações 1 e 10, respectivamente, no terceiro ciclo. A população BR-106 apresentou mais estimativas significativas que a população BR-105 e, desta forma, sofreu maior DEN (Tabelas 2.28 e 2.29).

Para o caráter CE, a DEN não foi tão intensa quanto para o caráter PG. As estimativas médias foram significativas para todos os ciclos na população BR-105, exceto para o ciclo 4, enquanto que na população BR-106 somente os ciclos 1 e 3 apresentaram significância. Ao contrário do esperado, a população BR-105 apresentou mais estimativas significativas, que variaram de -2,76 a -1,15 cm esp⁻¹, para as subpopulações 10 e 7, nos ciclos 2 e 3, respectivamente. Para a população BR-106 as estimativas variaram de -5,16 a -1,58 cm esp⁻¹, para as subpopulações 6 e 2, nos ciclos 3 e 1, respectivamente (Tabelas 2.28 e 2.29).

O caráter DE apresentou performance semelhante a do caráter PG, em que, para as duas populações, todas as estimativas médias de DEN e a maioria das estimativas das subpopulações foram significativas. Para as duas populações, o primeiro ciclo apresentou as estimativas de DEN de maior magnitude, indicando que a perda de vigor foi maior neste ciclo em relação aos demais. Para a população BR-105, os valores variaram de -0,55 a -0,23 cm

esp⁻¹ para as subpopulações 7 e 10 nos ciclos 2 e 3, respectivamente. Para a população BR-106 variaram de -0,58 a -0,21 para as subpopulações 7, 8 e 3 nos ciclos 2 e 4. Assim, observou-se que a DEN foi elevada nas duas populações, mas ocorreu em maior intensidade na população BR-106, visto que esta população apresentou apenas três estimativas não significativas em todos os ciclos (Tabelas 2.30 e 2.31).

Da mesma forma que o caráter PROL, a DEN não foi tão intensa para o caráter NFE nas duas populações, pois as estimativas médias não foram significativas em nenhum ciclo. Somente cinco estimativas foram significativas na população BR-105, variando de -1,45 a -1,05 para as subpopulações 7, 5 e 10 nos ciclos 2, 4 e 1, respectivamente. Já para a população BR-106, oito estimativas foram significativas, variando de -1,25 (subpopulação 3) a 0,80 (subpopulação 5), ambas no terceiro ciclo. Além desta última subpopulação, a subpopulação 2 do quinto ciclo também apresentou estimativa de DEN positiva (Tabelas 2.30 e 2.31).

O caráter NGF apresentou desempenho semelhante aos caracteres PG e DE, em que todas as estimativas médias de DEN foram significativas para as duas populações. Além disso, a população BR-106 apresentou maior número de estimativas de DEN significativas e de maior magnitude que a população BR-105. Para esta última população, as estimativas variaram de -7,38 a -2,70 para as subpopulações 10 e 9 nos ciclos 2 e 4, respectivamente. Uma estimativa de DEN (subpopulação 10) do quarto ciclo foi positiva, o que significa dizer que a subpopulação autofecundada apresentou uma média maior que a subpopulação não autofecundada. Para a população BR-106, as estimativas variaram de -7,60 a -2,75 para as subpopulações 7 e 10 nos ciclos 4 e 3, respectivamente (Tabelas 2.30 e 2.31).

As subpopulações sofreram com a DEN de diferentes formas, dependendo da estrutura genética da população de origem e do tipo de ação gênica que controla o caráter. Para caracteres que possuem uma maior contribuição dos efeitos de dominância, como PG, CE, DE e NGF, a maioria das subpopulações apresentaram estimativas de DEN significativas e de elevada magnitude. De maneira geral, estas estimativas se concentraram em maior número e magnitude no primeiro ciclo para todos os caracteres, com exceção de NFE e CE da população BR-105.

Exceto para o caráter CE, a população BR-106 apresentou maior quantidade de estimativas significativas e de maior magnitude que a população BR-105. Os caracteres NFE da população BR-106 e NGF da população BR-105 apresentaram algumas subpopulações com estimativas de DEN positivas. Assim, como a deriva genética resulta na perda ou fixação de alelos favoráveis ou desfavoráveis de forma aleatória, as subpopulações sofreram DEN em magnitudes diferentes (FALCONER; MACKAY, 1996).

Tabela 2.28 – Estimativas isoladas de depressão por endogamia através dos contrastes entre as médias das 10 subpopulações autofecundadas (⊗) com as médias das mesmas 10 subpopulações não autofecundadas (#), obtidas da população original BR-105, nos cinco ciclos de deriva (C₁ a C₅), para os caracteres produção de grãos (PG), prolificidade (PROL) e comprimento de espiga (CE)

Subpopulação	PG (t ha ⁻¹)				
	C _{1⊗} – C _{1#}	C _{2⊗} – C _{2#}	C _{3⊗} – C _{3#}	C _{4⊗} – C _{4#}	C _{5⊗} – C _{5#}
1	-2,52**	-1,86**	-2,72**	-2,10**	-1,61**
2	-3,25**	-2,35**	-2,14**	-2,00**	-0,65 ^{ns}
3	-1,67**	-1,46**	-2,30**	-1,62**	-1,56**
4	-3,14**	-2,36**	-2,46**	-2,42**	-2,91**
5	-3,31**	-3,64**	-2,73**	-1,67**	-1,29*
6	-2,63**	-2,74**	-2,28**	-2,60**	-2,57**
7	-2,71**	-2,41**	-2,28**	-1,07 ^{ns}	-0,80 ^{ns}
8	-2,67**	-3,46**	-2,27**	-2,19**	-1,60**
9	-2,54**	-0,83 ^{ns}	-2,46**	-2,84**	-1,56**
10	-3,55**	-3,09**	-2,89**	0,92 ^{ns}	-2,43**
Média	-2,80**	-2,42**	-2,45**	-1,94**	-1,70**

Subpopulação	PROL (esp pl ⁻¹) ^a				
	C _{1⊗} – C _{1#}	C _{2⊗} – C _{2#}	C _{3⊗} – C _{3#}	C _{4⊗} – C _{4#}	C _{5⊗} – C _{5#}
1	-0,53 ^{ns}	-0,48 ^{ns}	-0,96 ^{ns}	-0,84 ^{ns}	-0,24 ^{ns}
2	-1,65*	-0,71 ^{ns}	-0,74 ^{ns}	-0,51 ^{ns}	0,00 ^{ns}
3	-0,53 ^{ns}	0,34 ^{ns}	-0,38 ^{ns}	-0,96 ^{ns}	-0,34 ^{ns}
4	-0,63 ^{ns}	-2,11**	-0,98 ^{ns}	-1,19 ^{ns}	-0,94 ^{ns}
5	-0,94 ^{ns}	-1,69*	-1,49*	-0,73 ^{ns}	-0,59 ^{ns}
6	-0,74 ^{ns}	-1,74*	-0,20 ^{ns}	-0,78 ^{ns}	-0,51 ^{ns}
7	-0,91 ^{ns}	-0,88 ^{ns}	-0,99 ^{ns}	0,00 ^{ns}	-0,14 ^{ns}
8	-1,48*	-2,16**	-0,55 ^{ns}	-1,26 ^{ns}	1,00 ^{ns}
9	-0,02 ^{ns}	0,81 ^{ns}	-0,59 ^{ns}	-0,39 ^{ns}	0,40 ^{ns}
10	-1,55*	-1,46*	-0,36 ^{ns}	-0,64 ^{ns}	-0,05 ^{ns}
Média	-0,90 ^{ns}	-1,01 ^{ns}	-0,72 ^{ns}	-0,73 ^{ns}	-0,14 ^{ns}

Subpopulação	CE (cm esp ⁻¹)				
	C _{1⊗} – C _{1#}	C _{2⊗} – C _{2#}	C _{3⊗} – C _{3#}	C _{4⊗} – C _{4#}	C _{5⊗} – C _{5#}
1	-0,59 ^{ns}	-0,59 ^{ns}	-1,06 ^{ns}	-1,78**	-0,78 ^{ns}
2	-1,77**	-1,93**	-1,65**	-1,36*	-0,60 ^{ns}
3	-0,41 ^{ns}	-1,12 ^{ns}	-1,91**	-0,15 ^{ns}	-0,78 ^{ns}
4	-0,67 ^{ns}	-2,26**	-1,02 ^{ns}	-1,27*	-1,85**
5	-1,53**	-0,95 ^{ns}	-1,64**	-1,12 ^{ns}	-1,39*
6	-1,34*	-2,25**	-2,43**	-1,38*	-2,33**
7	-1,24*	-0,71 ^{ns}	-1,15*	-1,29*	0,34 ^{ns}
8	-0,37 ^{ns}	-0,35 ^{ns}	-1,25*	-1,39*	-0,37 ^{ns}
9	-1,66**	-0,23 ^{ns}	-1,93**	-1,02 ^{ns}	-1,67**
10	-2,05**	-2,76**	-1,00 ^{ns}	0,55 ^{ns}	-2,06**
Média	-1,16*	-1,31*	-1,50*	-1,02 ^{ns}	-1,15*

^{ns}, * e ** não significativo, significativo a 5% e 1% de probabilidade pelo teste *t*, respectivamente; ^a valores multiplicados por 10.

Tabela 2.29 – Estimativas isoladas de depressão por endogamia através dos contrastes entre as médias das 10 subpopulações autofecundadas (⊗) com as médias das mesmas 10 subpopulações não autofecundadas (#), obtidas da população original BR-106, nos cinco ciclos de deriva (C₁ a C₅), para os caracteres produção de grãos (PG), prolificidade (PROL) e comprimento de espiga (CE)

Subpopulação	PG (t ha ⁻¹)				
	C ₁ ⊗ – C ₁ #	C ₂ ⊗ – C ₂ #	C ₃ ⊗ – C ₃ #	C ₄ ⊗ – C ₄ #	C ₅ ⊗ – C ₅ #
1	-3,25**	-3,00**	-2,84**	-2,67**	-2,36**
2	-3,17**	-3,29**	-2,10**	-2,41**	-0,76 ^{ns}
3	-3,50**	-2,74**	-0,89 ^{ns}	-1,02 ^{ns}	-2,34**
4	-4,00**	-3,85**	-3,03**	-2,16**	-3,48**
5	-3,30**	-2,62**	-1,86**	-0,85 ^{ns}	-3,18**
6	-2,47**	-3,51**	-2,34**	-1,83**	-1,30*
7	-3,63**	-3,88**	-3,33**	-3,46**	-3,27**
8	-2,96**	-2,06**	-2,85**	-2,52**	-2,16**
9	-3,13**	-2,24**	-2,64**	-3,16**	-2,57**
10	-3,90**	-1,92**	-3,26**	-2,58**	-1,93**
Média	-3,33**	-2,91**	-2,51**	-2,26**	-2,33**

Subpopulação	PROL (esp pl ⁻¹) ^a				
	C ₁ ⊗ – C ₁ #	C ₂ ⊗ – C ₂ #	C ₃ ⊗ – C ₃ #	C ₄ ⊗ – C ₄ #	C ₅ ⊗ – C ₅ #
1	-0,45 ^{ns}	-0,91 ^{ns}	-1,33*	-0,73 ^{ns}	-0,88 ^{ns}
2	-0,40 ^{ns}	-1,48*	-0,77 ^{ns}	-0,71 ^{ns}	-0,03 ^{ns}
3	-1,75**	-0,79 ^{ns}	0,79 ^{ns}	0,45 ^{ns}	-1,14 ^{ns}
4	-1,20 ^{ns}	-1,85**	-0,28 ^{ns}	-1,15 ^{ns}	-1,60*
5	-1,20 ^{ns}	-0,38 ^{ns}	-1,19 ^{ns}	0,05 ^{ns}	-0,48 ^{ns}
6	1,03 ^{ns}	-1,54*	-1,78**	-0,76 ^{ns}	-0,36 ^{ns}
7	-1,64*	-1,96**	-0,85 ^{ns}	-0,85 ^{ns}	-1,44*
8	-0,98 ^{ns}	-0,46 ^{ns}	-0,65 ^{ns}	-0,88 ^{ns}	0,09 ^{ns}
9	-1,63*	-1,11 ^{ns}	-0,48 ^{ns}	-0,86 ^{ns}	-1,65**
10	-1,10 ^{ns}	-0,03 ^{ns}	-1,99**	-0,58 ^{ns}	-1,55*
Média	-0,93 ^{ns}	-1,05 ^{ns}	-0,85 ^{ns}	-0,60 ^{ns}	-0,90 ^{ns}

Subpopulação	CE (cm esp ⁻¹)				
	C ₁ ⊗ – C ₁ #	C ₂ ⊗ – C ₂ #	C ₃ ⊗ – C ₃ #	C ₄ ⊗ – C ₄ #	C ₅ ⊗ – C ₅ #
1	-1,76*	-0,82 ^{ns}	-2,07*	-1,64*	-1,73*
2	-1,58*	-2,20**	-1,37 ^{ns}	-2,30**	-1,05 ^{ns}
3	-2,27**	0,06 ^{ns}	-0,10 ^{ns}	-0,54 ^{ns}	-0,82 ^{ns}
4	-2,71**	-1,46 ^{ns}	-2,01**	-0,95 ^{ns}	-1,89*
5	-1,88*	-1,37 ^{ns}	-1,06 ^{ns}	0,49 ^{ns}	-1,41 ^{ns}
6	-1,72*	-0,81 ^{ns}	-5,16**	-0,18 ^{ns}	-1,02 ^{ns}
7	-1,69*	-2,21**	-1,31 ^{ns}	-2,23**	-2,07**
8	-1,59*	-0,45 ^{ns}	-0,60 ^{ns}	-0,75 ^{ns}	-1,00 ^{ns}
9	-1,22 ^{ns}	-1,31 ^{ns}	-0,84 ^{ns}	-1,38 ^{ns}	-1,33 ^{ns}
10	-1,42 ^{ns}	-1,03 ^{ns}	-1,15 ^{ns}	-2,15**	-1,64*
Média	-1,78*	-1,16 ^{ns}	-1,57*	-1,16 ^{ns}	-1,40 ^{ns}

^{ns}, * e ** não significativo, significativo a 5% e 1% de probabilidade pelo teste *t*, respectivamente; ^a valores multiplicados por 10.

Tabela 2.30 – Estimativas isoladas de depressão por endogamia através dos contrastes entre as médias das 10 subpopulações autofecundadas ($\otimes$) com as médias das mesmas 10 subpopulações não autofecundadas ($\#$), obtidas da população original BR-105, nos cinco ciclos de deriva (C_1 a C_5), para os caracteres diâmetro de espiga (DE), número de fileiras por espiga (NFE) e número de grãos por fileira (NGF)

Subpopulação	DE (cm esp ⁻¹)				
	$C_{1\otimes} - C_{1\#}$	$C_{2\otimes} - C_{2\#}$	$C_{3\otimes} - C_{3\#}$	$C_{4\otimes} - C_{4\#}$	$C_{5\otimes} - C_{5\#}$
1	-0,36**	-0,45**	-0,39**	-0,14 ^{ns}	-0,24*
2	-0,41**	-0,35**	-0,29*	-0,34**	-0,22 ^{ns}
3	-0,11 ^{ns}	-0,28*	-0,28*	-0,34**	-0,32**
4	-0,40**	-0,08 ^{ns}	-0,34**	-0,22 ^{ns}	-0,28*
5	-0,52**	-0,36**	-0,35**	-0,45**	0,00 ^{ns}
6	-0,32**	-0,33**	-0,29*	-0,35**	-0,31**
7	-0,37**	-0,55**	-0,24*	-0,38**	-0,28*
8	-0,25**	-0,06 ^{ns}	-0,27*	-0,33**	-0,30**
9	-0,46**	0,00 ^{ns}	-0,35**	-0,36**	-0,46**
10	-0,40**	-0,15 ^{ns}	-0,23*	0,15 ^{ns}	-0,38**
Média	-0,36**	-0,26*	-0,30**	-0,28*	-0,28*

Subpopulação	NFE (n°)				
	$C_{1\otimes} - C_{1\#}$	$C_{2\otimes} - C_{2\#}$	$C_{3\otimes} - C_{3\#}$	$C_{4\otimes} - C_{4\#}$	$C_{5\otimes} - C_{5\#}$
1	-0,55 ^{ns}	0,40 ^{ns}	-0,70 ^{ns}	-0,40 ^{ns}	0,15 ^{ns}
2	-0,85 ^{ns}	-0,65 ^{ns}	-0,70 ^{ns}	0,30 ^{ns}	-0,20 ^{ns}
3	0,15 ^{ns}	-0,50 ^{ns}	-0,65 ^{ns}	-1,00 ^{ns}	-1,15*
4	0,10 ^{ns}	-0,15 ^{ns}	-0,50 ^{ns}	-0,55 ^{ns}	-0,65 ^{ns}
5	-1,35**	-1,00 ^{ns}	-0,55 ^{ns}	-1,45**	0,95 ^{ns}
6	-0,10 ^{ns}	0,00 ^{ns}	-0,20 ^{ns}	-0,55 ^{ns}	-0,70 ^{ns}
7	0,00 ^{ns}	-1,45**	0,45 ^{ns}	-0,50 ^{ns}	-0,15 ^{ns}
8	-0,25 ^{ns}	0,50 ^{ns}	0,15 ^{ns}	-0,55 ^{ns}	-0,10 ^{ns}
9	-0,70 ^{ns}	0,25 ^{ns}	-0,05 ^{ns}	0,10 ^{ns}	-0,85 ^{ns}
10	-1,05*	0,15 ^{ns}	-0,35 ^{ns}	0,25 ^{ns}	-0,60 ^{ns}
Média	-0,46 ^{ns}	-0,25 ^{ns}	-0,31 ^{ns}	-0,44 ^{ns}	-0,33 ^{ns}

Subpopulação	NGF (n°)				
	$C_{1\otimes} - C_{1\#}$	$C_{2\otimes} - C_{2\#}$	$C_{3\otimes} - C_{3\#}$	$C_{4\otimes} - C_{4\#}$	$C_{5\otimes} - C_{5\#}$
1	-1,93 ^{ns}	-1,70 ^{ns}	-3,63**	-5,15**	-4,60**
2	-4,93**	-4,35**	-3,48*	-4,85**	-1,38 ^{ns}
3	-2,98*	-3,18*	-5,00**	-1,23 ^{ns}	-2,25 ^{ns}
4	-4,38**	-5,40**	-4,63**	-4,50**	-5,35**
5	-4,43**	-4,78**	-5,33**	-2,88*	-1,50 ^{ns}
6	-3,53**	-5,23**	-6,45**	-5,33**	-6,30**
7	-4,68**	-1,93 ^{ns}	-3,35*	-2,98*	-0,57 ^{ns}
8	-2,43 ^{ns}	-0,67 ^{ns}	-3,78**	-5,38**	-3,00*
9	-4,03**	-3,08*	-4,85**	-2,70*	-5,20**
10	-4,35**	-7,38**	-3,25*	2,93*	-4,73**
Média	-3,76**	-3,77**	-4,37**	-3,21*	-3,49**

^{ns}, * e ** não significativo, significativo a 5% e 1% de probabilidade pelo teste *t*, respectivamente.

Tabela 2.31 – Estimativas isoladas de depressão por endogamia através dos contrastes entre as médias das 10 subpopulações autofecundadas (⊗) com as médias das mesmas 10 subpopulações não autofecundadas (#), obtidas da população original BR-106, nos cinco ciclos de deriva (C₁ a C₅), para os caracteres diâmetro de espiga (DE), número de fileiras por espiga (NFE) e número de grãos por fileira (NGF)

Subpopulação	DE (cm esp ⁻¹)				
	C _{1⊗} – C _{1#}	C _{2⊗} – C _{2#}	C _{3⊗} – C _{3#}	C _{4⊗} – C _{4#}	C _{5⊗} – C _{5#}
1	-0,25*	-0,35**	-0,32**	-0,31**	-0,36**
2	-0,38**	-0,40**	-0,29**	-0,36**	-0,10 ^{ns}
3	-0,44**	-0,30**	-0,26*	-0,21*	-0,26*
4	-0,48**	-0,34**	-0,37**	-0,33**	-0,42**
5	-0,27**	-0,29**	-0,34**	-0,13 ^{ns}	-0,51**
6	-0,53**	-0,48**	-0,27**	-0,31**	-0,26*
7	-0,40**	-0,58**	-0,50**	-0,39**	-0,39**
8	-0,43**	-0,21*	-0,37**	-0,34**	-0,44**
9	-0,52**	-0,33**	-0,32**	-0,39**	-0,38**
10	-0,43**	-0,07 ^{ns}	-0,36**	-0,51**	-0,29**
Média	-0,41**	-0,33**	-0,34**	-0,33**	-0,34**

Subpopulação	NFE (nº)				
	C _{1⊗} – C _{1#}	C _{2⊗} – C _{2#}	C _{3⊗} – C _{3#}	C _{4⊗} – C _{4#}	C _{5⊗} – C _{5#}
1	0,05 ^{ns}	-0,45 ^{ns}	-1,10**	-0,50 ^{ns}	-0,05 ^{ns}
2	-0,40 ^{ns}	0,10 ^{ns}	0,05 ^{ns}	-0,15 ^{ns}	0,75*
3	-0,20 ^{ns}	-0,10 ^{ns}	-1,25**	-0,55 ^{ns}	-0,10 ^{ns}
4	-0,10 ^{ns}	0,20 ^{ns}	-1,15**	0,30 ^{ns}	0,10 ^{ns}
5	-0,15 ^{ns}	0,35 ^{ns}	0,80*	0,15 ^{ns}	-0,90*
6	-0,50 ^{ns}	-0,90*	-0,13 ^{ns}	-0,35 ^{ns}	0,40 ^{ns}
7	0,15 ^{ns}	-0,30 ^{ns}	-0,85*	0,40 ^{ns}	-0,39 ^{ns}
8	-0,30 ^{ns}	-0,05 ^{ns}	0,25 ^{ns}	-0,35 ^{ns}	-0,70 ^{ns}
9	-0,70 ^{ns}	0,05 ^{ns}	-0,45 ^{ns}	-0,70 ^{ns}	-0,50 ^{ns}
10	-0,50 ^{ns}	0,45 ^{ns}	-0,10 ^{ns}	-0,10 ^{ns}	-0,40 ^{ns}
Média	-0,27 ^{ns}	-0,06 ^{ns}	-0,39 ^{ns}	-0,19 ^{ns}	-0,18 ^{ns}

Subpopulação	NGF (nº)				
	C _{1⊗} – C _{1#}	C _{2⊗} – C _{2#}	C _{3⊗} – C _{3#}	C _{4⊗} – C _{4#}	C _{5⊗} – C _{5#}
1	-5,95**	-4,18**	-4,15**	-4,15**	-5,20**
2	-3,38*	-4,98**	-5,43**	-5,15**	-3,93**
3	-6,45**	-0,07 ^{ns}	-1,20 ^{ns}	1,08 ^{ns}	-5,15**
4	-7,03**	-4,83**	-5,35**	-2,43 ^{ns}	-5,85**
5	-6,20**	-4,83**	-5,28**	1,00 ^{ns}	-3,40*
6	-5,05**	-4,63**	-4,83**	-2,78*	-1,93 ^{ns}
7	-7,10**	-5,28**	-5,13**	-7,60**	-5,90**
8	-6,53**	-2,60 ^{ns}	-3,23*	-2,18 ^{ns}	-5,46**
9	-3,35*	-3,93**	-3,73**	-4,58**	-4,43**
10	-3,88**	-2,08 ^{ns}	-2,75*	-7,18**	-5,63**
Média	-5,49**	-3,74**	-4,11**	-3,40*	-4,69**

^{ns}, * e ** não significativo, significativo a 5% e 1% de probabilidade pelo teste *t*, respectivamente.

2.2.2.5 Análises de regressão linear

Foram feitas análises de regressão linear (RL) para as populações nos dois níveis de endogamia separadamente, e somente as subpopulações significativas para regressão linear foram apresentadas nos gráficos.

Para o caráter PG da população BR-105 não autofecundada, cinco subpopulações apresentaram significância ($p \leq 0,05$ ou $p \leq 0,01$) para RL. Já para a população BR-106, todas as subpopulações foram significativas para RL, com exceção da subpopulação 7. As subpopulações 1, 4, 5, 6 e 9 também foram significativas para os desvios de regressão (DR), e por isso apresentaram coeficientes de determinação (R^2) considerados baixos. Apesar de algumas subpopulações não terem sido significativas, para as duas populações avaliadas, a média das dez subpopulações ($\bar{x}$) apresentou efeito linear no sentido de redução da produtividade ao longo dos ciclos de deriva genética. Para a população BR-105, em média, a cada ciclo houve uma diminuição de $0,24 \text{ t ha}^{-1}$, e para a BR-106 de $0,40 \text{ t ha}^{-1}$, indicando que esta última foi mais sensível aos efeitos da deriva genética para este caráter (Figuras 2.1 e 2.2, Anexo R).

Considerando o caráter PG para as populações autofecundadas, observou-se uma redução no número de subpopulações com efeitos lineares significativos, com maior intensidade na população BR-106 $\otimes$. As médias das subpopulações não foram significativas para nenhuma população e poucas subpopulações apresentaram efeito linear. Para a população BR-105 $\otimes$, somente as subpopulações 6, 9 e 10 apresentaram significância para RL, sendo que as duas primeiras também apresentaram significância para os DR. Para a população BR-106 $\otimes$, apenas as subpopulações 2, 8, 9 e 10 foram significativas para RL, e as duas últimas também foram significativas para DR. Foi observado que, para a população BR-105 $\otimes$, as subpopulações significativas tenderam a aumentar a média ao longo dos ciclos, enquanto que, para a BR-106 $\otimes$, ocorreu o inverso. O efeito da deriva em conjunto com o da autofecundação alterou a linearidade do caráter PG para a maioria das subpopulações, ao contrário do ocorrido nas populações não autofecundadas (Figuras 2.3 e 2.4, Anexos S e T).

Para o caráter PROL das populações sem autofecundação, uma menor quantidade de subpopulações apresentaram efeitos lineares significativos em relação ao caráter PG, principalmente para a população BR-106. A população BR-105 apresentou quatro subpopulações significativas para RL, e a população BR-106 três, sendo que a subpopulação 8 (BR-106) também foi significativa para os desvios de regressão e, por isso, apresentou R^2 baixo. Todas as subpopulações significativas, com exceção da subpopulação 4 (BR-106),

apresentaram coeficientes de regressão negativos, indicando redução do número de espigas por planta ao longo dos ciclos. A média das dez subpopulações foi significativa somente para a população BR-105, apesar de algumas subpopulações terem se desviado da linearidade (Figuras 2.1 e 2.2, Anexo R).

Já para o caráter PROL das populações autofecundadas, houve uma diminuição no número de subpopulações com efeito linear em relação às populações não autofecundadas, principalmente para a população BR-105 $\otimes$. Para esta população, somente a subpopulação 7 foi significativa e, para a população BR-106 $\otimes$, somente as subpopulações 2 e 5 apresentaram significância. A autofecundação em conjunto com a deriva genética alterou a performance deste caráter, mas com menor intensidade do que para o caráter PG (Figuras 2.3 e 2.4).

^{ns}, * e ** não significativo, significativo a 5% e 1% de probabilidade pelo teste *F*, respectivamente; ^a somente as subpopulações significativas para RL foram apresentadas nos gráficos.

Figura 2.1 – Equações de regressão, coeficientes de determinação (R²) e significâncias da regressão linear (RL) para as 10 subpopulações não autofecundadas e a média entre elas ($\bar{x}$), obtidas da população original BR-105, para os caracteres peso de grãos (PG) e prolificidade (PROL)

^{ns}, * e ** não significativo, significativo a 5% e 1% de probabilidade pelo teste F , respectivamente; ^a somente as subpopulações significativas para RL foram apresentadas nos gráficos.

Figura 2.2 – Equações de regressão, coeficientes de determinação (R^2) e significâncias da regressão linear (RL) para as 10 subpopulações não autofecundadas e a média entre elas ($\bar{x}$), obtidas da população original BR-106, para os caracteres peso de grãos (PG) e prolificidade (PROL)

^{ns}, * e ** não significativo, significativo a 5% e 1% de probabilidade pelo teste *F*, respectivamente; ^a somente as subpopulações significativas para RL foram apresentadas nos gráficos.

Figura 2.3 – Equações de regressão, coeficientes de determinação (R²) e significâncias da regressão linear (RL) para as 10 subpopulações autofecundadas (⊗) e a média entre elas ($\bar{x}$), obtidas da população original BR-105, para os caracteres peso de grãos (PG) e prolificidade (PROL)

^{ns}, * e ** não significativo, significativo a 5% e 1% de probabilidade pelo teste F , respectivamente; ^a somente as subpopulações significativas para RL foram apresentadas nos gráficos.

Figura 2.4 – Equações de regressão, coeficientes de determinação (R^2) e significâncias da regressão linear (RL) para as 10 subpopulações autofecundadas (⊗) e a média entre elas ($\bar{x}$), obtidas da população original BR-106, para os caracteres peso de grãos (PG) e prolificidade (PROL)

Para o caráter CE, assim como para PG, as duas populações não autofecundadas apresentaram várias subpopulações com efeito linear, incluindo a média entre elas. Na população BR-105, cinco subpopulações foram significativas para RL e, dentre estas, as subpopulações 3 e 7 também apresentaram significância para os DR. Para a população BR-106, oito subpopulações foram significativas, sendo que as subpopulações 2, 3, 4, 6 e 9 também apresentaram significância para os DR, que refletem nos R^2 de baixa magnitude. Em média, a cada ciclo de deriva, houve uma redução de $0,23 \text{ cm esp}^{-1}$ para a população BR-105 e $0,24 \text{ cm esp}^{-1}$ para a BR-106 (Figuras 2.5 e 2.6, Anexos Q e R).

O caráter CE foi menos afetado pela autofecundação que o caráter PG, pois a maioria das subpopulações apresentou significância para RL nas duas populações, assim como ocorreu para as populações não autofecundadas para o caráter CE. A população BR-105 $\otimes$ apresentou seis subpopulações com efeito linear e metade dessas subpopulações também foi significativa para os DR. Para a população BR-106 $\otimes$, cinco subpopulações e a média foram significativas para RL, com coeficientes de regressão negativos e, apenas a subpopulação 1 foi significativa para os DR. Em média, a cada ciclo de deriva genética, houve uma redução de $0,18 \text{ cm esp}^{-1}$ no comprimento de espiga para a população BR-106 (Figuras 2.7 e 2.8, Anexos S e T).

Em relação ao caráter DE das populações não autofecundadas, a maioria das subpopulações foi significativa para RL, semelhante ao ocorrido para os caracteres PG e CE, mas em menor quantidade na população BR-105. Seis subpopulações da população BR-105 seis foram significativas para, sendo que quatro apresentaram coeficientes de regressão positivos duas negativos. Para a população BR-106, todas as subpopulações e a média entre elas foram significativas, com exceção das subpopulações 1, 3 e 7. Em média, houve uma redução de $0,05 \text{ cm esp}^{-1}$ a cada ciclo de deriva para o caráter DE da população BR-106, indicando que estas subpopulações apresentaram efeito linear mais evidente do que as subpopulações da população BR-105 (Figuras 2.5 e 2.6, Anexos Q e R).

Para o caráter DE, a autofecundação alterou com maior intensidade a performance das subpopulações oriundas da população BR-105 $\otimes$, já que esta apresentou apenas três subpopulações significativas para RL, metade do encontrado nas subpopulações sem autofecundação. A população BR-106 $\otimes$ apresentou performance similar à mesma população sem autofecundação, em que a maioria das subpopulações e a média entre elas apresentaram significância para RL, sendo que as subpopulações 6 e 10 foram significativas para os DR. Em média, para a população BR-106 $\otimes$, a cada ciclo de deriva genética houve uma redução de $0,04 \text{ cm esp}^{-1}$ no diâmetro de espiga (Figuras 2.7 e 2.8, Anexos S e T).

^{ns}, * e ** não significativo, significativo a 5% e 1% de probabilidade pelo teste F , respectivamente; ^a somente as subpopulações significativas para RL foram apresentadas nos gráficos.

Figura 2.5 – Equações de regressão, coeficientes de determinação (R^2) e significâncias da regressão linear (RL) para as 10 subpopulações não autofecundadas e a média entre elas ($\bar{x}$), obtidas da população original BR-105, para os caracteres comprimento de espiga (CE) e diâmetro de espiga (DE)

^{ns}, * e ** não significativo, significativo a 5% e 1% de probabilidade pelo teste F , respectivamente; ^a somente as subpopulações significativas para RL foram apresentadas nos gráficos.

Figura 2.6 – Equações de regressão, coeficientes de determinação (R^2) e significâncias da regressão linear (RL) para as 10 subpopulações não autofecundadas e a média entre elas ($\bar{x}$), obtidas da população original BR-106, para os caracteres comprimento de espiga (CE) e diâmetro de espiga (DE)

^{ns}, * e ** não significativo, significativo a 5% e 1% de probabilidade pelo teste F , respectivamente; ^a somente as subpopulações significativas para RL foram apresentadas nos gráficos.

Figura 2.7 – Equações de regressão, coeficientes de determinação (R^2) e significâncias da regressão linear (RL) para as 10 subpopulações autofecundadas (⊗) e a média entre elas ($\bar{x}$), obtidas da população original BR-105, para os caracteres comprimento de espiga (CE) e diâmetro de espiga (DE)

^{ns}, * e ** não significativo, significativo a 5% e 1% de probabilidade pelo teste F , respectivamente; ^a somente as subpopulações significativas para RL foram apresentadas nos gráficos.

Figura 2.8 – Equações de regressão, coeficientes de determinação (R^2) e significâncias da regressão linear (RL) para as 10 subpopulações autofecundadas (⊗) e a média entre elas ($\bar{x}$), obtidas da população original BR-106, para os caracteres comprimento de espiga (CE) e diâmetro de espiga (DE)

Para as populações sem autofecundação, foi observado que, para o caráter NFE, poucas subpopulações foram significativas para RL, tendo um desempenho similar ao caráter PROL. Para esse caráter, a população BR-105 apresentou mais subpopulações significativas (cinco) que a população BR-106 (quatro), sendo que a média das subpopulações não foi significativa para nenhuma das populações. As subpopulações 1 e 7 (BR-105) e 2 e 4 (BR-106) também foram significativas para os DR, indicando que, para estas subpopulações, o modelo linear não foi suficiente para explicar a variação do caráter (Tabelas 2.9 e 2.10, Anexos Q e R).

Para o caráter NFE, a autofecundação contribuiu para que houvesse uma redução na quantidade de subpopulações significativas, em relação às populações não autofecundadas. Na população BR-105 $\otimes$, apenas três subpopulações (3, 7 e 8) apresentaram significância para RL e, dentre estas, destaca-se a subpopulação 8, que passou a ser significativa após a autofecundação. Para a população BR-106 $\otimes$, somente as subpopulações 5 e 9 foram significativas, ressaltando que a subpopulação 5 também passou a ser significativa após a autofecundação (Tabelas 2.11 e 2.12).

Considerando as populações sem autofecundação, o caráter NGF apresentou performance similar aos caracteres PG e CE, em que a maioria das subpopulações apresentou significância para RL nas duas populações de origem, incluindo as médias entre as subpopulações. Para a população BR-105, cinco subpopulações foram significativas para RL (2, 3, 5, 7 e 8) e, para a BR-106, todas foram significativas, com exceção das subpopulações 4, 5 e 7. As subpopulações 5 e 7 (BR-105) e 6, 8, 9 e 10 (BR-106) também foram significativas para os DR. Em média, para cada ciclo de deriva genética, houve redução de 0,61 grãos por fileira para a população BR-105 e de 0,75 para a BR-106. Fica evidente que esta última população foi mais afetada pela endogamia causada pela deriva genética (Tabelas 2.9 e 2.10, Anexos Q e R).

Levando em conta as populações autofecundadas para o caráter NGF, a maioria das subpopulações apresentou efeitos lineares, em maior quantidade para a população BR-106 $\otimes$. Ao contrário do que ocorreu antes da autofecundação, a média entre as subpopulações foi significativa somente para a população BR-106 $\otimes$. As subpopulações 10 (BR-105 $\otimes$) e 5 (BR-106 $\otimes$) obtiveram coeficientes de regressão positivos, indicando que a autofecundação contribuiu para a mudança de direção das médias destas subpopulações ao longo dos ciclos, quando comparadas com as mesmas subpopulações sem autofecundação. Em média, para a população BR-106, houve uma redução de 0,57 grãos por fileira a cada ciclo de deriva genética (Tabelas 2.11 e 2.12).

Para as populações não autofecundadas, a regressão linear foi responsável pela maior parte da variação causada ao longo dos ciclos para os caracteres PG, CE e NGF. Os coeficientes de determinação de alta magnitude, especialmente para a média das subpopulações, indicam que os valores observados foram muito próximos dos valores preditos. Assim, para esses três caracteres, um modelo genético baseado em efeitos cumulativos de locos com dominância podem descrever os resultados. Para os demais caracteres em que os efeitos lineares não foram predominantes, pode-se inferir que exista a presença de efeitos epistáticos envolvidos. Isto não implica que não exista epistasia para os outros caracteres, mas que, neste caso, não foi detectada (HALLAUER; SEARS, 1973; HALLAUER; CARENA; MIRANDA FILHO, 2010).

De forma geral, a autofecundação afetou as médias dos caracteres avaliados, principalmente diminuindo o número de subpopulações com efeito linear. Em alguns casos, após a autofecundação, subpopulações que não apresentaram efeitos lineares significativos passaram a apresentar. Em outros casos, houve alterações nos coeficientes de regressão e, conseqüentemente, na direção das médias, de positivas para negativas ou vice-versa. Portanto, a fixação de alelos favoráveis ou desfavoráveis através da deriva genética e a posterior autofecundação provocaram alterações na performance das subpopulações para a maioria dos caracteres avaliados.

^{ns}, * e ** não significativo, significativo a 5% e 1% de probabilidade pelo teste F , respectivamente; ^a somente as subpopulações significativas para RL foram apresentadas nos gráficos.

Figura 2.9 – Equações de regressão, coeficientes de determinação (R^2) e significâncias da regressão linear (RL) para as 10 subpopulações não autofecundadas e a média entre elas ($\bar{x}$), obtidas da população original BR-105, para os caracteres número de fileiras por espiga (NFE) e número de grãos por fileira (NGF)

^{ns}, * e ** não significativo, significativo a 5% e 1% de probabilidade pelo teste F , respectivamente; ^a somente as subpopulações significativas para RL foram apresentadas nos gráficos.

Figura 2.10 – Equações de regressão, coeficientes de determinação (R^2) e significâncias da regressão linear (RL) para as 10 subpopulações não autofecundadas e a média entre elas ($\bar{x}$), obtidas da população original BR-106, para os caracteres número de fileiras por espiga (NFE) e número de grãos por fileira (NGF)

^{ns}, * e ** não significativo, significativo a 5% e 1% de probabilidade pelo teste F , respectivamente; ^a somente as subpopulações significativas para RL foram apresentadas nos gráficos.

Figura 2.11 – Equações de regressão, coeficientes de determinação (R^2) e significâncias da regressão linear (RL) para as 10 subpopulações autofecundadas (⊗) e a média entre elas ($\bar{x}$), obtidas da população original BR-105, para os caracteres número de fileiras por espiga (NFE) e número de grãos por fileira (NGF)

^{ns}, * e ** não significativo, significativo a 5% e 1% de probabilidade pelo teste *F*, respectivamente; ^a somente as subpopulações significativas para RL foram apresentadas nos gráficos.

Figura 2.12 – Equações de regressão, coeficientes de determinação (R²) e significâncias da regressão linear (RL) para as 10 subpopulações autofecundadas (⊗) e a média entre elas ($\bar{x}$), obtidas da população original BR-106, para os caracteres número de fileiras por espiga (NFE) e número de grãos por fileira (NGF)

Posteriormente, foram feitas análises de variância de regressão para as populações nos dois níveis de endogamia, considerando os coeficientes de endogamia (F) das populações com e sem autofecundação em conjunto. Para o caráter PG, todas as subpopulações obtidas das duas populações foram significativas para RL. As subpopulações 2, 7 e média entre elas para a população BR-105, e 2, 8 e média para a BR-106 não apresentaram significância para os DR e apresentaram R^2 de maior magnitude, indicando que, nestes casos, o ajuste linear foi adequado. O caráter PG apresentou coeficiente de regressão negativo, ou seja, houve diminuição da produtividade das subpopulações ao longo dos ciclos. A cada 1% de aumento no F , em média, houve uma diminuição de aproximadamente $0,05 \text{ t ha}^{-1}$ para a população BR-105 e de $0,07 \text{ t ha}^{-1}$ para a BR-106. Como esperado, a depressão por endogamia foi mais intensa na população BR-106 para o caráter PG (Figuras 2.13 e 2.14, Anexos U e V).

Considerando o caráter PROL, a maioria das subpopulações apresentou significância para RL nas duas populações, com exceção das subpopulações 3 e 9 (BR-105) e 3 e 5 (BR-106). As subpopulações 10 da população BR-105 e 4, 6, 7, 8 e 9 da BR-106 apresentaram R^2 de baixa magnitude, pois também foram significativas para os DR, indicando que o ajuste linear pode não ser o mais adequado nestes casos. Em média, a cada 1% de aumento no valor de F , houve uma diminuição de 0,002 e 0,0016 esp pl^{-1} para as subpopulações BR-105 e BR-106, respectivamente (Figuras 2.13 e 2.14, Anexos U e V).

^{ns}, * e ** não significativo, significativo a 5% e 1% de probabilidade pelo teste *F*, respectivamente; ^a somente as subpopulações significativas para RL foram apresentadas nos gráficos.

Figura 2.13 – Equações de regressão, coeficientes de determinação (R²) e significâncias da regressão linear (RL) para as 10 subpopulações em conjunto e a média entre elas ($\bar{x}$), nos dois níveis de endogamia, obtidas da população original BR-105, para os caracteres peso de grãos (PG) e prolificidade (PROL)

^{ns}, * e ** não significativo, significativo a 5% e 1% de probabilidade pelo teste F , respectivamente; ^a somente as subpopulações significativas para RL foram apresentadas nos gráficos.

Figura 2.14 – Equações de regressão, coeficientes de determinação (R^2) e significâncias da regressão linear (RL) para as 10 subpopulações em conjunto e a média entre elas ($\bar{x}$), nos dois níveis de endogamia, obtidas da população original BR-106, para os caracteres peso de grãos (PG) e prolificidade (PROL)

Com relação ao caráter CE, verifica-se que todas as subpopulações para as duas populações foram significativas para RL, assim como ocorreu para o caráter PG. As subpopulações 7 a 10 (BR-105), e 1 a 6 e 8 (BR-106) foram significativas para os DR e, por isso, algumas delas apresentaram R^2 de menor magnitude, indicando que o ajuste linear pode não ser adequado para estas subpopulações. Em média, para cada aumento de 1% no valor de F , houve uma queda de 0,03 (BR-105) e 0,04 cm esp⁻¹ (BR-106) no comprimento de espiga das populações (Figuras 2.15 e 2.16, Anexos U e V).

Considerando o caráter DE, assim como ocorreu para PG e CE, todas as subpopulações das duas populações foram significativas para RL. Entretanto, a maioria das subpopulações originadas da população BR-105 também apresentaram significância para os DR, com exceção das subpopulações 1 e 2. Já para a população BR-106, cinco subpopulações foram significativas para os DR (1, 3, 6, 7 e 10). Assim, para essas subpopulações, o ajuste linear não foi o mais adequado, principalmente para as que apresentaram R^2 de baixa magnitude. Em média, a cada aumento de 1% no valor de F considerado, houve um decréscimo de 0,005 cm esp⁻¹ para a população BR-105, enquanto que para a BR-106 a diminuição foi de 0,009 cm esp⁻¹. Desta forma, na média das subpopulações, a população BR-106 se ajustou melhor ao modelo linear, já que apresentou um R^2 de maior magnitude e não foi significativa para os desvios de regressão (Figuras 2.15 e 2.16, Anexos U e V).

^{ns}, * e ** não significativo, significativo a 5% e 1% de probabilidade pelo teste F , respectivamente; ^a somente as subpopulações significativas para RL foram apresentadas nos gráficos.

Figura 2.15 – Equações de regressão, coeficientes de determinação (R^2) e significâncias da regressão linear (RL) para as 10 subpopulações em conjunto e a média entre elas ($\bar{x}$), nos dois níveis de endogamia, obtidas da população original BR-105, para os caracteres comprimento de espiga (CE) e diâmetro de espiga (DE)

^{ns}, * e ** não significativo, significativo a 5% e 1% de probabilidade pelo teste F , respectivamente; ^a somente as subpopulações significativas para RL foram apresentadas nos gráficos.

Figura 2.16 – Equações de regressão, coeficientes de determinação (R^2) e significâncias da regressão linear (RL) para as 10 subpopulações em conjunto e a média entre elas ($\bar{x}$), nos dois níveis de endogamia, obtidas da população original BR-106, para os caracteres comprimento de espiga (CE) e diâmetro de espiga (DE)

O caráter NFE apresentou somente quatro subpopulações significativas para RL na população BR-105 e cinco na população BR-106. Dentre estas, as subpopulações 1 e 5 da população BR-105 e todas as subpopulações da população BR-106 também foram significativas para os DR e, por isso, apresentaram R^2 de baixa magnitude. Esses resultados demonstram que o NFE foi o caráter em que as subpopulações mais se desviaram da linearidade, principalmente para a população BR-105. Apenas a média das dez subpopulações originadas da população BR-106 foi significativa, com uma redução de 0,007 fileiras a cada 1% de aumento do F (Figuras 2.17 e 2.18, Anexos U e V).

Por último, observa-se que o caráter NGF obteve performance semelhante aos caracteres PG, CE e DE, em que todas as subpopulações foram significativas para as duas populações, indicando que houve efeito linear das subpopulações com o aumento do coeficiente de endogamia. As subpopulações 5 a 10 da população BR-105 e as subpopulações 1, 3, 4, 5, 6, 7 e 10 da BR-106 foram significativas para os DR, indicando que a regressão linear não explica sozinha a variação dos dados para este caráter. Na média das subpopulações, o ajuste linear explicou grande parte da variação do caráter NGF, sendo que houve uma redução de 0,10 e 0,11 grãos a cada aumento de 1% no F para as populações BR-105 e BR-106, respectivamente (Figuras 2.17 e 2.18, Anexos U e V).

Os resultados obtidos para os caracteres avaliados demonstram o que geralmente ocorre com o aumento da endogamia em milho: perda de vigor e diminuição das médias dos caracteres, com maior intensidade para o caráter PG (HALLAUER; SEARS, 1973). O modelo de regressão linear foi responsável pela maior parte da variação encontrada com o aumento dos coeficientes de endogamia, exceto para o caráter NFE da população BR-105. O desempenho médio de um caráter controlado por um determinado número de locos está relacionado linearmente com seu nível de heterozigosidade, enquanto que os desvios da linearidade podem ser atribuídos a efeitos epistáticos (HALLAUER; SEARS, 1973; HALLAUER; CARENA; MIRANDA FILHO, 2010). Quanto maior o número de locos envolvidos no controle de um caráter, maior a perda de vigor sofrida com o aumento da homozigosidade. Estudos de endogamia através da regressão linear têm revelado que para os caracteres PG, CE, DE, NFE e NGF, em mais de 90% dos casos analisados, a variação do vigor foi explicada pelo aumento do coeficiente de endogamia (HALLAUER; SEARS, 1973; CORNELIUS; DUDLEY, 1974; GOOD; HALLAUER, 1977; BENSON; HALLAUER, 1994). Cunha (2004), avaliando subpopulações de milho com diferentes N_E 's, verificou que para os caracteres peso de espigas, CE, DE e PROL houve uma relação linear entre as médias e o coeficiente de endogamia.

^{ns}, * e ** não significativo, significativo a 5% e 1% de probabilidade pelo teste *F*, respectivamente; ^a somente as subpopulações significativas para RL foram apresentadas nos gráficos.

Figura 2.17 – Equações de regressão, coeficientes de determinação (R²) e significâncias da regressão linear (RL) para as 10 subpopulações em conjunto e a média entre elas ($\bar{x}$), nos dois níveis de endogamia, obtidas da população original BR-105, para os caracteres número de fileiras por espiga (NFE) e número de grãos por fileira (NGF)

^{ns}, * e ** não significativo, significativo a 5% e 1% de probabilidade pelo teste F , respectivamente; ^a somente as subpopulações significativas para RL foram apresentadas nos gráficos.

Figura 2.18 – Equações de regressão, coeficientes de determinação (R^2) e significâncias da regressão linear (RL) para as 10 subpopulações em conjunto e a média entre elas ($\bar{x}$), nos dois níveis de endogamia, obtidas da população original BR-106, para os caracteres número de fileiras por espiga (NFE) e número de grãos por fileira (NGF)

2.3 Considerações finais

Existem poucos relatos na literatura sobre os efeitos da deriva genética em plantas, principalmente envolvendo caracteres quantitativos. A maioria das estimativas tem sido obtida em populações de milho submetidas à seleção recorrente. Todavia, essas estimativas estão confundidas com os efeitos da seleção e, provavelmente, não refletem os reais efeitos da deriva genética. Assim, devido à importância da deriva genética nos programas de melhoramento de plantas e à falta de estimativas que quantifiquem seus efeitos isolados dos efeitos da seleção, especialmente em caracteres quantitativos, avaliaram-se subpopulações extraídas de duas populações de milho geneticamente distintas, em cinco ciclos sucessivos de tamanho efetivo reduzido ($N_E = 5$), com diferentes níveis de endogamia.

Observou-se uma variação considerável nas médias das subpopulações dentro de um mesmo ciclo de deriva, aparentemente sem nenhum padrão de desempenho de um ciclo para o outro. O desempenho *per se* das subpopulações no decorrer dos ciclos foi bastante variável, apresentando médias inferiores e superiores às médias das respectivas populações de origem, ocasionadas devido às mudanças das frequências alélicas causadas pela deriva genética. Houve uma tendência das médias das subpopulações diminuírem ao longo dos ciclos, em decorrência do aumento da frequência dos locos em homozigose em consequência da endogamia, sendo mais acentuada na população BR-106 quando compara a BR-105. Essas diferenças demonstram que as duas populações foram afetadas pela deriva genética de formas diferentes, já que possuem origens e estruturas genéticas distintas. A população BR-105 é considerada um sintético, pois foi submetida a cinco ciclos de seleção recorrente de alta intensidade com progênies S_1 's, enquanto que a BR-106 é considerada um composto e possui maior magnitude de variabilidade genética. Assim, a estrutura genética da população avaliada interferiu nos efeitos da deriva genética.

Ao se avaliar os efeitos da deriva nas populações não autofecundadas, constatou-se que as estimativas acumuladas em relação à população original variaram mais e foram de maior magnitude que as estimativas entre os ciclos, especialmente para os caracteres PG, CE, DE e NGF. A maior variação desses caracteres se deve à complexidade e ao maior grau de dominância dos mesmos, principalmente para PG, fazendo com que sofram mais com os efeitos da deriva genética e da endogamia. Houve uma tendência de maior concentração de estimativas acumuladas nos ciclos mais avançados, enquanto que as estimativas entre os ciclos ficaram mais distribuídas ao longo dos ciclos. A maioria das estimativas de deriva genética das subpopulações foi negativa, indicando que houve redução nas médias das

subpopulações em relação à média da população original, ou de um ciclo para o outro. Algumas subpopulações flutuaram mais que as outras ao longo dos ciclos, visto que suas estimativas passaram de positivas para negativas e vice-versa. Para os caracteres PROL e NFE foram detectados menos efeitos da deriva genética, talvez por possuírem um maior nível de efeitos aditivos em sua herança e, conseqüentemente, foram menos sensíveis à endogamia.

Os efeitos da deriva nas populações autofecundadas foram menos expressivos do que nas populações sem autofecundação, visto que houve uma diminuição na quantidade de estimativas acumuladas para a maioria dos caracteres. A maior parte dessas estimativas, assim como nas populações não autofecundadas, também ficou concentrada nos ciclos mais avançados. A maior alteração ocorrida foi na direção das estimativas de algumas subpopulações de um nível de endogamia para o outro, para os caracteres PG e NFE da população BR-105 $\otimes$ e PROL da BR-106 $\otimes$. Já as estimativas de deriva entre os ciclos ficaram distribuídas aleatoriamente ao longo de todos os ciclos para a maioria dos caracteres. Em comparação com as populações não autofecundadas, para alguns caracteres, houve aumento no número de estimativas significativas e, para outros, houve diminuição. De maneira geral, o efeito provocado pela deriva genética e pela autofecundação afetou o desempenho dos caracteres de diferentes formas, de acordo com a estrutura genética da população utilizada e com o tipo de ação gênica predominante no caráter.

As estimativas de depressão por endogamia das subpopulações dentro dos ciclos de deriva genética variaram em diferentes magnitudes, dependendo do tipo de ação gênica predominante no caráter avaliado. Os caracteres PG, CE, DE e NGF apresentaram as estimativas de maior magnitude, principalmente nos ciclos iniciais, provavelmente por possuírem maior grau médio de dominância que os demais caracteres. Com exceção do caráter CE, a população BR-106 apresentou uma maior quantidade de estimativas significativas e de maior magnitude que a população BR-105. Para os caracteres NFE da população BR-106 e NGF da população BR-105, algumas subpopulações apresentaram estimativas de DEN positivas, que estão relacionadas às alterações aleatórias nas frequências alélicas causadas pela deriva genética, fazendo com que estas sofressem menos com os efeitos da depressão por endogamia.

A regressão linear foi responsável pela maior parte da variação causada ao longo dos ciclos de deriva genética para os caracteres PG, CE e NGF nas populações não autofecundadas. Para os demais caracteres os efeitos lineares não foram predominantes. De forma geral, após a autofecundação houve uma diminuição no número de subpopulações que apresentaram efeitos lineares significativos. Em alguns casos, houve variações de sinal nos

coeficientes de regressão e, assim, a direção das médias foi alterada de positivo para negativo e vice-versa. A fixação de alelos favoráveis ou desfavoráveis por meio da deriva genética e a posterior autofecundação contribuíram para alterar a performance das subpopulações para a maioria dos caracteres avaliados.

Quando se considerou os coeficientes de endogamia (F) das populações nos dois níveis de endogamia, verificou-se que o modelo de regressão linear foi responsável pela maior parte da variação encontrada para todos os caracteres, com exceção do caráter NFE da população BR-105. O desempenho médio de um caráter está relacionado linearmente com seu nível de heterozigosidade, enquanto que os desvios da linearidade podem ser atribuídos à presença de efeitos epistáticos. Quanto maior o número de locos envolvidos no controle do caráter, maior é a perda de vigor sofrida com o aumento da homozigosidade, como se observa para o caráter PG.

Os efeitos da deriva genética foram totalmente imprevisíveis em direção e magnitude nas subpopulações com e sem autofecundação. Foram observados efeitos positivos e negativos, que contribuíram para aumento ou diminuição das médias dos caracteres tanto em relação à população original quanto de um ciclo para o outro, sendo esses efeitos mais pronunciados em caracteres com elevado grau de dominância, como PG.

As três principais consequências da deriva genética descritas na literatura foram observadas nas subpopulações avaliadas, ocorrendo: aumento da diferenciação entre as subpopulações; aumento da uniformidade dentro das subpopulações ao longo dos ciclos e aumento do número de locos em homozigose em função do declínio dos locos em heterozigose, resultando no aumento da depressão por endogamia.

A avaliação dos efeitos da deriva genética é de extrema importância para a conservação da variabilidade em coleções de germoplasma e em programas de melhoramento genético. Populações utilizadas no melhoramento são frequentemente subdivididas e podem ser descaracterizadas se as amostras dos genótipos forem reduzidas. Em coletas de germoplasma, amostras pequenas podem não representar as populações de origem, pois alguns genótipos podem não ser amostrados. Consequentemente, alguns alelos podem ser perdidos durante o processo amostral, principalmente aqueles que estão em baixa frequência.

A conservação de um tamanho efetivo adequado da população é crucial para a preservação da variabilidade genética, podendo evitar a perda ou fixação de alelos favoráveis ou desfavoráveis e o surgimento dos efeitos da endogamia. Além do mais, a deriva genética pode limitar os ganhos genéticos, pois seus efeitos podem estar confundidos com os efeitos da seleção. Assim, é importante considerar e quantificar a presença desse fenômeno nos

programas de melhoramento de plantas para que as características das populações sejam mantidas sem que haja limitação de ganhos genéticos.

Referências

BENSON, D.L; HALLAUER, A.R. Inbreeding depression rates in maize populations before and after recurrent selection. **Journal of Heredity**, Washington, v. 85, p. 122-128, 1994.

BLANDÓN, S.C. **Efeito da deriva genética sobre caracteres quantitativos em uma população de milho (*Zea mays* L.)**. 1996. 90p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 1996.

BURI, P. Gene frequency drift in small population of mutant *Drosophila*. **Evolution**, Lancaster, v. 10, p.367-402, 1956.

BUTRUILLE, D.V.; SILVA, H.D.; KAEPLER, S.M.; COORS, J.G. Response to selection and genetic drift in three populations derived from the golden glow maize population. **Crop Science**, Madison, v. 44, p. 1527-1534, 2004.

CAIN, A.J; SHEPPARD, P.M. Natural selection in *Cepaea*. **Genetics**, Austin, v. 39, p. 89-116, 1954.

CEPEDA, M.C.; SOUZA JR, C.L.; PANDEY, S.; LEON, L.N. Efeitos gênicos e oscilação genética associados à seleção recorrente intrapopulacional na população de milho SA3. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 35, n. 8, p. 1585-1593, 2000.

CORNELIUS, P.L; DUDLEY, J.W. Effects of inbreeding by selfing and full-sib mating in a maize population. **Crop Science**, Madison, v. 14, p. 815-819, 1974.

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

CUNHA, R.N.V. **Efeito do processo dispersivo em subpopulações de tamanho reduzido de milho (*Zea mays* L.)**. 2004. 148p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 2004.

EDWARDS, J.W.; LAMKEY, K.R. Dominance and genetic drift: predicted effects of population subdivision in maize population. **Crop Science**, Madison, v. 43, p. 2006-2017, 2003.

EYHERABIDE, G.H.; HALLAUER, A.R. Reciprocal full-sib recurrent selection in maize: II. Contributions of additive, dominance, and genetic drift effects. **Crop Science**, Madison, v. 31, p. 1442-1448, 1991.

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

FLACHENECKER, C.; FRISCH, M.; FALKE, K.C.; MELCHINGER, A.E. Genetic drift and selection effects of modified recurrent full-sib selection programs in two F₂ populations of European flint maize. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v. 113, p. 1113-1120, 2006.

FRITSCH-NETO, R; VIEIRA, R.A; SCAPIM, C.A; MIRANDA, G.V; REZENDE, L.M. Updating the ranking of the coefficients of variation from maize experiments. **Acta Scientiarum**, Maringá, v. 34, n. 1, p. 99-101, 2012.

FUTUYMA, D.J. Estrutura populacional e deriva genética. In: AFONSO, I.F. **Biologia Evolutiva**. Ribeirão Preto: FUNPEC, 2009, cap. 11, p. 297-315.

GARBUGLIO, D.D. **Variabilidade genética em progênies S1 e depressão por endogamia em populações de milho (*Zea mays* L)**. 2007. 135p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 2007.

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

HALLAUER, A.R.; CARENA, M.J.; MIRANDA FILHO, J.B. **Quantitative genetics in maize breeding**. 3. ed. New York: Springer, 2010. 663p.

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.

HARTLEY, H.O. The use of range in analysis of variance. **Biometrika**, London, v. 37, n. 3-4, p. 271-280, 1950.

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.

KERR, W.E; WRIGHT, S. Experimental studies of the distribution of gene frequencies in very small populations of *Drosophila melanogaster*: I. *Forked*. **Evolution**, Lancaster, v. 8, p. 172-177, 1954a.

KERR, W.E.; WRIGHT, S. Experimental studies of the distribution of gene frequencies in very small populations of *Drosophila melanogaster*: III. *Aristapeda and spineless*. **Evolution**, Lancaster, v. 8, p. 293-302, 1954b.

KIMURA, M. The Neutral Theory of Molecular Evolution. **Cambridge University Press**, Cambridge, 1983. 384p.

LAMKEY, C.M; LORENZ, A.J. Relative effect of drift and selection in diverging populations within a reciprocal recurrent selection program. **Crop Science**, Madison, v. 54, p. 576-585, 2014.

LAMOTTE, M. Recherches sur la structure génétique des populations naturelles de *cepaea nemoralis* (L.). **Bull Biol Suppl**, Paris, v. 35, p. 238-239, 1951.

LANDI, P.; FRASCAROLI, E. Responses to four cycles of full-sib family recurrent selection in a F₂ maize population. **Maydica**, Bergamo, v. 38, p. 31-37, 1993.

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

METTLER, L.E.; GREGG, T.G; SCHAFFER, H.E. **Population genetics and evolution**. Englewood Cliffs: Prentice Hall, 1988. 325p.

MOREIRA, R.M.P. **Avaliação dos efeitos da deriva genética em duas gerações de amostragens nas populações de milho BR-105 e BR-106**. 1999. 120p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 1999.

NASPOLINI FILHO, V.; GAMA, E.E.G.; VIANNA, R.T.; MORO, J.R. General and specific combining ability for yield in a diallel cross among 18 maize populations (*Zea mays*). **Revista Brasileira de Genética**, Ribeirão Preto, v. 4, n. 4, p. 571-577, 1981.

PATERNIANI, M.E.A.G.Z. **Efeitos da redução do tamanho de populações de milho (*Zea mays* L)**. 1995. 117p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 1995.

PEÑA-ASIN, J; ÁLVAREZ, A; ORDAS, B. Molecular changes during intra and inter recurrent selection of two populations of maize: one adapted and one non adapted to the selection environment. **Euphytica**, Wageningen, v. 193, p. 359-367, 2013.

REZENDE, G.D.S.P. **Heterose, depressão por endogamia e variabilidade genética associadas à seleção e oscilação genética nas populações de milho BR-105 e BR-106**. 1997. 112p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 1997.

RICH, S.S; BELL, A.E; WILSON, S.P. Genetic drift in small populations of *Tribolium*. **Evolution**, Lancaster, v. 33, p. 579-584, 1979.

ROMAY, M.C.; BUTRÓN, A.; ORDÁS, A.; REVILLA, P.; ORDÁS, B. Effect of recurrent selection on the genetic structure of two broad-based Spanish maize populations. **Crop Science**, Madison, v. 52, p. 1493-1502, 2012.

SAS INSTITUTE. **Statistical analysis software: SAS 9.2**. Cary, 2008.

SHAPIRO, S.S.; WILK, M.B. An analysis of variance test for normality (complete samples). **Biometrika**, London, v. 52, n. 3-4, p. 591-611, 1965.

SMITH, O.S. Application of a modified diallel analysis to evaluate recurrent selection for grain yield in maize. **Crop Science**, Madison, v. 19, p. 819-822, 1979b.

_____. Comparison of effects of reciprocal recurrent selection in the BSSS(R), BSCB1(R) and BS6 populations. **Maydica**, Bergamo, v. 29, p. 1-8, 1984.

_____. Evaluation of recurrent selection in BSSS, BSCB1, and BS13 maize populations. **Crop Science**, Madison, v. 23, p. 35-40, 1983.

SOKAL, R.R; ROHLF, F.J. **Biometry: the principles and practice of statistics in biological research**. 4. ed. New York: Freeman and Company, 2012. 917p.

SOUZA JR, C.L. **Manutenção de coleções de bancos de germoplasma**. Piracicaba: ESALQ, 1995. 28p.

SOUZA JR., C.L.; SANTOS, M.X.; MAGNAVACA, R.; GAMA, E.E.G. Estimativas de parâmetros genéticos na interpopulação de milho BR-105 x BR-106 e suas implicações no melhoramento. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 28, n. 4, p. 473-479, 1993.

STEEL, R.G.D.; TORRIE, J.H. **Principles and procedures of statistics**: a biometrical approach. 3. ed. New York: McGraw-Hill, 1997. 666p.

STOJŠIN, D.; KANNENBERG, L.W. Genetic changes associated with different methods of recurrent selection in five maize populations: II. Indirectly selected traits. **Crop Science**, Madison, v. 34, p. 1473-1479, 1994.

TRAGESSEER, S.L.; YOUNGQUIST, W.C.; SMITH, O.S.; COMPTON, W.A. Drift vs. selection effects from five recurrent selection programs in maize. **Maydica**, Bergamo, v. 34, p. 23-32, 1989.

WRIGHT, S. Evolution in mendelian populations. **Genetics**, Austin, v. 16, p. 97-159, 1931.

WRIGHT, S.; KERR, W.E. Experimental studies of the distribution of gene frequencies in very small populations of *Drosophila melanogaster*: II. *bar*. **Evolution**, Lancaster, v. 8, p. 225-240, 1954.

3 DERIVA GENÉTICA DE CARACTERES QUANTITATIVOS EM MILHO: CARACTERES DA PLANTA

Resumo

Em populações pequenas, como as utilizadas para fins de melhoramento, as frequências alélicas estão sujeitas a flutuações aleatórias devido à amostragem reduzida de gametas, fenômeno este denominado de deriva genética. Dessa forma, o objetivo deste estudo foi avaliar os efeitos da deriva genética em caracteres quantitativos em subpopulações de milho originadas das populações originais BR-105 e BR-106. Para cada população foram obtidas 10 subpopulações em cada um dos cinco ciclos sucessivos de amostragem com tamanho efetivo reduzido, totalizando 50 subpopulações para cada população de origem, que foram posteriormente autofecundadas, gerando um nível a mais de endogamia. Os tratamentos foram constituídos de 10 amostras da população de origem sem autofecundação, 10 amostras com autofecundação, 50 subpopulações obtidas da população de origem e 50 subpopulações autofecundadas, totalizando 120 tratamentos para cada população, avaliados separadamente. Utilizou-se o delineamento em blocos casualizados, no esquema de parcelas subdivididas em faixas hierárquico, avaliados em quatros ambientes, com duas repetições por ambiente. Os caracteres avaliados foram altura de planta e espiga (AP e AE), florescimento masculino e feminino (FM e FF) e número de ramificações do pendão (NRP). Estimaram-se os efeitos da deriva genética entre as médias das subpopulações nos dois níveis de endogamia e os efeitos da depressão por endogamia nas subpopulações dentro de cada ciclo. Posteriormente, realizaram-se análises de regressão linear para as subpopulações nos dois níveis de endogamia, separadamente, e em conjunto. Verificou-se que a deriva genética alterou as médias das subpopulações nos dois níveis de endogamia em diferentes magnitudes, causando diferenciação entre as subpopulações e contribuindo para a redução das médias dos caracteres. De maneira geral, os efeitos de deriva genética acumulados em relação à população original foram de maior magnitude do que os efeitos entre os ciclos para a maioria dos caracteres. Nas populações autofecundadas, houve diminuição na quantidade de estimativas acumuladas em relação às não autofecundadas, com exceção dos caracteres FM e FF da população BR-106. Houve também mudanças na magnitude e no sinal de algumas estimativas entre os ciclos. Considerando as estimativas de depressão por endogamia, os caracteres FM e FF apresentaram maior quantidade de estimativas significativas que os demais, seguidos pelos caracteres AE, AP e NRP. A regressão linear explicou a maior parte da variação encontrada com o aumento dos coeficientes de endogamia, com exceção do caráter NRP da população BR-106. As populações BR-105 e BR-106, por terem estruturas genéticas distintas, apresentaram performances diferentes quanto aos efeitos da deriva genética, refletidas nas médias dos caracteres. Assim, em programas de melhoramento genético, a utilização de um tamanho efetivo populacional adequado é fundamental para a manutenção das características genéticas das populações utilizadas, evitando assim o surgimento dos efeitos da deriva genética que são limitantes aos ganhos genéticos.

Palavras-chave: Caracteres morfológicos; Depressão por endogamia; Estrutura populacional; Tamanho efetivo populacional; *Zea mays* L.

Abstract

In small populations, such as those used for breeding purpose, allele frequencies are subjected to random changes due to small gamete sample, causing a phenomenon called genetic drift. Thus, this study aimed to evaluate the effects of genetic drift in quantitative traits in maize subpopulations obtained from populations BR-105 and BR-106. For each population, 10 subpopulations were obtained in each of the five successive cycles of genetic drift with small effective size, accounting 50 subpopulations for each original population, which were then selfed to generate an extra level of inbreeding. The treatments consisted in 10 samples of the original population, 10 samples of the selfed original population, 50 non selfed subpopulations obtained from the original population and 50 selfed subpopulations, totaling 120 treatments for each population evaluated separately. These treatments were assessed using the randomized block strip-plot design in four environments with two replications per environment. The traits assessed were plant and ear height (PH and EH), days to anthesis and silking (DA and DS) and number of tassel branches (NTB). The effects of genetic drift between the subpopulations means at both inbreeding levels and the effects of the inbreeding depression in subpopulations within cycles were estimated. Afterwards, linear regression analyses for subpopulations at both levels of inbreeding separately and together were also performed. Genetic drift changed subpopulations means at both inbreeding levels in different magnitudes, causing differentiation between subpopulations and reducing means of all traits. In general, the effects of genetic drift accumulated from the original population were of grater magnitude than the effects between cycles for most traits. For selfed populations, there was a reduction in the number of significant estimates in relation to the non selfed populations, except for DA and DS from BR-106 population. Some estimates between cycles also showed changes in magnitude and signs. DA and DS presented a large number of significant inbreeding depression estimates than the other traits, followed by EH, PL and NTB. Except for NTB from population BR-106 population, linear regression analysis accounted for most of the variation when homozygosity was increased. Populations BR-105 and BR-106 had different performances regarding the effects of genetic drift for all traits because they have distinct genetic structures. Thereby, the use of an appropriate effective population size in plant breeding programs is critical to maintain the characteristics of the populations used in order to avoid the occurrence of genetic drift effects and to not limit genetic gains.

Keywords: Effective population size; Inbreeding depression; Morphological traits; Population structure; *Zea mays* L.

3.1 Introdução

Em programas de melhoramento de plantas, a existência de variabilidade genética é fundamental para a obtenção de genótipos superiores. Para a conservação e a manutenção dessa variabilidade, deve-se dispor de coleções de germoplasma representativas de cada espécie. Entretanto, nas populações utilizadas para fins de melhoramento, a variabilidade genética é constantemente reduzida pois, em decorrência das limitações de recursos, utiliza-se um tamanho mínimo de amostra, limitando a variação genética ao pequeno número de genótipos utilizados. Consequentemente, as populações apresentam pequeno tamanho efetivo (N_E), exibindo níveis reduzidos de diversidade genética e levando à ocorrência de deriva genética.

A deriva genética é um processo aleatório que causa flutuações nas frequências alélicas, resultando, eventualmente, em fixação ou perda de alelos. Este fenômeno ocorre em todas as populações finitas, é tanto mais rápida quanto menor for a população (FUTUYMA, 2009) e tem consequências na quantidade e no tempo da fixação de características favoráveis ou desfavoráveis ao melhoramento de plantas (CROW; KIMURA, 1970). Como consequências, a deriva genética resulta na perda de variação genética dentro das subpopulações, aumentando a divergência genética entre elas e levando ao aumento do número de locos em homozigose em função do declínio dos locos em heterozigose (FALCONER; MACKAY, 1996).

Para se avaliar os efeitos da deriva genética, inicialmente, deve-se utilizar uma população grande e com acasalamento ao acaso, denominada de população de origem. Posteriormente, por meio de cruzamentos controlados, subdivide-se esta população em várias populações menores, denominadas de subpopulações, sendo que todas estas em conjunto constituem a população original. De acordo com Falconer e Mackay (1996), para a obtenção das subpopulações, algumas condições devem ser atendidas: a migração é excluída e, portanto, os cruzamentos são restritos aos membros da mesma subpopulação; os ciclos não se sobrepõem; o número de plantas que se inter cruzam deve ser o mesmo para cada subpopulação em todos os ciclos; dentro de cada subpopulação os cruzamentos e as autofecundações são aleatórios; não há seleção artificial em nenhuma etapa e as mutações são desconsideradas.

Relatos dos efeitos da deriva genética em plantas são raros, principalmente aqueles envolvendo caracteres quantitativos. A maioria das estimativas desses efeitos tem sido obtida em populações de milho submetidas à seleção recorrente. Na maioria dos casos, foram

observados efeitos significativos e de diferentes magnitudes, afetando o desempenho *per se* das populações e limitando os ganhos genéticos (TRAGESSER et al., 1989; EYHERABIDE; HALLAUER, 1991; LANDI; FRASCAROLI, 1993; REZENDE, 1997; CEPEDA et al., 2000; BUTRUILLE et al., 2004; FLACHENECKER et al., 2006). Entretanto, essas estimativas estão confundidas com os efeitos da seleção e, possivelmente, não refletem os reais efeitos da deriva genética. Simultaneamente, outros autores reportaram os efeitos da deriva isolados dos efeitos da seleção, constatando que a deriva foi responsável pela perda e fixação de alelos e pelo aumento da diferenciação entre as subpopulações (PATERNIANI, 1995; BLANDÓN, 1996; MOREIRA, 1999; CUNHA, 2004).

Assim, devido à importância do conhecimento dos efeitos da deriva genética a fim de garantir a manutenção da variabilidade dos bancos de germoplasma e das populações utilizadas no melhoramento de plantas, este estudo objetivou quantificar os efeitos desse fenômeno em caracteres quantitativos em subpopulações de milho, obtidas de duas populações de origem, em cinco ciclos sucessivos de amostragem com tamanho efetivo reduzido.

3.2 Desenvolvimento

3.2.1 Material e Métodos

3.2.1.1 Material genético

Este estudo foi realizado a partir de duas populações de milho obtidas no Centro Nacional de Pesquisa de Milho e Sorgo (CNPMS) da EMBRAPA, denominadas de BR-105 e BR-106. As duas populações são geneticamente divergentes, sendo que a população BR-106 apresenta maior magnitude de variabilidade genética que a população BR-105 (SOUZA JR et al., 1993).

De cada população de origem foram obtidas dez subpopulações em cada um dos cinco ciclos sucessivos de deriva genética (ciclos de amostragem), com tamanho efetivo reduzido ($N_E = 5$), totalizando 50 subpopulações originadas da população BR-105 e 50 subpopulações originadas da população BR-106. Para cada população original, as dez subpopulações do primeiro ciclo foram obtidas no ano agrícola 2000/2001 e a cada dois anos foram obtidas as outras dez subpopulações do ciclo seguinte, de forma que as dez subpopulações do quinto ciclo foram obtidas no ano agrícola 2008/2009.

Para a obtenção das subpopulações foram semeados lotes isolados de sementes das populações BR-105 e BR-106 em que, por ocasião do florescimento, 100 plantas de cada população foram autofecundadas aleatoriamente e colhidas. Das 100 espigas colhidas, cinco foram escolhidas ao acaso, dando origem à primeira subpopulação. Da mesma forma, outras cinco espigas foram escolhidas aleatoriamente, dando origem à segunda subpopulação, e assim sucessivamente, até dar origem à décima subpopulação. Como cada planta autofecundada tem N_E igual a um, o tamanho efetivo de cada subpopulação é igual a cinco. A recombinação de cada subpopulação para a formação dos ciclos foi realizada conforme apresentado no capítulo 2.

No ano agrícola de 2009/2010, todas as subpopulações foram semeadas em parcelas de 50 plantas e intercruzadas entre si dentro de cada subpopulação, visando uniformizar a qualidade de germinação de sementes, conforme descrito no capítulo 2. Neste mesmo ano agrícola foram realizadas autofecundações nas duas populações de origem (C_0) e em todas as 50 subpopulações obtidas de cada população. Assim, foram obtidas mais 50 subpopulações com uma autofecundação (nível de endogamia) a mais do que as anteriores, para cada população original.

Portanto, os tratamentos foram constituídos de 10 amostras da população original BR-105 sem autofecundação (C_0) e 10 amostras com autofecundação ($C_{0\otimes}$), das 50 subpopulações obtidas a partir da população original (C_1 a C_5) e das 50 subpopulações posteriormente autofecundadas ($C_{1\otimes}$ a $C_{5\otimes}$), resultando em 120 tratamentos para a população BR-105. Da mesma forma, obtiveram-se 120 tratamentos derivados da população BR-106, resultando num total de 240 tratamentos das duas populações.

3.2.1.2 Procedimentos experimentais

Os 240 tratamentos foram avaliados separadamente, em dois experimentos de 120 tratamentos cada, de acordo com a população original da qual foram obtidos, nos anos agrícolas 2010/2011 e 2012/2013, em Piracicaba-SP, na Estação Experimental do Departamento de Genética e Estação Experimental Sertãozinho, ambas da ESALQ/USP. A combinação entre ano agrícola e estação experimental foi considerada como um ambiente, totalizando quatro ambientes de avaliação. O delineamento experimental utilizado foi em blocos casualizados, no esquema de parcelas subdivididas em faixas hierárquico, com duas repetições por ambiente. A parcela experimental foi a mesma descrita no capítulo 2.

Os caracteres analisados foram: altura de planta e espiga (AP e AE, em cm pl^{-1}), obtidas da média de cinco plantas competitivas escolhidas ao acaso, medidas da superfície do solo até a inserção da última folha e da primeira espiga, respectivamente; florescimento masculino e feminino (FM e FF, em dias), obtidos pelo número de dias transcorridos da data de plantio até o período em que 50% das plantas da parcela apresentassem antese e estilo-estigmas visíveis, respectivamente; número de ramificações do pendão (NRP), obtidos da média de uma amostra de cinco plantas por parcela, avaliadas após o florescimento.

3.2.1.3 Análises de variância

As análises de variância foram realizadas utilizando-se o PROC GLM do software SAS 9.2 (SAS INSTITUTE, 2008). Antes de se proceder as análises, a distribuição dos dados foi testada para normalidade dos resíduos utilizando-se o teste de *Shapiro-Wilk* (SHAPIRO; WILK, 1965), e as variâncias dos erros foram testadas para homogeneidade através do teste de *Hartley* (HARTLEY, 1950).

Os dados experimentais foram submetidos a análises de variância segundo o delineamento experimental em blocos casualizados no esquema de parcelas subdivididas em faixas hierárquico. Para cada caráter foram realizadas análises individuais, em que os efeitos dos ciclos de deriva e dos níveis de endogamia foram considerados fixos e os demais aleatórios, segundo o modelo matemático apresentado no capítulo 2 (eq. 1). As fontes de variação subpopulações dentro de ciclo (S/C) e endogamia x subpopulações dentro de ciclo (ExS/C) foram desdobradas, conforme apresentado no capítulo 2 (Tabela 2.1).

Em seguida, foram realizadas análises de variância conjuntas com base nos valores totais dos tratamentos. Os efeitos de ciclos e de níveis de endogamia foram considerados fixos e os demais aleatórios, com base no modelo matemático apresentado no capítulo 2 (eq. 2). As fontes de variação subpopulações dentro de ciclo (S/C), subpopulações x ambientes dentro de ciclos (SxA/C), endogamia x subpopulações dentro de ciclos (ExS/C) e endogamia x subpopulações x ambientes dentro de ciclos ($ExSxA/C$) foram desdobradas, conforme apresentado no capítulo 2 (Tabela 2.2).

Adicionalmente, foram realizadas análises de variância individuais e conjuntas sem considerar os efeitos dos níveis de endogamia. Assim, foi possível obter as diferenças estatísticas entre os ciclos, subpopulações dentro de ciclos (e seus desdobramentos) e as respectivas interações com ambientes, para as subpopulações obtidas sem autofecundação e para as subpopulações autofecundadas, separadamente.

Ao final, foram obtidas as médias das duas populações de origem e de suas respectivas subpopulações com e sem autofecundação, em todos os ciclos de deriva genética (C_1 ao C_5). Essas médias foram comparadas entre si por meio do teste de *Tukey*, calculando-se a diferença mínima significativa (DMS), conforme descrito no capítulo 2 (eq. 3) (SOKAL; ROHLF, 2012).

3.2.1.4 Estimativas de deriva genética

Numa população em equilíbrio de Hardy-Weimberg e na ausência de seleção, migração e mutação, considera-se que p e q são as frequências dos alelos B e b , respectivamente, de um loco qualquer, p_1 e q_1 são as frequências dos mesmos alelos no primeiro ciclo de deriva genética, μ é a média populacional, a é o valor genotípico dos homozigotos e d o valor genotípico dos heterozigotos. Assim, $p_1 = p_0 + \delta_p$ e $q_1 = q_0 - \delta_p$, em que $E(\delta_p) = E(\delta_q) = 0$ e $E(\delta_p)^2 = pq/2N_E$ é o efeito da deriva genética (SOUZA JR, 1995).

As estruturas genéticas da população original e da amostra no primeiro ciclo de deriva genética encontram-se na Tabela 2.3, apresentada no capítulo 2. Da Tabela 2.3 obteve-se a média da população original (μ_0) e de uma amostra retirada aleatoriamente dessa população (μ_1) para um loco com dois alelos, além da média para o primeiro e para os demais ciclos de deriva genética (eq. 4 a 10). Em seguida, podem-se obter as médias para vários locos (eq. 11 a 15), conforme descrito no capítulo anterior.

As estimativas de deriva genética para as subpopulações com e sem autofecundação foram obtidas por meio dos mesmos contrastes utilizados no capítulo 2 (eq. 17 a 22). Todos os contrastes foram testados utilizando-se o teste t (SOKAL; ROHLF, 2012): $t = \hat{y}_i - 0 / \sqrt{\hat{V}(\hat{y}_i)}$, em que $\hat{y}_i$ = estimativa do contraste; $\hat{V}(\hat{y}_i)$ = estimativa da variância da estimativa do contraste.

3.2.1.5 Estimativas de depressão por endogamia

O coeficiente de endogamia das populações e subpopulações com e sem autofecundação (F_t e $F_{t\otimes}$, respectivamente) em uma geração t foram obtidos conforme descrito no capítulo 2 (eq. 24 e 25) e foram apresentados na Tabela 2.4 (FALCONER; MACKAY, 1996).

Para se isolar os efeitos da depressão por endogamia causada somente pela autofecundação em cada subpopulação (i) dentro de cada ciclo de deriva (n), foram calculados os contrastes entre as médias das subpopulações autofecundadas ($\otimes$) com as médias das subpopulações não autofecundadas ($\#$), conforme eq. 26 e 27, apresentadas no capítulo 2. Estes contrastes foram testados utilizando-se o teste t (SOKAL; ROHLF, 2012).

3.2.1.6 Análises de regressão linear

Foram realizadas análises de regressão linear para cada uma das dez subpopulações e a média geral entre elas, em todos os ciclos de deriva genética, nos dois níveis de endogamia, separadamente e em conjunto. Nas análises conjuntas foram considerados os coeficientes de endogamia (F) de cada subpopulação em cada um dos ciclos de deriva. No capítulo 2 foi apresentado o modelo matemático utilizado para a análise de regressão linear (eq. 28), o cálculo do coeficiente de determinação (eq. 29) e os respectivos testes F (Tabela 2.5) (STEEL; TORRIE, 1997). Ao final, foram confeccionados gráficos com as respectivas linhas de tendência, equações da reta e coeficientes de determinação (R^2), para uma melhor visualização da performance das subpopulações ao longo dos ciclos de deriva genética.

3.2.2 Resultados e Discussão

Pode-se analisar a deriva genética e suas consequências considerando-a como processo amostral e, neste caso, descrevendo-a em termos de variância das frequências alélicas ou como um processo de endogamia, descrevendo-a em termos de mudanças genotípicas resultantes de acasalamento entre plantas aparentadas. Dessas, a segunda abordagem é mais útil do que a primeira, pois se aplica igualmente a qualquer média ou frequência alélica inicial, sendo mais adequada para descrever suas consequências (FALCONER; MACKAY, 1996).

No presente estudo, as consequências da deriva genética foram mensuradas pelo desempenho *per se* das subpopulações, o qual é um indicativo de divergência alélica, depressão por endogamia, variabilidade supostamente existente entre elas e diferenciação genética entre as mesmas. Contudo, antes de se atribuir esses efeitos à deriva genética, deve-se verificar se o tamanho efetivo de cada subpopulação é suficientemente pequeno, se estão bem isoladas e se não estão sujeitas aos efeitos da seleção. Dessa forma, tomou-se cuidado para que algumas condições fossem atendidas: o acasalamento foi controlado e ao acaso,

restrito às plantas da mesma subpopulação; as subpopulações foram isoladas para que não houvesse fluxo gênico entre elas, excluindo-se a migração; os cinco ciclos de deriva genética não se sobrepuseram; o número de plantas acasaladas em cada subpopulação foi o mesmo em todos os ciclos de deriva; não houve seleção em nenhuma etapa e as mutações foram desconsideradas.

3.2.2.1 Médias e análises de variância

Por meio das médias dos caracteres das subpopulações em todos os ciclos, é possível que se faça uma avaliação dos efeitos da redução do tamanho efetivo e, por consequência, da depressão por endogamia (DEN) gerada pela deriva genética. As médias gerais das subpopulações não autofecundadas para os caracteres altura de planta (AP), altura de espiga (AE), florescimento masculino (FM), florescimento feminino (FF) e número de ramificações do pendão (NRP) para a população BR-105 foram 210,58 cm pl^{-1} , 121,37 cm pl^{-1} , 60,88 dias, 62,70 dias e 18,06, respectivamente. Para os mesmos caracteres da população BR-106, as médias foram 218,79 cm pl^{-1} , 125,36 cm pl^{-1} , 61,89 dias, 63,26 dias e 16,74. A população BR-106 apresentou médias gerais superiores à população BR-105 para todos os caracteres, exceto para NRP (Tabelas 3.1 e 3.2).

Constatou-se que para o caráter AP das duas populações não autofecundadas houve uma tendência de redução das médias dos ciclos em relação à população original (C0). A população BR-105 apresentou reduções significativas em relação à C0 (220,88 cm pl^{-1}) apenas nos ciclos 4 (7,83%) e 5 (8,78%), sendo que os intervalos de variação (IV) foram de 198,13 a 226,75 cm pl^{-1} no primeiro ciclo (C1) e 188,25 a 221,63 cm pl^{-1} no quinto ciclo (C5). A subpopulação 3 do segundo ciclo (C2) apresentou uma média significativamente superior à população original, indicando que a deriva genética pode ter fixado alelos favoráveis nesta subpopulação. Para a população BR-106, as médias dos ciclos 3, 4 e 5 foram estatisticamente diferentes de C0 (231,38 cm pl^{-1}), com reduções de 7,14%, 8,10% e 8,73%, respectivamente, e IV de 202,25 a 230,50 cm pl^{-1} no C1 e 191,25 a 231,38 cm pl^{-1} no C5 (Tabelas 3.1 e 3.2).

Para o caráter AP, as reduções em relação à população original foram de maior magnitude na população BR-106 do que na BR-105, exceto no C5. Tais resultados podem ser explicados pelo fato da população BR-106 possuir maior variabilidade que a BR-105 e, com isso, ser mais sensível aos efeitos da endogamia causada pela deriva genética. A população BR-105 foi obtida da seleção entre progênies S_1 's, tornando-se menos sensível à depressão por endogamia (SOUZA JR et al., 1993). Moreira (1999), avaliando as mesmas

subpopulações não autofecundadas em apenas dois ciclos de deriva genética, não observou diferenças significativas entre as médias dos ciclos em relação à população original.

Em relação ao caráter AE, observou-se que as médias dos ciclos 3, 4 e 5 das duas populações não autofecundadas foram significativamente inferiores à população original. Para a população BR-105, as reduções em relação à C0 (129,99 cm pl^{-1}) foram de 7,15%, 10,95% e 11,87% para os ciclos 1 a 3, respectivamente, e as médias das subpopulações variaram de 108,13 a 137,25 cm pl^{-1} no C1 e 103,50 a 132,25 cm pl^{-1} no C5. A subpopulação 3 do C2, assim como para o caráter AP, foi a única que apresentou média significativamente superior à C0. Para a população BR-106, exceto para o C3, as reduções em relação à C0 (133,64 cm pl^{-1}) foram de menor magnitude do que na BR-105, com valores de 9,46% para C3, 8,20% para C4 e 9,58% para C5. As médias das subpopulações variaram de 111,88 a 131,13 cm pl^{-1} no C1 e de 109,88 a 133,38 cm pl^{-1} no C5. Além do mais, somente a subpopulação 4 do C2 foi significativamente superior à C0 (Tabelas 3.1 e 3.2).

Para o caráter AE, ao contrário do que ocorreu para AP, as subpopulações oriundas da população BR-105, de modo geral, foram mais sensíveis aos efeitos da endogamia em relação à população BR-106. Tal resultado não era esperado pois, devido a diferença da estrutura genética dessas populações. Moreira (1999), avaliando as mesmas populações, não reportou diferenças significativas entre as médias dos ciclos e a população original para o caráter AE, e somente três subpopulações oriundas da população BR-105 apresentaram médias estatisticamente diferentes da população original.

Em relação ao caráter FM, considerando as duas populações não autofecundadas, somente a média do quinto ciclo para a população BR-105 foi significativamente superior à C0 (59,85 dias), aumentando 3,51%, indicando que as subpopulações deste ciclo foram mais tardias que a população original. Para esta população, as médias das subpopulações variaram de 59,13 a 62,13 dias no C1 e de 60,00 a 63,13 dias no C5. Já para a população BR-106, as médias variaram de 61,50 a 63,75 dias no C1 e de 60,25 a 66,00 dias no C2. Para a população BR-106, apesar das médias dos ciclos não terem sido diferentes do C0 (61,91 dias), houve uma maior variação das subpopulações em relação à população BR-105, visto que apresentaram IV de maior magnitude para a maioria dos ciclos, exceto para C1 e C5 (Tabelas 3.1 e 3.2).

Considerando o caráter FF da população BR-105 sem autofecundação, observa-se que as médias dos ciclos 4 e 5 foram significativamente superiores à C0 (61,74 dias). Os aumentos foram de 2,28% no C4 e de 3,03% no C5, e os IV foram de 60,88 a 63,13 dias no C1 e de 61,00 a 66,13 dias no C4. Para a população BR-106, somente o C3 foi estatisticamente

diferente de C0 (63,56 dias), com uma redução de 2,41%, indicando que as subpopulações deste ciclo, ao contrário do esperado, foram mais precoces que a população original. O menor IV foi no ciclo 3, de 62,25 a 66,00 dias, e o maior no ciclo 2, de 61,50 a 66,75 dias. Assim como para o caráter FM, a população BR-106 apresentou uma maior variação das médias das subpopulações, visto que os IV nos ciclos foram de maior magnitude que os da população BR-105, exceto para C3 e C4 (Tabelas 3.1 e 3.2).

Sabe-se que para os caracteres FM e FF, o aumento dos locos em homozigose faz com que as plantas fiquem mais tardias (HALLAUER; CARENA; MIRANDA FILHO, 2010). Porém, várias subpopulações da população BR-106 apresentaram médias significativamente inferiores à C0, fato que não ocorreu para a população BR-105. A deriva genética, por ser um fenômeno aleatório que causa a perda ou fixação de alelos favoráveis ou desfavoráveis, pode ter contribuído para o aumento da diferenciação entre as subpopulações para esses caracteres na população BR-106 (FALCONER; MACKAY, 1996).

Para o caráter NRP, apesar da maioria dos ciclos nas duas populações não autofecundadas terem apresentado reduções expressivas nas médias em relação à população original, somente os ciclos 4 e 5 da população BR-105 foram significativamente inferiores à C0 (20,00), com reduções de 18,45% no C4 e 18,80% no C5. Nesta população, o menor IV das subpopulações foi no C1 (15,48 a 22,50), e o maior no C3 (12,80 a 24,65). Somente a subpopulação 2 nos ciclos 2 e 3 apresentou média significativamente superior à população original. Para a população BR-106, os IV das médias das subpopulações variaram de 13,45 a 18,85 no C1 e de 11,63 a 20,50 no C5, e somente a subpopulação 2 do segundo ciclo apresentou média estatisticamente superior à C0 (Tabelas 3.1 e 3.2).

Ainda em relação ao caráter NRP, assim como ocorreu para o caráter AE, as subpopulações obtidas da população BR-105 foram mais sensíveis aos efeitos da endogamia quando comparadas à população BR-106. Este resultado também não era esperado, já que a população BR-105 foi obtida da seleção entre progênies S_1 's e, teoricamente, deveria ser menos sensível aos efeitos da endogamia. Porém, como a deriva genética é um fenômeno aleatório, existe a possibilidade deste resultado ocorrer. Blandón (1996), avaliando os efeitos da deriva genética em 30 subpopulações de milho com tamanho efetivo reduzido, reportou uma depressão por endogamia (DEN) igual a 20%, para um F igual a 0,19.

Tabela 3.1 – Médias e diferença mínima significativa (DMS) para os caracteres altura de planta (AP), altura de espiga (AE), florescimento masculino (FM), florescimento feminino (FF) e número de ramificações do pendão (NRP), avaliados na população BR-105 original e suas respectivas 10 subpopulações não autofecundadas, nos cinco ciclos de deriva genética

(continua)

Pop/subpop.	AP (cm pl ⁻¹)	AE (cm pl ⁻¹)	FM (dias)	FF (dias)	NRP (n°)
BR-105 _{C0}	220,88	129,99	59,85	61,74	20,00
Ciclo 1					
Subpop. 1	198,13	110,00	59,38	60,88	19,75
Subpop. 2	212,13	125,00	60,25	62,75	22,50
Subpop. 3	209,00	121,00	59,13	61,38	20,28
Subpop. 4	221,00	134,88	61,00	62,38	18,18
Subpop. 5	208,63	118,75	61,38	62,75	18,45
Subpop. 6	226,75	137,25	62,13	63,13	16,70
Subpop. 7	216,00	127,38	59,88	61,38	15,48
Subpop. 8	209,38	120,13	60,00	62,25	18,23
Subpop. 9	200,13	108,13	60,25	62,50	19,08
Subpop. 10	220,63	126,00	60,50	61,50	16,08
$\bar{X}_{C1}$	212,18	122,85	60,39	62,09	18,47
Ciclo 2					
Subpop. 1	206,88	120,38	59,63	60,88	17,15
Subpop. 2	202,00	114,88	60,25	61,75	23,98
Subpop. 3	233,38	141,13	61,25	64,25	20,73
Subpop. 4	226,88	134,88	61,88	63,75	19,18
Subpop. 5	220,00	129,00	61,50	63,63	17,55
Subpop. 6	220,25	126,25	60,50	62,63	20,15
Subpop. 7	217,75	123,88	61,00	62,88	18,30
Subpop. 8	215,75	131,00	62,38	64,13	18,08
Subpop. 9	202,25	109,75	59,50	62,00	20,80
Subpop. 10	207,50	112,63	60,25	62,00	15,68
$\bar{X}_{C2}$	215,26	124,38	60,81	62,79	19,16
Ciclo 3					
Subpop. 1	197,00	111,88	59,75	61,25	18,13
Subpop. 2	201,75	106,00	59,63	61,13	24,65
Subpop. 3	216,88	125,50	61,50	62,63	18,35
Subpop. 4	223,50	128,38	62,13	64,50	18,45
Subpop. 5	208,38	124,88	61,50	63,63	15,20
Subpop. 6	216,50	126,88	61,13	62,50	15,85
Subpop. 7	200,25	113,00	59,88	61,88	21,23
Subpop. 8	207,88	128,13	62,25	64,63	19,10
Subpop. 9	207,25	117,50	60,88	63,00	18,33
Subpop. 10	221,50	124,75	62,75	63,38	12,80
$\bar{X}_{C3}$	210,09	120,69	61,14	62,85	18,21

Tabela 3.1 – Médias e diferença mínima significativa (DMS) para os caracteres altura de planta (AP), altura de espiga (AE), florescimento masculino (FM), florescimento feminino (FF) e número de ramificações do pendão (NRP), avaliados na população BR-105 original e suas respectivas 10 subpopulações não autofecundadas, nos cinco ciclos de deriva genética

(conclusão)					
Pop/subpop.	AP (cm pl ⁻¹)	AE (cm pl ⁻¹)	FM (dias)	FF (dias)	NRP (n°)
Ciclo 4					
Subpop. 1	200,88	114,75	60,25	61,00	16,13
Subpop. 2	207,50	108,13	59,75	62,50	17,83
Subpop. 3	199,38	114,63	60,00	61,50	16,90
Subpop. 4	229,00	138,88	61,38	63,88	20,30
Subpop. 5	189,25	107,25	61,63	63,25	14,10
Subpop. 6	220,38	129,75	60,75	62,88	17,25
Subpop. 7	183,75	101,13	61,13	63,38	14,73
Subpop. 8	198,25	110,38	62,63	64,88	16,63
Subpop. 9	211,63	123,00	60,75	62,13	19,05
Subpop. 10	195,75	109,63	63,38	66,13	10,18
$\bar{X}_{C4}$	203,58	115,75	61,16	63,15	16,31
Ciclo 5					
Subpop. 1	198,75	109,25	62,38	62,75	13,58
Subpop. 2	201,50	107,25	62,25	64,63	19,58
Subpop. 3	214,25	127,38	60,75	62,50	18,80
Subpop. 4	221,63	132,25	62,88	64,38	19,48
Subpop. 5	193,63	116,25	62,75	63,75	13,70
Subpop. 6	195,13	111,38	60,00	62,25	17,15
Subpop. 7	188,25	103,50	63,13	64,25	13,85
Subpop. 8	199,75	111,63	61,88	64,25	16,70
Subpop. 9	198,88	112,13	62,25	65,13	17,18
Subpop. 10	203,00	114,63	61,25	62,25	12,38
$\bar{X}_{C5}$	201,48	114,56	61,95	63,61	16,24
Média geral	210,58	121,37	60,88	62,70	18,06
DMS (5%)	11,58	9,03	1,34	1,35	3,06

Tabela 3.2 – Médias e diferença mínima significativa (DMS) para os caracteres altura de planta (AP), altura de espiga (AE), florescimento masculino (FM), florescimento feminino (FF) e número de ramificações do pendão (NRP), avaliados na população BR-106 original e suas respectivas 10 subpopulações não autofecundadas, nos cinco ciclos de deriva genética

(continua)

Pop/subpop.	AP (cm pl ⁻¹)	AE (cm pl ⁻¹)	FM (dias)	FF (dias)	NRP (n°)
BR-106 _{C0}	231,38	133,64	61,91	63,56	17,98
Ciclo 1					
Subpop. 1	213,00	117,63	63,00	64,25	16,03
Subpop. 2	225,25	128,00	62,25	64,25	16,50
Subpop. 3	216,00	126,38	62,13	63,50	15,60
Subpop. 4	217,50	125,38	62,25	63,50	13,45
Subpop. 5	220,13	124,88	61,50	62,25	18,85
Subpop. 6	222,63	131,13	62,13	63,13	14,90
Subpop. 7	224,75	128,00	63,63	66,00	16,05
Subpop. 8	220,63	124,75	61,63	63,13	18,45
Subpop. 9	202,25	111,88	63,75	64,00	16,98
Subpop. 10	230,50	126,75	61,88	63,75	17,50
$\bar{X}_{C1}$	219,26	124,48	62,41	63,78	16,43
Ciclo 2					
Subpop. 1	226,88	126,50	63,00	64,00	19,80
Subpop. 2	229,88	138,38	63,88	66,75	20,58
Subpop. 3	211,50	130,38	62,25	63,50	15,08
Subpop. 4	235,50	143,25	62,75	65,25	14,75
Subpop. 5	214,88	121,00	60,25	61,63	15,13
Subpop. 6	231,13	134,63	62,88	64,38	17,20
Subpop. 7	231,75	134,00	66,00	67,50	19,95
Subpop. 8	211,63	120,88	60,25	61,50	17,60
Subpop. 9	210,38	120,00	63,50	64,75	20,53
Subpop. 10	230,88	126,25	62,88	64,25	19,73
$\bar{X}_{C2}$	223,44	129,53	62,76	64,35	18,03
Ciclo 3					
Subpop. 1	208,13	116,75	60,25	61,00	16,43
Subpop. 2	205,38	118,63	61,50	62,75	18,53
Subpop. 3	199,13	115,13	62,88	63,00	15,28
Subpop. 4	223,75	121,63	59,50	61,25	13,78
Subpop. 5	230,50	130,38	61,00	61,38	14,40
Subpop. 6	220,13	127,25	61,38	63,13	15,28
Subpop. 7	230,25	127,13	62,25	63,50	20,03
Subpop. 8	209,13	114,00	59,88	61,25	17,13
Subpop. 9	200,38	115,75	61,00	61,63	17,98
Subpop. 10	221,75	123,38	60,13	61,38	19,33
$\bar{X}_{C3}$	214,85	121,00	60,98	62,03	16,81

Tabela 3.2 – Médias e diferença mínima significativa (DMS) para os caracteres altura de planta (AP), altura de espiga (AE), florescimento masculino (FM), florescimento feminino (FF) e número de ramificações do pendão (NRP), avaliados na população BR-106 original e suas respectivas 10 subpopulações não autofecundadas, nos cinco ciclos de deriva genética

(conclusão)					
Pop/subpop.	AP (cm pl ⁻¹)	AE (cm pl ⁻¹)	FM (dias)	FF (dias)	NRP (n°)
Ciclo 4					
Subpop. 1	213,13	122,25	60,00	60,88	14,90
Subpop. 2	211,63	134,25	63,75	64,88	16,28
Subpop. 3	186,13	110,00	63,38	63,13	13,40
Subpop. 4	219,38	128,00	60,00	62,50	11,88
Subpop. 5	216,88	127,88	61,38	62,25	14,23
Subpop. 6	218,88	127,00	60,25	62,25	13,65
Subpop. 7	229,00	127,13	61,13	62,50	17,65
Subpop. 8	200,00	111,63	62,13	63,25	16,85
Subpop. 9	219,13	120,25	60,25	62,13	16,28
Subpop. 10	212,13	118,38	60,88	62,63	19,28
$\bar{X}_{C4}$	212,63	122,68	61,31	62,64	15,44
Ciclo 5					
Subpop. 1	209,25	121,63	60,50	61,00	11,68
Subpop. 2	207,00	122,13	63,25	65,38	15,73
Subpop. 3	191,25	111,00	62,38	63,50	11,63
Subpop. 4	215,88	127,13	60,63	61,00	15,80
Subpop. 5	227,63	129,88	61,25	62,00	13,70
Subpop. 6	212,38	120,75	61,25	62,88	14,83
Subpop. 7	231,38	133,38	62,50	63,75	19,63
Subpop. 8	193,75	112,13	62,75	64,88	17,23
Subpop. 9	221,75	120,50	62,00	63,13	16,68
Subpop. 10	201,63	109,88	63,13	64,50	20,50
$\bar{X}_{C5}$	211,19	120,84	61,96	63,20	15,74
Média geral	218,79	125,36	61,89	63,26	16,74
DMS (5%)	12,74	9,46	1,44	1,39	2,58

Para as populações autofecundadas ($\otimes$), as médias gerais da população BR-105 $\otimes$ foram de 194,43 cm pl⁻¹ para AP, 113,00 cm pl⁻¹ para AE, 63,39 dias para FM, 65,14 dias para FF e 15,79 para NRP. Para a população BR-106 $\otimes$, as médias foram de 200,57 cm pl⁻¹, 113,65 cm pl⁻¹, 64,75 dias, 66,19 dias e 15,94, para os caracteres AP, AE, FM, FF e NRP, respectivamente. A população BR-106 $\otimes$ apresentou maiores alturas de planta e espiga, foi mais tardia e apresentou maior número de ramificações no pendão (Tabelas 3.3 e 3.4).

Para o caráter AP da população BR-105 $\otimes$, não houve diferenças significativas entre as médias dos ciclos em relação à população original (C0 – 197,85 cm pl⁻¹). Os IV foram de 183,50 a 205,13 cm pl⁻¹ no C1 e de 182,38 a 206,88 cm pl⁻¹ no C5. Para a população BR-

106 $\otimes$, a média do último ciclo foi significativamente inferior à população original (209,41 cm pl⁻¹), com uma redução de 6,71%. Os IV foram superiores aos da população BR-105 $\otimes$, exceto para C3, variando de 183,75 a 208,75 cm pl⁻¹ no C1 e 176,00 a 209,38 cm pl⁻¹ no C5, indicando que a população BR-106 $\otimes$ foi mais sensível aos efeitos da endogamia causada pela deriva e pela autofecundação quando comparada à BR-105 $\otimes$ (Tabelas 3.3 e 3.4). Garbuglio (2007), analisando a DEN em diferentes populações de milho, reportou que estimativas de S_1 para S_2 variaram de 5,49% a 9,71%, similar à encontrada no C5 da população BR-106.

Observou-se que o caráter AE da população BR-105 $\otimes$ apresentou performance similar ao caráter AP da mesma população, pois nenhum ciclo apresentou média superior estatisticamente à C0 (118,81 cm pl⁻¹). As médias das subpopulações variaram de 97,00 a 119,88 cm pl⁻¹ no C1 e de 100,63 a 121,50 cm pl⁻¹ no C5. Para a população BR-106 $\otimes$, as médias dos ciclos 1, 3 e 5 foram significativamente inferiores à C0 (122,54 cm pl⁻¹), com reduções de 8,54%, 10,07% e 10,61%, respectivamente, e os IV das subpopulações foram de 105,13 a 117,88 cm pl⁻¹ no C1 e 97,25 a 118,38 cm pl⁻¹ no C5. Estes resultados indicam que esta população foi mais sensível à endogamia que a população BR-105 $\otimes$, da mesma forma como ocorreu para o caráter AP (Tabelas 3.3 e 3.4). Garbuglio (2007) reportou estimativas de DEN de S_1 para S_2 para diversas populações, variando de 8,89% a 18,95%.

As médias dos ciclos de deriva para o caráter FM não foram diferentes estatisticamente das médias das populações originais, tanto para a população BR-105 $\otimes$ (C0 – 63,95 dias) quanto para a população BR-106 $\otimes$ (C0 – 65,16 dias). Para a população BR-105 $\otimes$, os IV das subpopulações variaram de 60,38 a 64,25 dias no primeiro ciclo e de 61,88 a 64,25 dias no último ciclo. A população BR-106 $\otimes$ apresentou IV de maior magnitude em relação à BR-105 $\otimes$ para a maioria dos ciclos, exceto para C1 e C3, variando de 64,13 a 67,25 dias no C1 e 62,00 a 66,75 dias no C5 (Tabelas 3.3 e 3.4).

O caráter FF da população BR-105 $\otimes$ apresentou desempenho similar ao caráter FM da mesma população, pois nenhum ciclo apresentou média significativamente diferente de C0 (65,39 dias). As médias das subpopulações desta população variaram de 62,88 a 66,00 dias no C1 e de 63,63 a 67,25 dias no C5. Para a população BR-106 $\otimes$, as médias dos ciclos 3 e 4 foram inferiores estatisticamente à C0 (67,04 dias), com reduções de 3,62% e 3,04%, respectivamente. Para esta população, os IV das subpopulações foram de maior magnitude do que na população BR-105 $\otimes$ em todos os ciclos, variando de 65,38 a 69,38 dias no C1 e 62,88 a 68,25 dias no C5 (Tabelas 3.3 e 3.4).

Com o aumento da homozigose, era esperado que houvesse um aumento no número de dias para o florescimento nas plantas de milho. Entretanto, assim como ocorreu para a população BR-106 sem autofecundação, várias subpopulações apresentaram médias significativamente inferiores à C0 para os caracteres FM e FF, em maior número para a população BR-106 $\otimes$. A deriva genética causou mudança nas frequências alélicas das subpopulações de forma aleatória, contribuindo para o surgimento de subpopulações com médias superiores e inferiores às da população original e, conseqüentemente, para o aumento da diferenciação entre estas (FALCONER; MACKAY, 1996).

Por último, em relação ao caráter NRP das duas populações, as médias dos ciclos não foram diferentes estatisticamente das respectivas populações BR-105 $\otimes$ (C0 – 16,80) e BR-106 $\otimes$ (C0 – 17,31) originais. Com exceção dos ciclos 4 e 5, os IV das subpopulações originadas da população BR-105 $\otimes$ foram de maior magnitude, variando de 14,53 a 20,38 no C1 e de 11,68 a 19,68 no C5. Já para a população BR-106 $\otimes$, os IV foram de 13,35 a 18,93 no C1 e de 10,15 a 19,30 no C5. As subpopulações 2 do C1, 9 do C2, 2 e 7 do C3 e 4 do C5, oriundas da população BR-105 $\otimes$ e subpopulação 2 do C2 da população BR-106 $\otimes$, apresentaram médias significativamente superiores à C0. Nestas subpopulações pode ter ocorrido a fixação de alelos desfavoráveis, fazendo com que os efeitos da endogamia causados pela deriva genética e posterior autofecundação não fossem tão pronunciados quanto nas demais subpopulações que apresentaram médias inferiores à C0 (Tabelas 3.3 e 3.4).

Tabela 3.3 – Médias e diferença mínima significativa (DMS) para os caracteres altura de planta (AP), altura de espiga (AE), florescimento masculino (FM), florescimento feminino (FF) e número de ramificações do pendão (NRP), avaliados na população BR-105 original e suas respectivas 10 subpopulações autofecundadas ($\otimes$), nos cinco ciclos de deriva genética

(continua)

Pop/subpop.	AP (cm pl ⁻¹)	AE (cm pl ⁻¹)	FM (dias)	FF (dias)	NRP (n°)
BR-105 _{C0}	197,85	118,81	63,95	65,39	16,80
Ciclo 1					
Subpop. 1	188,13	110,25	61,88	64,00	15,58
Subpop. 2	197,50	115,63	63,38	66,00	20,38
Subpop. 3	187,50	109,25	60,38	62,88	16,10
Subpop. 4	205,13	116,13	63,00	65,13	15,55
Subpop. 5	191,13	108,88	64,25	65,75	15,30
Subpop. 6	203,00	119,88	63,50	64,88	14,53
Subpop. 7	193,75	111,75	62,63	64,25	15,33
Subpop. 8	202,13	118,13	63,13	65,75	16,60
Subpop. 9	183,50	97,00	63,13	65,13	17,13
Subpop. 10	194,00	108,63	62,63	64,00	15,50
$\bar{X}_{C1}$	194,58	111,55	62,79	64,78	16,20
Ciclo 2					
Subpop. 1	189,50	103,75	64,13	64,63	10,88
Subpop. 2	194,88	110,88	63,00	63,63	18,48
Subpop. 3	194,00	117,13	63,63	66,25	15,70
Subpop. 4	204,00	117,50	63,75	66,25	14,53
Subpop. 5	192,25	112,25	63,63	64,75	17,38
Subpop. 6	196,50	115,50	62,88	65,50	16,80
Subpop. 7	199,63	116,13	64,63	66,00	15,98
Subpop. 8	204,25	120,88	63,50	66,00	16,65
Subpop. 9	192,63	111,88	62,50	63,50	19,78
Subpop. 10	194,00	116,00	63,63	65,25	16,00
$\bar{X}_{C2}$	196,16	114,19	63,53	65,18	16,22
Ciclo 3					
Subpop. 1	180,13	101,00	61,38	62,88	16,23
Subpop. 2	192,00	107,25	63,00	64,38	20,08
Subpop. 3	203,13	118,00	63,00	63,88	14,30
Subpop. 4	202,38	119,75	64,63	65,63	17,30
Subpop. 5	191,88	113,38	64,13	67,25	13,78
Subpop. 6	189,63	114,88	63,25	64,75	14,50
Subpop. 7	185,00	104,88	62,50	64,00	20,00
Subpop. 8	200,00	120,63	65,13	67,00	17,25
Subpop. 9	198,75	118,50	64,00	66,38	16,75
Subpop. 10	193,88	112,00	64,75	65,50	11,05
$\bar{X}_{C3}$	193,68	113,03	63,58	65,16	16,12

Tabela 3.3 – Médias e diferença mínima significativa (DMS) para os caracteres altura de planta (AP), altura de espiga (AE), florescimento masculino (FM), florescimento feminino (FF) e número de ramificações do pendão (NRP), avaliados na população BR-105 original e suas respectivas 10 subpopulações autofecundadas (⊗), nos cinco ciclos de deriva genética

(conclusão)					
Pop/subpop.	AP (cm pl ⁻¹)	AE (cm pl ⁻¹)	FM (dias)	FF (dias)	NRP (n°)
Ciclo 4					
Subpop. 1	185,75	106,50	62,00	63,00	16,03
Subpop. 2	193,25	103,13	62,75	64,38	16,23
Subpop. 3	195,75	114,50	61,63	62,50	14,95
Subpop. 4	203,13	123,13	63,38	65,75	17,03
Subpop. 5	178,00	103,50	63,25	65,88	13,08
Subpop. 6	202,00	114,75	63,00	65,63	16,30
Subpop. 7	173,88	101,38	62,25	64,38	13,95
Subpop. 8	185,25	105,50	64,00	67,00	13,70
Subpop. 9	198,25	112,63	63,50	65,38	15,70
Subpop. 10	199,63	114,88	64,63	66,13	11,58
$\bar{X}_{C4}$	191,49	109,99	63,04	65,00	14,85
Ciclo 5					
Subpop. 1	187,13	100,63	63,13	64,00	12,33
Subpop. 2	182,38	101,88	63,25	65,75	15,65
Subpop. 3	197,75	119,25	62,63	64,25	14,75
Subpop. 4	206,88	121,50	64,25	67,25	19,68
Subpop. 5	185,88	105,75	63,50	65,38	13,48
Subpop. 6	189,63	108,88	61,88	63,63	13,53
Subpop. 7	199,00	113,13	63,63	65,00	13,25
Subpop. 8	197,00	114,50	64,00	66,88	16,43
Subpop. 9	194,00	111,75	63,88	67,13	14,75
Subpop. 10	188,63	107,13	64,25	64,38	11,68
$\bar{X}_{C5}$	192,83	110,44	63,44	65,36	14,55
Média geral	194,43	113,00	63,39	65,14	15,79
DMS (5%)	12,10	10,07	1,31	1,74	2,78

Tabela 3.4 – Médias e diferença mínima significativa (DMS) para os caracteres altura de planta (AP), altura de espiga (AE), florescimento masculino (FM), florescimento feminino (FF) e número de ramificações do pendão (NRP), avaliados na população BR-106 original e suas respectivas 10 subpopulações autofecundadas (⊗), nos cinco ciclos de deriva genética

(continua)

Pop/subpop.	AP (cm pl ⁻¹)	AE (cm pl ⁻¹)	FM (dias)	FF (dias)	NRP (n°)
BR-106 _{C0}	209,41	122,54	65,16	67,04	17,31
Ciclo 1					
Subpop. 1	193,63	105,13	66,00	67,38	13,60
Subpop. 2	198,75	112,75	66,25	68,00	17,15
Subpop. 3	190,00	106,50	65,38	66,25	13,95
Subpop. 4	203,25	115,00	65,38	66,88	13,35
Subpop. 5	203,13	113,75	64,13	65,38	17,65
Subpop. 6	200,13	117,88	65,25	67,38	16,30
Subpop. 7	205,63	116,00	67,25	69,00	13,98
Subpop. 8	202,00	111,75	65,38	66,88	18,93
Subpop. 9	183,75	106,00	67,13	69,38	16,80
Subpop. 10	208,75	116,00	65,75	67,00	16,53
$\bar{X}_{C1}$	198,90	112,08	65,79	67,35	15,82
Ciclo 2					
Subpop. 1	198,13	112,13	65,75	67,25	16,33
Subpop. 2	213,50	127,13	68,00	70,75	21,15
Subpop. 3	195,63	113,50	65,88	66,88	14,65
Subpop. 4	208,38	119,00	65,00	69,25	14,90
Subpop. 5	195,00	107,38	63,38	64,00	13,80
Subpop. 6	207,88	121,75	67,25	68,38	15,68
Subpop. 7	207,00	117,38	68,00	70,25	18,08
Subpop. 8	189,38	108,13	63,25	65,13	16,33
Subpop. 9	187,50	103,13	65,50	67,50	17,80
Subpop. 10	206,00	115,00	65,50	66,63	17,70
$\bar{X}_{C2}$	200,84	114,45	65,75	67,60	16,64
Ciclo 3					
Subpop. 1	190,63	103,25	62,38	63,50	16,48
Subpop. 2	197,38	117,75	65,13	66,75	18,43
Subpop. 3	192,25	107,88	65,25	65,13	14,93
Subpop. 4	206,25	110,88	61,75	63,63	12,10
Subpop. 5	207,88	117,38	63,63	64,50	14,60
Subpop. 6	208,75	114,38	63,25	64,00	13,50
Subpop. 7	208,13	117,13	65,00	67,38	16,25
Subpop. 8	187,00	102,88	63,75	64,25	16,30
Subpop. 9	189,63	105,38	62,75	62,88	15,38
Subpop. 10	199,63	105,13	62,75	64,13	16,55
$\bar{X}_{C3}$	198,75	110,20	63,56	64,61	15,45

Tabela 3.4 – Médias e diferença mínima significativa (DMS) para os caracteres altura de planta (AP), altura de espiga (AE), florescimento masculino (FM), florescimento feminino (FF) e número de ramificações do pendão (NRP), avaliados na população BR-106 original e suas respectivas 10 subpopulações autofecundadas (⊗), nos cinco ciclos de deriva genética

(conclusão)					
Pop/subpop.	AP (cm pl ⁻¹)	AE (cm pl ⁻¹)	FM (dias)	FF (dias)	NRP (n°)
Ciclo 4					
Subpop. 1	195,25	110,25	63,13	63,63	13,08
Subpop. 2	196,25	120,63	67,25	68,63	15,50
Subpop. 3	183,13	102,88	64,75	65,25	13,85
Subpop. 4	204,25	114,50	62,38	63,88	11,60
Subpop. 5	206,00	114,88	63,00	63,63	13,15
Subpop. 6	214,75	120,75	64,13	65,38	14,08
Subpop. 7	206,63	117,13	63,63	64,88	19,35
Subpop. 8	197,25	113,63	64,50	65,75	17,10
Subpop. 9	204,25	108,00	62,50	63,13	13,85
Subpop. 10	193,75	108,63	64,00	65,88	18,65
$\bar{X}_{C4}$	200,15	113,13	63,93	65,00	15,02
Ciclo 5					
Subpop. 1	191,75	106,25	62,75	62,88	12,68
Subpop. 2	201,88	117,38	63,75	65,50	17,13
Subpop. 3	178,13	97,25	66,75	67,00	10,15
Subpop. 4	202,00	113,88	63,25	64,25	16,43
Subpop. 5	203,75	118,38	62,88	64,38	13,60
Subpop. 6	201,50	115,88	62,00	64,38	14,90
Subpop. 7	209,38	118,13	65,38	65,88	18,15
Subpop. 8	176,00	99,13	66,00	68,25	17,03
Subpop. 9	203,13	106,25	64,50	65,75	14,48
Subpop. 10	186,13	102,88	65,75	67,00	19,30
$\bar{X}_{C5}$	195,36	109,54	64,30	65,53	15,38
Média geral	200,57	113,65	64,75	66,19	15,94
DMS (5%)	12,63	9,73	1,64	1,80	2,57

Com exceção do caráter NRP da população BR-105, todos os caracteres para as duas populações apresentaram coeficientes de variação (CV%) abaixo de 20,00%, evidenciando uma boa precisão experimental e concordando com as estimativas reportadas na literatura (Tabelas 3.5 e 3.6) (MOREIRA, 1999; CUNHA, 2004; HALLAUER; CARENA; MIRANDA FILHO, 2010; FRITSCHÉ-NETO et al., 2012).

As análises de variância individuais e as análises de variância conjuntas para as duas populações nos níveis de endogamia separados encontram-se nos Anexos W ao AL. Nas análises de variância conjuntas para os dois níveis de endogamia foram detectadas diferenças significativas ($p \leq 0,05$ ou $p \leq 0,01$) para ambientes (A) nas duas populações analisadas,

indicando que houve variação das médias entre os ambientes avaliados. Também foram observadas diferenças significativas para ciclos (C) para todos os caracteres, indicando que houve variação entre os ciclos de deriva genética nas duas populações utilizadas. A interação ciclos x ambientes (C x A) não foi significativa para nenhum caráter em nenhuma das duas populações, mostrando que os ciclos de deriva genética obtiveram performances consistentes nos ambientes avaliados (Tabelas 3.5 e 3.6).

Verificou-se diferenças significativas para endogamia (E) nas duas populações para todos os caracteres, indicando que, como esperado, uma geração de autofecundação afetou as médias dos caracteres (HALLAUER; CARENA; MIRANDA FILHO, 2010). A interação endogamia x ambientes (E x A) não foi significativa para todos os caracteres nas duas populações, com exceção dos caracteres NRP da população BR-105 e AE da população BR-106. Tais resultados indicam que, exceto para esses caracteres, houve consistência entre os níveis de endogamia nos quatro ambientes avaliados (Tabelas 3.5 e 3.6).

A interação ciclos x endogamia (C x E) foi significativa para todos os caracteres da população BR-105, exceto para o caráter NRP, e significativa para os caracteres AP e FF da população BR-106. Esses resultados demonstram que, para esses caracteres, não foi observada uma consistência entre os ciclos e os níveis de endogamia utilizados. A interação ciclos x endogamia x ambientes (C x E x A) foi significativa apenas para os caracteres FM e FF da população BR-105, indicando que, para os demais caracteres, a interação C x E foi consistente nos diferentes ambientes avaliados (Tabelas 3.5 e 3.6).

Observaram-se diferenças significativas para subpopulações dentro de ciclos (S/C) para todos os caracteres nas duas populações avaliadas. Tais resultados indicam que as médias das subpopulações com autofecundação e as médias das subpopulações sem autofecundação diferiram entre si nos ciclos de deriva genética. Nos desdobramentos, observa-se que para S/C0 todos os caracteres nas duas populações não apresentaram diferenças significativas, exceto para o caráter AE da população BR-106. Esperava-se que nenhum caráter apresentasse diferença significativa no C0 (população original), visto que neste ciclo não houve a ocorrência de deriva genética e, assim, a variação entre as subpopulações deveria ser mínima (Tabelas 3.5 e 3.6). Entretanto, o fato da população BR-106 possuir alta magnitude de variabilidade genética pode explicar a existência dessas diferenças para o caráter AE no C0 (SOUZA JR et al., 1993).

Nos demais desdobramentos (S/C1 a S/C5), detectaram-se diferenças significativas para todos os caracteres nas duas populações, indicando que houve diferenças entre as subpopulações dentro de cada um dos cinco ciclos de deriva genética (Tabelas 3.5 e 3.6). O

aumento da variação entre e aumento da uniformidade dentro das subpopulações no decorrer dos ciclos são consequências esperadas da deriva genética (FUTUYMA, 2009). O tamanho efetivo reduzido ao longo dos ciclos faz com que as frequências alélicas das subpopulações flutuem irregularmente, podendo haver perda ou fixação de alelos favoráveis ou desfavoráveis, fazendo com que caminhem progressivamente em direções opostas, levando à diferenciação (WRIGHT, 1931; FALCONER; MACKAY, 1996).

Para a interação subpopulações x ambientes dentro de ciclo ($S \times A / C$) foram observadas diferenças significativas para todos os caracteres apenas para a população BR-105, indicando que, para esta população, a interação $S \times A$ não foi consistente em cada ciclo de deriva avaliado. De forma geral, observa-se que houve maior quantidade de efeitos significativos da interação $S \times A$ dentro dos ciclos 4 e 5 ($SxA/C4$ e $SxA/C5$), visto que esses desdobramentos foram significativos para todos os caracteres. Com exceção de $SxA/C0$, que não apresentou efeitos significativos, os demais desdobramentos ($SxA/C1$ a $SxA/C3$) apresentaram efeitos significativos somente para alguns caracteres. Para a população BR-106, foram detectados efeitos significativos apenas em alguns desdobramentos, para os caracteres AP ($SxA/C4$) e FF ($SxA/C1$ e $SxA/C3$) (Tabelas 3.5 e 3.6).

Foram observadas diferenças significativas para a interação endogamia x subpopulações dentro de ciclo ($E \times S / C$) para todos os caracteres na população BR-105 e para os caracteres FM e FF na BR-106, indicando que, nestes casos, a interação ExS não foi consistente nos ciclos avaliados. Não houve efeitos significativos desta interação para nenhum caráter da população BR-105 nos ciclos 0, 1 e 3 ($ExS/C0$, $ExS/C1$ e $ExS/C3$). No C2 houve efeitos significativos somente para os caracteres FM, FF e NRP, no C4 para os caracteres AP e AE e no C5 para os caracteres AE e FM. Para a população BR-106, o desdobramento da interação ExS não apresentou efeitos significativos nos ciclos 0 a 2 ($ExS/C0$ a $ExS/C2$), enquanto que, nos ciclos restantes, houve efeitos significativos para o caráter FF no C3, AP no C4 e FM e FF no C5. De maneira geral, nas duas populações, os efeitos significativos da interação ExS estiveram mais presentes nos ciclos mais avançados (Tabelas 3.5 e 3.6).

Por fim, observou-se diferenças significativas para a interação endogamia x subpopulações x ambientes dentro de ciclo ($E \times S \times A / C$) apenas para o caráter FM da população BR-106, indicando que, para os demais caracteres, a interação ExS foi consistente nos diferentes ambientes dentro dos ciclos. Em relação aos desdobramentos, houve efeitos significativos na população BR-105 somente para os caracteres AE e FM na interação $ExSxA/C2$ e FF na interação $ExSxA/C4$. Já para a população BR-106 houve efeitos significativos somente para o caráter FM na interação $ExSxA/C2$ (Tabelas 3.5 e 3.6).

Tabela 3.5 – Quadrados médios e respectivas significâncias, médias gerais e coeficientes de variação da análise de variância conjunta para as subpopulações nos dois níveis de endogamia, obtidas da população original BR-105, nos cinco ciclos de deriva, para os caracteres da planta, avaliados nos quatro ambientes

(continua)

Fonte de Variação	GL	Quadrados médios				
		AP	AE	FM	FF	NRP
Rep/Amb (R/A)	4	823,79 ^{ns}	592,53 ^{ns}	49,78**	51,44**	22,99 ^{ns}
Ambientes (A)	3	84.566,74**	63.163,13**	2.257,10**	1.859,58**	1.565,67**
Ciclos (C)	5	3.218,70**	2.722,28**	24,88**	24,12*	176,80**
C x A	15	983,85 ^{ns}	765,86 ^{ns}	9,09 ^{ns}	13,31 ^{ns}	48,02 ^{ns}
(R x C) / A = Res (a)	20	640,78	517,37	5,84	8,65	26,58
Endogamia (E)	1	62.565,10**	16.808,63**	1.502,50**	1.428,38**	1.240,79**
E x A	3	447,32 ^{ns}	145,30 ^{ns}	2,53 ^{ns}	2,97 ^{ns}	301,61**
(R x E) / A = Res (b)	4	246,93	65,90	1,86	2,76	12,14
C x E	5	1.198,31**	489,22*	23,07**	14,06**	24,52 ^{ns}
C x E x A	15	249,24 ^{ns}	173,02 ^{ns}	6,28**	8,16*	8,35 ^{ns}
(R x E x C) / A = Res (c)	20	236,13	160,73	1,97	3,18	12,97
Subpopulações/C (S/C)	54	705,76**	561,87**	9,09**	14,39**	54,24**
S / C0	9	252,05 ^{ns}	198,42 ^{ns}	1,73 ^{ns}	1,54 ^{ns}	4,71 ^{ns}
S / C1	9	610,18**	656,45**	11,45**	9,21**	30,62**
S / C2	9	562,47**	417,00**	8,97**	16,91**	44,33**
S / C3	9	630,83**	446,02**	12,24**	17,20**	101,94**
S / C4	9	1.514,00**	1.053,67**	10,48**	21,34**	58,33**
S / C5	9	665,06**	599,68**	9,69**	20,17**	85,51**
(S x A) / C	162	295,70**	215,29**	3,68**	4,73**	18,92**
SxA / C0	27	238,18 ^{ns}	154,60 ^{ns}	1,76 ^{ns}	1,68 ^{ns}	13,55 ^{ns}
SxA / C1	27	289,41*	212,05**	3,81**	4,83*	14,17 ^{ns}
SxA / C2	27	258,67*	203,04**	2,68 ^{ns}	3,51 ^{ns}	15,60*
SxA / C3	27	289,34*	156,79 ^{ns}	3,27*	4,35 ^{ns}	19,75**
SxA / C4	27	400,56**	322,31**	6,92**	9,18**	18,57**
SxA / C5	27	298,06*	242,95**	3,63*	4,84*	31,86**
(R x S) / C/A = Res (d)	216	164,52	103,66	2,02	3,05	9,57

Tabela 3.5 – Quadrados médios e respectivas significâncias, médias gerais e coeficientes de variação da análise de variância conjunta para as subpopulações nos dois níveis de endogamia, obtidas da população original BR-105, nos cinco ciclos de deriva, para os caracteres da planta, avaliados nos quatro ambientes

(conclusão)

Fonte de Variação	GL	Quadrados médios				
		AP	AE	FM	FF	NRP
(E x S) / C	54	153,38*	116,61*	2,45**	2,43*	10,95*
ExS / C0	9	100,36 ^{ns}	38,98 ^{ns}	2,43 ^{ns}	1,91 ^{ns}	6,27 ^{ns}
ExS / C1	9	168,00 ^{ns}	109,62 ^{ns}	2,38 ^{ns}	2,13 ^{ns}	6,95 ^{ns}
ExS / C2	9	180,07 ^{ns}	91,92 ^{ns}	3,18*	3,78*	32,45**
ExS / C3	9	107,16 ^{ns}	70,03 ^{ns}	1,01 ^{ns}	2,52 ^{ns}	6,05 ^{ns}
ExS / C4	9	214,13*	200,63**	1,38 ^{ns}	2,04 ^{ns}	7,09 ^{ns}
ExS / C5	9	150,54 ^{ns}	188,46**	4,32**	2,21 ^{ns}	6,87 ^{ns}
(E x S x A) / C	162	98,67 ^{ns}	74,56 ^{ns}	1,61 ^{ns}	1,81 ^{ns}	7,11 ^{ns}
ExSxA / C0	27	80,86 ^{ns}	75,55 ^{ns}	1,41 ^{ns}	1,05 ^{ns}	5,86 ^{ns}
ExSxA / C1	27	149,69 ^{ns}	64,14 ^{ns}	1,09 ^{ns}	1,70 ^{ns}	7,65 ^{ns}
ExSxA / C2	27	128,99 ^{ns}	122,01*	2,55**	2,34 ^{ns}	4,83 ^{ns}
ExSxA / C3	27	72,96 ^{ns}	49,31 ^{ns}	2,03 ^{ns}	1,71 ^{ns}	5,83 ^{ns}
ExSxA / C4	27	108,74 ^{ns}	80,87 ^{ns}	1,88 ^{ns}	2,63*	8,78 ^{ns}
ExSxA / C5	27	50,80 ^{ns}	55,48 ^{ns}	0,72 ^{ns}	1,46 ^{ns}	9,72 ^{ns}
(E x S x R) C/A = Res (e)	216	105,92	72,82	1,37	1,64	6,87
CV (%) Res (a)		12,50	19,41	3,89	4,60	30,46
Média geral		202,50	117,18	62,13	63,92	16,93

^{ns}, * e ** não significativo, significativo a 5% e 1% de probabilidade pelo teste *F*, respectivamente; AP (altura de planta, em cm pl⁻¹), AE (altura de espiga, em cm pl⁻¹), FM (florescimento masculino, em dias), FF (florescimento feminino, em dias) e NRP (número de ramificações do pendão).

Tabela 3.6 – Quadrados médios e respectivas significâncias, médias gerais e coeficientes de variação da análise de variância conjunta para as subpopulações nos dois níveis de endogamia, obtidas da população original BR-106, nos cinco ciclos de deriva, para os caracteres da planta, avaliados nos quatro ambientes

(continua)

Fonte de Variação	GL	Quadrados médios				
		AP	AE	FM	FF	NRP
Rep/Amb (R/A)	4	3.187,19**	629,56*	102,66**	105,87**	5,44 ^{ns}
Ambiente (A)	3	111.450,25**	80.472,57**	1.470,72**	892,68**	1.739,96**
Ciclos (C)	5	5.802,92**	3.769,63**	101,27**	176,79**	147,99**
C x A	15	636,28 ^{ns}	371,36 ^{ns}	7,14 ^{ns}	8,10 ^{ns}	12,63 ^{ns}
(R x C) / A = Res (a)	20	371,53	198,57	8,56	11,15	6,48
Endogamia (E)	1	79.679,70**	32.877,00**	1.960,82**	2.059,20**	153,44**
E x A	3	1024,44 ^{ns}	993,63*	7,28 ^{ns}	8,30 ^{ns}	16,02 ^{ns}
(R x E) / A = Res (b)	4	259,33	74,05	7,24	8,25	4,90
C x E	5	648,13*	142,66 ^{ns}	6,74 ^{ns}	12,97*	8,54 ^{ns}
C x E x A	15	159,90 ^{ns}	76,05 ^{ns}	2,68 ^{ns}	4,15 ^{ns}	4,32 ^{ns}
(R x E x C) / A = Res (c)	20	193,34	118,46	3,01	4,68	5,42
Subpopulações/C (S/C)	54	1.351,69**	598,98**	20,84**	27,05**	65,37**
S / C0	9	322,83 ^{ns}	256,02*	0,88 ^{ns}	0,96 ^{ns}	4,53 ^{ns}
S / C1	9	896,40**	372,54**	11,09**	16,93**	45,20**
S / C2	9	1.366,57**	864,09**	41,81**	64,07**	75,79**
S / C3	9	1.548,83**	483,57**	19,24**	19,56**	54,19**
S / C4	9	1.562,39**	645,98**	28,52**	25,70**	86,57**
S / C5	9	2.413,11**	971,69**	23,48**	35,09**	125,93**
(S x A) / C	162	214,13 ^{ns}	99,34 ^{ns}	2,79 ^{ns}	3,45 ^{ns}	7,80 ^{ns}
SxA / C0	27	108,42 ^{ns}	67,67 ^{ns}	1,45 ^{ns}	1,46 ^{ns}	9,67 ^{ns}
SxA / C1	27	192,06 ^{ns}	94,34 ^{ns}	3,24 ^{ns}	5,07*	8,62 ^{ns}
SxA / C2	27	210,05 ^{ns}	100,81 ^{ns}	2,72 ^{ns}	2,82 ^{ns}	7,87 ^{ns}
SxA / C3	27	164,07 ^{ns}	74,06 ^{ns}	4,27 ^{ns}	5,64*	3,88 ^{ns}
SxA / C4	27	409,76**	147,38 ^{ns}	2,54 ^{ns}	3,26 ^{ns}	5,19 ^{ns}
SxA / C5	27	200,42 ^{ns}	111,81 ^{ns}	2,55 ^{ns}	2,45 ^{ns}	11,58 ^{ns}
(R x S) / C/A = Res (d)	216	214,22	116,61	2,98	3,27	7,57

Tabela 3.6 – Quadrados médios e respectivas significâncias, médias gerais e coeficientes de variação da análise de variância conjunta para as subpopulações nos dois níveis de endogamia, obtidas da população original BR-106, nos cinco ciclos de deriva, para os caracteres da planta, avaliados nos quatro ambientes

(conclusão)

Fonte de Variação	GL	Quadrados médios				
		AP	AE	FM	FF	NRP
(E x S) / C	54	123,77 ^{ns}	74,27 ^{ns}	2,60**	2,81**	6,50 ^{ns}
ExS / C0	9	139,03 ^{ns}	90,28 ^{ns}	2,32 ^{ns}	1,39 ^{ns}	7,47 ^{ns}
ExS / C1	9	59,38 ^{ns}	51,68 ^{ns}	0,75 ^{ns}	2,36 ^{ns}	6,34 ^{ns}
ExS / C2	9	71,16 ^{ns}	60,07 ^{ns}	2,81 ^{ns}	1,72 ^{ns}	6,21 ^{ns}
ExS / C3	9	158,69 ^{ns}	81,77 ^{ns}	1,93 ^{ns}	4,06*	7,54 ^{ns}
ExS / C4	9	195,47*	92,36 ^{ns}	2,52 ^{ns}	3,26 ^{ns}	5,79 ^{ns}
ExS / C5	9	118,88 ^{ns}	69,48 ^{ns}	5,28**	4,10*	5,68 ^{ns}
(E x S x A) / C	162	84,84 ^{ns}	48,98 ^{ns}	2,07*	2,08 ^{ns}	4,21 ^{ns}
ExSxA / C0	27	45,24 ^{ns}	31,10 ^{ns}	1,43 ^{ns}	1,27 ^{ns}	3,72 ^{ns}
ExSxA / C1	27	74,19 ^{ns}	39,76 ^{ns}	1,82 ^{ns}	2,18 ^{ns}	3,35 ^{ns}
ExSxA / C2	27	122,90 ^{ns}	72,89 ^{ns}	2,70*	2,27 ^{ns}	3,48 ^{ns}
ExSxA / C3	27	91,82 ^{ns}	45,83 ^{ns}	2,23 ^{ns}	2,22 ^{ns}	4,95 ^{ns}
ExSxA / C4	27	74,42 ^{ns}	52,49 ^{ns}	2,06 ^{ns}	2,34 ^{ns}	4,15 ^{ns}
ExSxA / C5	27	100,47 ^{ns}	51,83 ^{ns}	2,18 ^{ns}	2,19 ^{ns}	5,64 ^{ns}
(E x S x R) C/A = Res (e)	216	96,19	60,99	1,59	1,72	5,20
CV (%) Res (a)		9,19	11,79	4,62	5,16	15,58
Média geral		209,68	119,51	63,32	64,72	16,34

^{ns}, * e ** não significativo, significativo a 5% e 1% de probabilidade pelo teste *F*, respectivamente; AP (altura de planta, em cm pl⁻¹), AE (altura de espiga, em cm pl⁻¹), FM (florescimento masculino, em dias), FF (florescimento feminino, em dias) e NRP (número de ramificações do pendão).

Diante dos resultados, foi possível perceber que a deriva genética causou alterações nas médias das subpopulações em todos os caracteres avaliados, em maior ou menor magnitude, contribuindo mais para diminuir do que para aumentar as médias dos caracteres. O desempenho *per se* das subpopulações ao longo dos ciclos de deriva para todos os caracteres foi afetado pelo tamanho efetivo reduzido da amostra utilizada ($N_E = 5$) e, dependendo da população de origem e do nível de endogamia, os caracteres apresentaram performances diferentes. Foi constatada uma grande variação nas médias das subpopulações dentro de um mesmo ciclo de deriva genética, ao que parece, sem nenhum padrão de performance, sendo atribuída às mudanças aleatórias das frequências alélicas causadas pela deriva genética.

Houve uma tendência das médias das subpopulações se diferenciarem das médias das suas respectivas populações de origem (C0), com maior intensidade para as populações não autofecundadas, em consequência da endogamia causada pela deriva genética induzida pelo

N_E reduzido da amostra. Cada loco que controla um caráter quantitativo teve a sua frequência alterada de um ciclo para o outro, ocasionando variação nas médias dos caracteres. Como a deriva genética é um fenômeno aleatório, espera-se que a frequência alélica média das subpopulações se aproxime da frequência alélica da população de origem e, da mesma forma, a média de um determinado caráter quantitativo nas subpopulações se aproxime do valor do caráter na população de origem (FALCONER; MACKAY, 1996).

Ressalta-se que como a população BR-106 é um composto e possui maior variabilidade genética que a BR-105, esperava-se que a BR-106 fosse sofrer mais com os efeitos da endogamia quando comparada à população BR-105. Entretanto, para as populações não autofecundadas, os caracteres AE, FM, FF e NRP da população BR-105 apresentaram maior número de subpopulações significativamente diferentes da população original em relação à BR-106. Outro aspecto interessante foi a performance dos caracteres FM e FF, em que várias subpopulações da população BR-106 não autofecundada e das populações BR-105 $\otimes$ e BR-106 $\otimes$ foram mais precoces que as respectivas populações originais, ao contrário do que se espera que ocorra com o aumento da homozigose para estes caracteres.

De acordo com Falconer e Mackay (1996), o N_E reduzido causa um aumento na frequência de homozigotos em consequência da endogamia. A depressão por endogamia é obtida pela expressão $2 \sum_i p_i q_i d_i F$, estando, portanto, em função das frequências alélicas (p e q) e dos efeitos de dominância (d). Assim, quanto maiores forem os níveis de dominância dos locos que controlam o caráter, maiores serão as diferenças das subpopulações em relação à média da população de origem (C0) e maior será a quantidade de subpopulações com média inferior à população original.

Rezende (1997) estudou a contribuição dos efeitos aditivos e de dominância para as populações BR-105 e BR-106. O autor observou que, para os caracteres AP e AE, houve uma contribuição semelhante dos dois efeitos, com predominância dos efeitos aditivos. Da mesma forma, vários autores reportaram que, para os caracteres FM, FF e NRP, os efeitos aditivos também são mais importantes que os de dominância (SOARES FILHO, 1987; AGUIAR, 2003; SILVA et al., 2004; HALLAUER; CARENA; MIRANDA FILHO, 2010). Apesar disso, para o caráter NRP da população BR-105 não autofecundada, foram observadas reduções expressivas nas médias das subpopulações nos dois níveis de endogamia, porém não significativas, sugerindo que possivelmente os efeitos de dominância também são importantes para a expressão do caráter, corroborando com os resultados encontrados por Paterniani (1995).

3.2.2.2 Estimativas dos efeitos da deriva genética

Para o caráter AP da população BR-105 não autofecundada, as estimativas médias acumuladas em relação à população original (C0) foram significativas ($p \leq 0,05$ ou $p \leq 0,01$) para os ciclos 4 e 5 ($C_4 - C_0$ e $C_5 - C_0$), com -17,30 e -19,40 cm pl⁻¹, respectivamente. A subpopulação 3 no C2 apresentou estimativa positiva, indicando que sua média foi superior à C0. A subpopulação 7 apresentou a estimativa de maior magnitude no C5 (-32,63 cm pl⁻¹), sendo significativa desde o ciclo 3, enquanto que a subpopulação 1 apresentou estimativas significativas em todos os ciclos. Já para a população BR-106, as estimativas médias foram significativas nos ciclos 3 a 5, com valores de -16,53, -18,75 e -20,19 cm pl⁻¹. A subpopulação 3 apresentou a estimativa de maior magnitude no C5 e significativa em todos os ciclos (Tabelas 3.7 e 3.8).

As populações BR-105 e BR-106 não autofecundadas apresentaram performances similares, de forma que a quantidade de subpopulações com estimativas negativas de deriva genética aumentou do primeiro para o último ciclo, com maior magnitude para a população BR-106. Isso significa que, de maneira geral, a deriva genética contribuiu para a queda da altura das plantas, ressaltando que o valor negativo da estimativa indica que a média da subpopulação foi inferior à da população original (C0). Houve uma grande variação nas estimativas acumuladas das subpopulações ao longo dos ciclos, comprovando que a deriva genética é um processo aleatório e causa diferenciação entre as subpopulações (FALCONER; MACKAY, 1996).

Moreira (1999), estudando as mesmas populações em apenas dois ciclos de deriva genética, encontrou estimativas para o caráter AP muito inferiores às relatadas neste trabalho. Rezende (1997), analisando o efeito da redução da heterozigose devido à deriva genética nas populações BR-105 e BR-106, reportou valores negativos em ambas as populações, correspondendo a -8,18 cm pl⁻¹ na BR-105 e -4,22 cm pl⁻¹ na BR-106. Outros autores, estudando diversas populações de milho sob seleção recorrente, obtiveram estimativas que variaram de 0 a -3,09 cm pl⁻¹ (SMITH, 1983; EYHERABIDE; HALLAUER, 1991; KEERATINJAKAL; LAMKEY, 1993; CEPEDA et al., 2000). Deve-se ressaltar que estas estimativas de deriva genética foram influenciadas pela seleção, visto que a amostra não é aleatória, mas sim selecionada.

Para o caráter AE da população BR-105, as estimativas médias foram significativas para os ciclos 3, 4 e 5, com valores de -9,30, -14,24 e -15,43 cm pl⁻¹, respectivamente. As subpopulações 3 e 4 dos ciclos 2 e 4, respectivamente, apresentaram estimativas positivas. A

subpopulação 7 apresentou a maior estimativa acumulada de deriva no C5, de $-26,49 \text{ cm pl}^{-1}$ e significativa desde o C3. A subpopulação 1 foi a mais sensível aos efeitos da deriva, já que foi significativa em todos os ciclos, assim como ocorreu para o caráter AP. Para a população BR-106, as médias foram significativas para C1, C3, C4 e C5, com valores de $-9,16$, $-12,64$, $-10,96$ e $-12,80 \text{ cm pl}^{-1}$, respectivamente, e a subpopulação 10 apresentou a maior estimativa acumulada no C5, de $-23,76 \text{ cm pl}^{-1}$. Foi observado também que a subpopulação 4 no C2 apresentou estimativa positiva e a subpopulação 9 foi significativa em todos os ciclos, sendo a mais sensível aos efeitos da deriva genética (Tabelas 3.7 e 3.8).

Houve uma maior quantidade de estimativas significativas para o caráter AE em relação ao caráter AP, sendo que a população BR-106, como esperado, foi mais sensível aos efeitos da deriva genética do que a população BR-105. Para as duas populações, assim como ocorreu para o caráter AP, a quantidade de estimativas negativas foi maior nos ciclos mais avançados, indicando diminuição na altura de espiga das subpopulações em relação à C0. Algumas subpopulações apresentaram estimativas positivas em um ciclo seguido de estimativas negativas no ciclo seguinte, indicando que a deriva genética contribuiu para a fixação de alelos favoráveis ou desfavoráveis de forma aleatória. Moreira (1999) e Rezende (1997) obtiveram estimativas de deriva genética muito inferiores às relatadas neste estudo, assim como ocorreu para o caráter AP. Outros autores reportaram estimativas de deriva genética em programas de seleção recorrente em diferentes populações de milho, variando de $0,38$ a $-2,28 \text{ cm pl}^{-1}$, ressaltando que esses valores estão influenciados pela seleção (SMITH, 1983; EYHERABIDE; HALLAUER, 1991; KEERATINIJAKAL; LAMKEY, 1993).

Em relação ao caráter FM, observou-se que as médias das estimativas foram significativas somente para os dois últimos ciclos da população BR-105, com valores de $1,31$ dias no C4 e de $2,10$ dias no C5, indicando que as estimativas significativas estiveram mais presentes nos ciclos finais. A estimativa acumulada de maior magnitude foi para a subpopulação 7 no C5 ($3,28$ dias) e a mais sensível aos efeitos da deriva foi a subpopulação 5, já que foi significativa em todos os ciclos. Para a população BR-106, as estimativas de deriva genética estiveram presentes em menor quantidade e magnitude do que na população BR-105. Observou-se que, ao contrário do que ocorreu para a população BR-105, a maioria das subpopulações apresentaram estimativas negativas, indicando que floresceram antes que a população original. Deve-se chamar atenção para a subpopulação 9, na qual houve variação na magnitude e direção das estimativas do ciclo 1 ($1,84$ dias) para o ciclo 2 ($1,59$) e para o ciclo 4 ($-1,66$ dias) (Tabelas 3.7 e 3.8).

Tabela 3.7 – Estimativas acumuladas de deriva genética através dos contrastes entre as médias das 10 subpopulações não autofecundadas e a média da população BR-105 original (C_0), nos cinco ciclos de deriva (C_1 a C_5), para os caracteres altura de planta (AP), altura de espiga (AE) e florescimento masculino (FM)

Subpopulação	AP (cm pl ⁻¹)				
	$C_1 - C_0$	$C_2 - C_0$	$C_3 - C_0$	$C_4 - C_0$	$C_5 - C_0$
1	-22,75**	-14,00*	-23,88**	-20,00**	-22,13**
2	-8,75 ^{ns}	-18,88**	-19,13**	-13,38*	-19,38**
3	-11,88*	12,50*	-4,00 ^{ns}	-21,50**	-6,63 ^{ns}
4	0,13 ^{ns}	6,00 ^{ns}	2,63 ^{ns}	8,13 ^{ns}	0,75 ^{ns}
5	-12,25*	-0,88 ^{ns}	-12,50*	-31,63**	-27,25**
6	5,88 ^{ns}	-0,63 ^{ns}	-4,38 ^{ns}	-0,50 ^{ns}	-25,75**
7	-4,88 ^{ns}	-3,13 ^{ns}	-20,63**	-37,13**	-32,63**
8	-11,50*	-5,13 ^{ns}	-13,00*	-22,63**	-21,13**
9	-20,75**	-18,63**	-13,63*	-9,25 ^{ns}	-22,00**
10	-0,25 ^{ns}	-13,38*	0,63 ^{ns}	-25,13**	-17,88**
Média	-8,70 ^{ns}	-5,61 ^{ns}	-10,79 ^{ns}	-17,30**	-19,40**

Subpopulação	AE (cm pl ⁻¹)				
	$C_1 - C_0$	$C_2 - C_0$	$C_3 - C_0$	$C_4 - C_0$	$C_5 - C_0$
1	-19,99**	-9,61*	-18,11**	-15,24**	-20,74**
2	-4,99 ^{ns}	-15,11**	-23,99**	-21,86**	-22,74**
3	-8,99*	11,14*	-4,49 ^{ns}	-15,36**	-2,61 ^{ns}
4	4,89 ^{ns}	4,89 ^{ns}	-1,61 ^{ns}	8,89*	2,26 ^{ns}
5	-11,24*	-0,99 ^{ns}	-5,11 ^{ns}	-22,74**	-13,74**
6	7,26 ^{ns}	-3,74 ^{ns}	-3,11 ^{ns}	-0,24 ^{ns}	-18,61**
7	-2,61 ^{ns}	-6,11 ^{ns}	-16,99**	-28,86**	-26,49**
8	-9,86*	1,01 ^{ns}	-1,86 ^{ns}	-19,61**	-18,36**
9	-21,86**	-20,24**	-12,49**	-6,99 ^{ns}	-17,86**
10	-3,99 ^{ns}	-17,36**	-5,24 ^{ns}	-20,36**	-15,36**
Média	-7,14 ^{ns}	-5,61 ^{ns}	-9,30*	-14,24**	-15,43**

Subpopulação	FM (dias)				
	$C_1 - C_0$	$C_2 - C_0$	$C_3 - C_0$	$C_4 - C_0$	$C_5 - C_0$
1	-0,48 ^{ns}	-0,23 ^{ns}	-0,10 ^{ns}	0,40 ^{ns}	2,53**
2	0,40 ^{ns}	0,40 ^{ns}	-0,23 ^{ns}	-0,10 ^{ns}	2,40**
3	-0,73 ^{ns}	1,40*	1,65*	0,15 ^{ns}	0,90 ^{ns}
4	1,15 ^{ns}	2,03**	2,28**	1,53*	3,03**
5	1,53*	1,65*	1,65*	1,78**	2,90**
6	2,28**	0,65 ^{ns}	1,28 ^{ns}	0,90 ^{ns}	0,15 ^{ns}
7	0,02 ^{ns}	1,15 ^{ns}	0,02 ^{ns}	1,28 ^{ns}	3,28**
8	0,15 ^{ns}	2,53**	2,40**	2,78**	2,03**
9	0,40 ^{ns}	-0,35 ^{ns}	1,03 ^{ns}	0,90 ^{ns}	2,40**
10	0,65 ^{ns}	0,40 ^{ns}	2,90**	3,53**	1,40*
Média	0,54 ^{ns}	0,96 ^{ns}	1,29 ^{ns}	1,31*	2,10**

^{ns}, * e ** não significativo, significativo a 5% e 1% de probabilidade pelo teste *t*, respectivamente.

Tabela 3.8 – Estimativas acumuladas de deriva genética através dos contrastes entre as médias das 10 subpopulações não autofecundadas e a média da população BR-106 original (C_0), nos cinco ciclos de deriva (C_1 a C_5), para os caracteres altura de planta (AP), altura de espiga (AE) e florescimento masculino (FM)

Subpopulação	AP (cm pl ⁻¹)				
	$C_1 - C_0$	$C_2 - C_0$	$C_3 - C_0$	$C_4 - C_0$	$C_5 - C_0$
1	-18,38**	-4,50 ^{ns}	-23,25**	-18,25**	-22,13**
2	-6,13 ^{ns}	-1,50 ^{ns}	-26,00**	-19,75**	-24,38**
3	-15,38*	-19,88**	-32,25**	-45,25**	-40,13**
4	-13,88*	4,13 ^{ns}	-7,63 ^{ns}	-12,00 ^{ns}	-15,50*
5	-11,25 ^{ns}	-16,50**	-0,88 ^{ns}	-14,50*	-3,75 ^{ns}
6	-8,75 ^{ns}	-0,25 ^{ns}	-11,25 ^{ns}	-12,50*	-19,00**
7	-6,63 ^{ns}	0,38 ^{ns}	-1,13 ^{ns}	-2,38 ^{ns}	0,01 ^{ns}
8	-10,75 ^{ns}	-19,75**	-22,25**	-31,38**	-37,63**
9	-29,13**	-21,00**	-31,00**	-12,25*	-9,63 ^{ns}
10	-0,88 ^{ns}	-0,50 ^{ns}	-9,63 ^{ns}	-19,25**	-29,75**
Média	-12,11 ^{ns}	-7,94 ^{ns}	-16,53**	-18,75**	-20,19**

Subpopulação	AE (cm pl ⁻¹)				
	$C_1 - C_0$	$C_2 - C_0$	$C_3 - C_0$	$C_4 - C_0$	$C_5 - C_0$
1	-16,01**	-7,14 ^{ns}	-16,89**	-11,39*	-12,01**
2	-5,64 ^{ns}	4,74 ^{ns}	-15,01**	0,61 ^{ns}	-11,51*
3	-7,26 ^{ns}	-3,26 ^{ns}	-18,51**	-23,64**	-22,64**
4	-8,26 ^{ns}	9,61*	-12,01**	-5,64 ^{ns}	-6,51 ^{ns}
5	-8,76 ^{ns}	-12,64**	-3,26 ^{ns}	-5,76 ^{ns}	-3,76 ^{ns}
6	-2,51 ^{ns}	0,99 ^{ns}	-6,39 ^{ns}	-6,64 ^{ns}	-12,89**
7	-5,64 ^{ns}	0,36 ^{ns}	-6,51 ^{ns}	-6,51 ^{ns}	-0,26 ^{ns}
8	-8,89 ^{ns}	-12,76**	-19,64**	-22,01**	-21,51**
9	-21,76**	-13,64**	-17,89**	-13,39**	-13,14**
10	-6,89 ^{ns}	-7,39 ^{ns}	-10,26*	-15,26**	-23,76**
Média	-9,16*	-4,11 ^{ns}	-12,64**	-10,96*	-12,80**

Subpopulação	FM (dias)				
	$C_1 - C_0$	$C_2 - C_0$	$C_3 - C_0$	$C_4 - C_0$	$C_5 - C_0$
1	1,09 ^{ns}	1,09 ^{ns}	-1,66*	-1,91**	-1,41*
2	0,34 ^{ns}	1,96**	-0,41 ^{ns}	1,84**	1,34 ^{ns}
3	0,21 ^{ns}	0,34 ^{ns}	0,96 ^{ns}	1,46*	0,46 ^{ns}
4	0,34 ^{ns}	0,84 ^{ns}	-2,41**	-1,91**	-1,29 ^{ns}
5	-0,41 ^{ns}	-1,66*	-0,91 ^{ns}	-0,54 ^{ns}	-0,66 ^{ns}
6	0,21 ^{ns}	0,96 ^{ns}	-0,54 ^{ns}	-1,66*	-0,66 ^{ns}
7	1,71*	4,09**	0,34 ^{ns}	-0,79 ^{ns}	0,59 ^{ns}
8	-0,29 ^{ns}	-1,66*	-2,04**	0,21 ^{ns}	0,84 ^{ns}
9	1,84**	1,59*	-0,91 ^{ns}	-1,66*	0,09 ^{ns}
10	-0,04 ^{ns}	0,96 ^{ns}	-1,79*	-1,04 ^{ns}	1,21 ^{ns}
Média	0,50 ^{ns}	0,85 ^{ns}	-0,94 ^{ns}	-0,60 ^{ns}	0,05 ^{ns}

^{ns}, * e ** não significativo, significativo a 5% e 1% de probabilidade pelo teste *t*, respectivamente.

Considerando o caráter FF da população BR-105, assim como para o caráter FM, todas as estimativas foram positivas e se concentraram mais nos dois últimos ciclos. O efeito médio foi significativo para os ciclos 4 e 5, com 1,41 e 1,88 dias, respectivamente, contribuindo para um florescimento mais tardio em relação à população original. A subpopulação 9 apresentou a maior estimativa acumulada no C5 (3,39 dias) e as subpopulações 4 e 8 foram as mais sensíveis aos efeitos da deriva, sendo significativas em todos os ciclos, exceto no C1. Já a população BR-106 apresentou estimativas em menor quantidade e magnitude, assim como para o caráter FM, sendo que a média das subpopulações foi significativa apenas para o C3 (-1,54 dias). Observou-se também que a maioria das subpopulações apresentaram médias negativas, indicando que, de forma geral, estas foram mais precoces que a população original, ao contrário do que ocorreu para a população BR-105 (Tabelas 3.9 e 3.10). Cepeda et al. (2000) reportaram que as estimativas de deriva genética obtidas para o caráter FF em uma população de milho submetida a seleção recorrente foram de baixa magnitude e não limitaram o melhoramento genético desse caráter.

Para o caráter NRP, a população BR-105 apresentou estimativas de maior magnitude do que a população BR-106. Estas estimativas se concentraram mais nos últimos dois ciclos, sendo que o efeito médio foi significativo somente para os ciclos 4 (-3,69 dias) e 5 (-3,76 dias). A estimativa acumulada de maior magnitude no C5 foi para a subpopulação 10 (-7,63 dias), que também foi significativa nos demais ciclos, indicando que esta subpopulação foi a mais sensível aos efeitos da deriva genética. A subpopulação 2 apresentou estimativas positivas nos ciclos 2 e 3, indicando que, nestes casos, as médias foram superiores às da população original. Para a população BR-106, o efeito médio foi significativo somente para o ciclo 4 e a estimativa acumulada de maior magnitude no C5 foi para a subpopulação 3 (-6,35), significativa desde o C2. As subpopulações 2 e 9 do C2 e 10 do C5 apresentaram estimativas positivas, indicando que houve um aumento das médias em relação à população original (Tabelas 3.9 e 3.10).

Tabela 3.9 – Estimativas acumuladas de deriva genética através dos contrastes entre as médias das 10 subpopulações não autofecundadas e a média da população BR-105 original (C_0), nos cinco ciclos de deriva (C_1 a C_5), para os caracteres florescimento feminino (FF) e número de ramificações do pendão (NRP)

Subpopulação	FF (dias)				
	$C_1 - C_0$	$C_2 - C_0$	$C_3 - C_0$	$C_4 - C_0$	$C_5 - C_0$
1	-0,86 ^{ns}	-0,86 ^{ns}	-0,49 ^{ns}	-0,74 ^{ns}	1,01 ^{ns}
2	1,01 ^{ns}	0,01 ^{ns}	-0,61 ^{ns}	0,76 ^{ns}	2,89**
3	-0,36 ^{ns}	2,51**	0,89 ^{ns}	-0,24 ^{ns}	0,76 ^{ns}
4	0,64 ^{ns}	2,01**	2,76**	2,14**	2,64**
5	1,01 ^{ns}	1,89**	1,89**	1,51*	2,01**
6	1,39*	0,89 ^{ns}	0,76 ^{ns}	1,14 ^{ns}	0,51 ^{ns}
7	-0,36 ^{ns}	1,14 ^{ns}	0,14 ^{ns}	1,64*	2,51**
8	0,51 ^{ns}	2,39**	2,89**	3,14**	2,51**
9	0,76 ^{ns}	0,26 ^{ns}	1,26 ^{ns}	0,39 ^{ns}	3,39**
10	-0,24 ^{ns}	0,26 ^{ns}	1,64*	4,39**	0,51 ^{ns}
Média	0,35 ^{ns}	1,05 ^{ns}	1,11	1,41*	1,88**

Subpopulação	NRP (nº)				
	$C_1 - C_0$	$C_2 - C_0$	$C_3 - C_0$	$C_4 - C_0$	$C_5 - C_0$
1	-0,25 ^{ns}	-2,85 ^{ns}	-1,88 ^{ns}	-3,88**	-6,43**
2	2,50 ^{ns}	3,98**	4,65**	-2,18 ^{ns}	-0,43 ^{ns}
3	0,27 ^{ns}	0,72 ^{ns}	-1,65 ^{ns}	-3,10*	-1,20 ^{ns}
4	-1,83 ^{ns}	-0,83 ^{ns}	-1,55 ^{ns}	0,30 ^{ns}	-0,53 ^{ns}
5	-1,55 ^{ns}	-2,45 ^{ns}	-4,80**	-5,90**	-6,30**
6	-3,30*	0,15 ^{ns}	-4,15**	-2,75 ^{ns}	-2,85 ^{ns}
7	-4,53**	-1,70 ^{ns}	1,23 ^{ns}	-5,28**	-6,15**
8	-1,78 ^{ns}	-1,93 ^{ns}	-0,90 ^{ns}	-3,38*	-3,30*
9	-0,93 ^{ns}	0,80 ^{ns}	-1,68 ^{ns}	-0,95 ^{ns}	-2,83 ^{ns}
10	-3,93**	-4,33**	-7,20**	-9,83**	-7,63**
Média	-1,53 ^{ns}	-0,84 ^{ns}	-1,79 ^{ns}	-3,69*	-3,76*

^{ns}, * e ** não significativo, significativo a 5% e 1% de probabilidade pelo teste t , respectivamente.

Tabela 3.10 – Estimativas acumuladas de deriva genética através dos contrastes entre as médias das 10 subpopulações não autofecundadas e a média da população BR-106 original (C_0), nos cinco ciclos de deriva (C_1 a C_5), para os caracteres florescimento feminino (FF) e número de ramificações do pendão (NRP)

Subpopulação	FF (dias)				
	$C_1 - C_0$	$C_2 - C_0$	$C_3 - C_0$	$C_4 - C_0$	$C_5 - C_0$
1	0,69 ^{ns}	0,44 ^{ns}	-2,56**	-2,69**	-2,56**
2	0,69 ^{ns}	3,19**	-0,81 ^{ns}	1,31 ^{ns}	1,81**
3	-0,06 ^{ns}	-0,06 ^{ns}	-0,56 ^{ns}	-0,44 ^{ns}	-0,06 ^{ns}
4	-0,06 ^{ns}	1,69*	-2,31**	-1,06 ^{ns}	-2,56**
5	-1,31 ^{ns}	-1,94**	-2,19**	-1,31 ^{ns}	-1,56*
6	-0,44 ^{ns}	0,81 ^{ns}	-0,44 ^{ns}	-1,31 ^{ns}	-0,69 ^{ns}
7	2,44**	3,94**	-0,06 ^{ns}	-1,06 ^{ns}	0,19 ^{ns}
8	-0,44 ^{ns}	-2,06**	-2,31**	-0,31 ^{ns}	1,31 ^{ns}
9	0,44 ^{ns}	1,19 ^{ns}	-1,94**	-1,44*	-0,44 ^{ns}
10	0,19 ^{ns}	0,69 ^{ns}	-2,19**	-0,94 ^{ns}	0,94 ^{ns}
Média	0,21 ^{ns}	0,79 ^{ns}	-1,54*	-0,93 ^{ns}	-0,36 ^{ns}

Subpopulação	NRP (n°)				
	$C_1 - C_0$	$C_2 - C_0$	$C_3 - C_0$	$C_4 - C_0$	$C_5 - C_0$
1	-1,95 ^{ns}	1,83 ^{ns}	-1,55 ^{ns}	-3,08*	-6,30**
2	-1,48 ^{ns}	2,60*	0,55 ^{ns}	-1,70 ^{ns}	-2,25 ^{ns}
3	-2,38 ^{ns}	-2,90*	-2,70*	-4,58**	-6,35**
4	-4,53**	-3,23*	-4,20**	-6,10**	-2,18 ^{ns}
5	0,88 ^{ns}	-2,85*	-3,58**	-3,75**	-4,28**
6	-3,08*	-0,78 ^{ns}	-2,70*	-4,33**	-3,15*
7	-1,93 ^{ns}	1,98 ^{ns}	2,05 ^{ns}	-0,33 ^{ns}	1,65 ^{ns}
8	0,47 ^{ns}	-0,38 ^{ns}	-0,85 ^{ns}	-1,13 ^{ns}	-0,75 ^{ns}
9	-1,00 ^{ns}	2,55*	0,00 ^{ns}	-1,70 ^{ns}	-1,30 ^{ns}
10	-0,48 ^{ns}	1,75 ^{ns}	1,35 ^{ns}	1,30 ^{ns}	2,53*
Média	-1,55 ^{ns}	0,06 ^{ns}	-1,16 ^{ns}	-2,54*	-2,24 ^{ns}

^{ns}, * e ** não significativo, significativo a 5% e 1% de probabilidade pelo teste *t*, respectivamente.

Os efeitos médios da deriva entre os ciclos não foram significativos ($p \leq 0,05$ ou $p \leq 0,01$) para o caráter AP em nenhuma das populações avaliadas. A população BR-105 apresentou dezenove estimativas significativas, sendo quatro positivas e quinze negativas, enquanto que, na população BR-106, das treze estimativas significativas, quatro foram positivas e nove negativas. De modo geral, os efeitos da deriva genética provocaram a diminuição das médias das subpopulações de um ciclo para o outro, com maior intensidade na população BR-105, diferentemente dos resultados encontrados por Moreira (1999). Para as duas populações, de maneira geral, as estimativas ficaram distribuídas ao longo de todos os ciclos, com exceção da população BR-106, entre os ciclos 4 e 5 ($C_5 - C_4$), que não apresentou estimativas significativas. As subpopulações 3, 5 e 10 da população BR-105 e 1, 4, 5 e 10 da

população BR-106 apresentaram variações na direção das estimativas, passando de positivas para negativas, de um ciclo para o outro, e vice-versa. A deriva genética é um fenômeno aleatório que não pode ser predito e faz com que as subpopulações flutuem irregularmente ao longo dos ciclos (Tabelas 3.11 e 3.12).

O caráter AE da população BR-105 apresentou maior quantidade de estimativas positivas que o caráter AP da mesma população. No total, vinte e cinco estimativas foram significativas, dentre as quais dezessete foram negativas e oito positivas. Dentre estas, destacam-se as subpopulações 1, 3, 5, 8 e 10, nas quais o efeito da deriva genética variou em direção e magnitude entre os ciclos avaliados. A população BR-106, apesar de possuir efeito médio significativo entre a população original e o primeiro ciclo ($C_1 - C_0$), apresentou um número muito menor de estimativas significativas que a população BR-105, onze no total, dentre as quais sete foram negativas e quatro positivas. Assim como para a população BR-105, algumas subpopulações (2 e 4) apresentaram variações de direção e magnitude das estimativas ao longo dos ciclos. Nota-se que a população BR-105 foi mais afetada do que a BR-106 e, de maneira geral, a deriva genética contribuiu mais para a diminuição da altura das espigas das subpopulações, resultado inverso ao reportado por Moreira (1999) (Tabelas 3.11 e 3.12).

Para o caráter FM da população BR-105, não foram detectados efeitos médios entre os ciclos. Entretanto, foram observadas quatorze estimativas significativas para as subpopulações, sendo onze positivas e três negativas. As subpopulações 3, 6 e 10 apresentaram variações aleatórias nos sinais das estimativas entre os ciclos. Para a população BR-106, foi observado efeito médio significativo entre os ciclos 2 e 3 ($C_3 - C_2$), sendo que as sete estimativas significativas presentes entre estes dois ciclos foram negativas, ao contrário das demais, que foram positivas. As subpopulações 2, 7, 9 e 10 foram as que mais apresentaram variações nos sinais das estimativas. Para este caráter, a população BR-106 foi levemente mais afetada pelos efeitos da deriva genética de um ciclo para o outro em relação à população BR-105, pois apresentou maior quantidade de estimativas significativas e maior variação de sinal entre estas (Tabelas 3.11 e 3.12).

Tabela 3.11 – Estimativas de deriva genética entre os ciclos de deriva através dos contrastes entre as médias das 10 subpopulações não autofecundadas derivadas da população BR-105 em um determinado ciclo (C_n), em relação às médias das respectivas subpopulações nos demais ciclos (C_1 a C_5), para os caracteres altura de planta (AP), altura de espiga (AE) e florescimento masculino (FM)

Subpopulação	AP (cm pl ⁻¹)				
	$C_1 - C_0$	$C_2 - C_1$	$C_3 - C_2$	$C_4 - C_3$	$C_5 - C_4$
1	-22,75**	8,75 ^{ns}	-9,88 ^{ns}	3,88 ^{ns}	-2,13 ^{ns}
2	-8,75 ^{ns}	-10,13 ^{ns}	-0,25 ^{ns}	5,75 ^{ns}	-6,00 ^{ns}
3	-11,88*	24,38**	-16,50**	-17,50**	14,88**
4	0,13 ^{ns}	5,88 ^{ns}	-3,38 ^{ns}	5,50 ^{ns}	-7,38 ^{ns}
5	-12,25*	11,38*	-11,63*	-19,13**	4,38 ^{ns}
6	5,88 ^{ns}	-6,50 ^{ns}	-3,75 ^{ns}	3,88 ^{ns}	-25,25**
7	-4,88 ^{ns}	1,75 ^{ns}	-17,50**	-16,50**	4,50 ^{ns}
8	-11,50*	6,38 ^{ns}	-7,88 ^{ns}	-9,63 ^{ns}	1,50 ^{ns}
9	-20,75**	2,13 ^{ns}	5,00 ^{ns}	4,38 ^{ns}	-12,75*
10	-0,25 ^{ns}	-13,13*	14,00*	-25,75**	7,25 ^{ns}
Média	-8,70 ^{ns}	3,09 ^{ns}	-5,18 ^{ns}	-6,51 ^{ns}	-2,10 ^{ns}

Subpopulação	AE (cm pl ⁻¹)				
	$C_1 - C_0$	$C_2 - C_1$	$C_3 - C_2$	$C_4 - C_3$	$C_5 - C_4$
1	-19,99**	10,38*	-8,50 ^{ns}	2,88 ^{ns}	-5,50 ^{ns}
2	-4,99 ^{ns}	-10,13*	-8,88*	2,13 ^{ns}	-0,88 ^{ns}
3	-8,99*	20,13**	-15,63**	-10,88*	12,75**
4	4,89 ^{ns}	0,00 ^{ns}	-6,50 ^{ns}	10,50*	-6,63 ^{ns}
5	-11,24*	10,25*	-4,13 ^{ns}	-17,63**	9,00*
6	7,26 ^{ns}	-11,00*	0,63 ^{ns}	2,88 ^{ns}	-18,38**
7	-2,61 ^{ns}	-3,50 ^{ns}	-10,88*	-11,88**	2,38 ^{ns}
8	-9,86*	10,88*	-2,88 ^{ns}	-17,75**	1,25 ^{ns}
9	-21,86**	1,63 ^{ns}	7,75 ^{ns}	5,50 ^{ns}	-10,88*
10	-3,99 ^{ns}	-13,38**	12,13**	-15,13**	5,00 ^{ns}
Média	-7,14 ^{ns}	1,53 ^{ns}	-3,69 ^{ns}	-4,94 ^{ns}	-1,19 ^{ns}

Subpopulação	FM (dias)				
	$C_1 - C_0$	$C_2 - C_1$	$C_3 - C_2$	$C_4 - C_3$	$C_5 - C_4$
1	-0,48 ^{ns}	0,25 ^{ns}	0,13 ^{ns}	0,50 ^{ns}	2,13**
2	0,40 ^{ns}	0,00 ^{ns}	-0,63 ^{ns}	0,13 ^{ns}	2,50**
3	-0,73 ^{ns}	2,13**	0,25 ^{ns}	-1,50*	0,75 ^{ns}
4	1,15 ^{ns}	0,88 ^{ns}	0,25 ^{ns}	-0,75 ^{ns}	1,50*
5	1,53*	0,13 ^{ns}	0,00 ^{ns}	0,13 ^{ns}	1,13 ^{ns}
6	2,28**	-1,63*	0,63 ^{ns}	-0,38 ^{ns}	-0,75 ^{ns}
7	0,02 ^{ns}	1,13 ^{ns}	-1,13 ^{ns}	1,25 ^{ns}	2,00**
8	0,15 ^{ns}	2,38**	-0,13 ^{ns}	0,38 ^{ns}	-0,75 ^{ns}
9	0,40 ^{ns}	-0,75 ^{ns}	1,38*	-0,13 ^{ns}	1,50*
10	0,65 ^{ns}	-0,25 ^{ns}	2,50**	0,63 ^{ns}	-2,13**
Média	0,54 ^{ns}	0,43 ^{ns}	0,33 ^{ns}	0,03 ^{ns}	0,79 ^{ns}

^{ns}, * e ** não significativo, significativo a 5% e 1% de probabilidade pelo teste *t*, respectivamente.

Tabela 3.12 – Estimativas de deriva genética entre os ciclos de deriva através dos contrastes entre as médias das 10 subpopulações não autofecundadas derivadas da população BR-106 em um determinado ciclo (C_n), em relação às médias das respectivas subpopulações nos demais ciclos (C_1 a C_5), para os caracteres altura de planta (AP), altura de espiga (AE) e florescimento masculino (FM)

Subpopulação	AP (cm pl ⁻¹)				
	$C_1 - C_0$	$C_2 - C_1$	$C_3 - C_2$	$C_4 - C_3$	$C_5 - C_4$
1	-18,38**	13,88*	-18,75**	5,00 ^{ns}	-3,88 ^{ns}
2	-6,13 ^{ns}	4,63 ^{ns}	-24,50**	6,25 ^{ns}	-4,63 ^{ns}
3	-15,38*	-4,50 ^{ns}	-12,38*	-13,00*	5,13 ^{ns}
4	-13,88*	18,00**	-11,75 ^{ns}	-4,38 ^{ns}	-3,50 ^{ns}
5	-11,25 ^{ns}	-5,25 ^{ns}	15,63*	-13,63*	10,75 ^{ns}
6	-8,75 ^{ns}	8,50 ^{ns}	-11,00 ^{ns}	-1,25 ^{ns}	-6,50 ^{ns}
7	-6,63 ^{ns}	7,00 ^{ns}	-1,50 ^{ns}	-1,25 ^{ns}	2,38 ^{ns}
8	-10,75 ^{ns}	-9,00 ^{ns}	-2,50 ^{ns}	-9,13 ^{ns}	-6,25 ^{ns}
9	-29,13**	8,13 ^{ns}	-10,00 ^{ns}	18,75**	2,63 ^{ns}
10	-0,88 ^{ns}	0,38 ^{ns}	-9,13 ^{ns}	-9,63 ^{ns}	-10,50 ^{ns}
Média	-12,11 ^{ns}	4,18 ^{ns}	-8,59 ^{ns}	-2,23 ^{ns}	-1,44 ^{ns}

Subpopulação	AE (cm pl ⁻¹)				
	$C_1 - C_0$	$C_2 - C_1$	$C_3 - C_2$	$C_4 - C_3$	$C_5 - C_4$
1	-16,01**	8,88 ^{ns}	-9,75*	5,50 ^{ns}	-0,63 ^{ns}
2	-5,64 ^{ns}	10,38*	-19,75**	15,63**	-12,13**
3	-7,26 ^{ns}	4,00 ^{ns}	-15,25**	-5,13 ^{ns}	1,00 ^{ns}
4	-8,26 ^{ns}	17,88**	-21,63**	6,38 ^{ns}	-0,88 ^{ns}
5	-8,76 ^{ns}	-3,88 ^{ns}	9,38*	-2,50 ^{ns}	2,00 ^{ns}
6	-2,51 ^{ns}	3,50 ^{ns}	-7,38 ^{ns}	-0,25 ^{ns}	-6,25 ^{ns}
7	-5,64 ^{ns}	6,00 ^{ns}	-6,88 ^{ns}	0,00 ^{ns}	6,25 ^{ns}
8	-8,89 ^{ns}	-3,88 ^{ns}	-6,88 ^{ns}	-2,38 ^{ns}	0,50 ^{ns}
9	-21,76**	8,13 ^{ns}	-4,25 ^{ns}	4,50 ^{ns}	0,25 ^{ns}
10	-6,89 ^{ns}	-0,50 ^{ns}	-2,88 ^{ns}	-5,00 ^{ns}	-8,50 ^{ns}
Média	-9,16*	5,05 ^{ns}	-8,53 ^{ns}	1,68 ^{ns}	-1,84 ^{ns}

Subpopulação	FM (dias)				
	$C_1 - C_0$	$C_2 - C_1$	$C_3 - C_2$	$C_4 - C_3$	$C_5 - C_4$
1	1,09 ^{ns}	0,00 ^{ns}	-2,75**	-0,25 ^{ns}	0,50 ^{ns}
2	0,34 ^{ns}	1,63*	-2,38**	2,25**	-0,50 ^{ns}
3	0,21 ^{ns}	0,13 ^{ns}	0,63 ^{ns}	0,50 ^{ns}	-1,00 ^{ns}
4	0,34 ^{ns}	0,50 ^{ns}	-3,25**	0,50 ^{ns}	0,63 ^{ns}
5	-0,41 ^{ns}	-1,25 ^{ns}	0,75 ^{ns}	0,38 ^{ns}	-0,13 ^{ns}
6	0,21 ^{ns}	0,75 ^{ns}	-1,50*	-1,13 ^{ns}	1,00 ^{ns}
7	1,71*	2,38**	-3,75**	-1,13 ^{ns}	1,38 ^{ns}
8	-0,29 ^{ns}	-1,38 ^{ns}	-0,38 ^{ns}	2,25**	0,63 ^{ns}
9	1,84**	-0,25 ^{ns}	-2,50**	-0,75 ^{ns}	1,75*
10	-0,04 ^{ns}	1,00 ^{ns}	-2,75**	0,75 ^{ns}	2,25**
Média	0,50 ^{ns}	0,35 ^{ns}	-1,79*	0,34 ^{ns}	0,65 ^{ns}

^{ns}, * e ** não significativo, significativo a 5% e 1% de probabilidade pelo teste *t*, respectivamente.

De modo similar ao ocorrido para o caráter FM da população BR-105, o caráter FF desta mesma população não apresentou efeitos médios significativos entre os ciclos, sendo observado um maior número de estimativas positivas (12) do que negativas (2). Já para a população BR-106, assim como ocorreu para o caráter FM, o efeito médio entre os ciclos 2 e 3 ($C_3 - C_2$) foi significativo e todas as estimativas presentes nele foram negativas, indicando que, do ciclo 2 para o 3, as subpopulações se tornaram mais precoces. Esses resultados demonstram que a deriva genética provocou performances diferentes nas duas populações e, portanto, as subpopulações se diferenciaram em magnitudes diferentes e flutuaram de maneira imprevisível de um ciclo para o outro (Tabelas 3.13 e 3.14).

Em relação ao caráter NRP, não foram observados efeitos médios significativos entre os ciclos para nenhuma das duas populações. Ambas apresentaram a mesma quantidade de estimativas negativas (6), enquanto que a população BR-106 apresentou maior número de estimativas negativas (5) que a população BR-105 (1). Tais resultados indicam que houve uma maior variação nos sinais das estimativas das subpopulações de um ciclo para o outro na população BR-106 (Tabelas 3.13 e 3.14).

De maneira geral, as estimativas de deriva genética acumuladas em relação à população original foram de maior magnitude do que as estimativas entre os ciclos para a maioria dos caracteres avaliados. Como o N_E da população de origem é maior do que o dos ciclos de deriva ($N_E = 5$), os efeitos da deriva genética foram de maior magnitude entre os ciclos e a população original do que entre um ciclo e outro.

Em geral, foi observado maior quantidade de estimativas de deriva acumulada nos ciclos mais avançados, exceto para os caracteres FM e FF da população BR-106, enquanto que as estimativas entre os ciclos se encontraram mais distribuídas ao longo de todos os ciclos, sem um padrão definido. Para os caracteres AP, AE e NRP, a maioria das estimativas acumuladas e entre os ciclos foi negativa, indicando que a deriva genética contribuiu mais para diminuir as médias desses caracteres do que para aumentar. Para os caracteres FM e FF, era esperado que, com o aumento da homozigose, houvesse maior quantidade de estimativas positivas. Porém, este fato não ocorreu para as estimativas acumuladas destes dois caracteres na população BR-106, nem para as estimativas entre os ciclos do caráter FF da mesma população.

Considerando as estimativas acumuladas, com exceção do caráter NRP, a população BR-106 foi mais sensível aos efeitos da endogamia provocado pela deriva genética, já que, por ser um composto e possuir maior variabilidade genética que a população BR-105, espera-se que fosse mais sensível aos efeitos da endogamia do que a população BR-105 (SOUZA JR

et al., 1993). Já para as estimativas entre os ciclos, os caracteres AP e AE da população BR-105 foram mais sensíveis aos efeitos da deriva genética que os demais caracteres. Algumas subpopulações flutuaram mais do que outras, visto que suas estimativas de deriva genética, tanto acumuladas quanto entre os ciclos, alternaram-se de positivas para negativas, e vice-versa, de um ciclo para o outro.

Diante dos resultados, é possível afirmar que as alterações aleatórias nas frequências alélicas causadas pela deriva genética em função do tamanho efetivo reduzido refletiram também nas médias dos caracteres. Além disso, as alterações das médias dependem também dos efeitos de dominância dos caracteres avaliados, pois, quanto maior for a contribuição desses efeitos, maior será o efeito da deriva genética (SOUZA JR, 1995). No caso dos caracteres utilizados neste estudo, os efeitos aditivos são mais importantes que os de dominância (SOARES FILHO, 1987; REZENDE, 1997; AGUIAR, 2003; SILVA et al., 2004; HALLAUER; CARENA; MIRANDA FILHO, 2010) e, por isso, espera-se que sejam menos sensíveis aos efeitos da deriva genética do que caracteres que apresentem um elevado grau de dominância, como produção de grãos, por exemplo.

Tabela 3.13 – Estimativas de deriva genética entre os ciclos de deriva através dos contrastes entre as médias das 10 subpopulações não autofecundadas derivadas da população BR-105 em um determinado ciclo (C_n), em relação às médias das respectivas subpopulações nos demais ciclos (C_1 a C_5), para os caracteres florescimento feminino (FF) e número de ramificações do pendão (NRP)

Subpopulação	FF (dias)				
	$C_1 - C_0$	$C_2 - C_1$	$C_3 - C_2$	$C_4 - C_3$	$C_5 - C_4$
1	-0,86 ^{ns}	0,00 ^{ns}	0,38 ^{ns}	-0,25 ^{ns}	1,75**
2	1,01 ^{ns}	-1,00 ^{ns}	-0,63 ^{ns}	1,38*	2,13**
3	-0,36 ^{ns}	2,88**	-1,63*	-1,13 ^{ns}	1,00 ^{ns}
4	0,64 ^{ns}	1,38*	0,75 ^{ns}	-0,63 ^{ns}	0,50 ^{ns}
5	1,01 ^{ns}	0,88 ^{ns}	0,00 ^{ns}	-0,38 ^{ns}	0,50 ^{ns}
6	1,39*	-0,50 ^{ns}	-0,13 ^{ns}	0,38 ^{ns}	-0,63 ^{ns}
7	-0,36 ^{ns}	1,50*	-1,00 ^{ns}	1,50*	0,88 ^{ns}
8	0,51 ^{ns}	1,88**	0,50 ^{ns}	0,25 ^{ns}	-0,63 ^{ns}
9	0,76 ^{ns}	-0,50 ^{ns}	1,00 ^{ns}	-0,88 ^{ns}	3,00**
10	-0,24 ^{ns}	0,50 ^{ns}	1,38*	2,75**	-3,88**
Média	0,35 ^{ns}	0,70 ^{ns}	0,06 ^{ns}	0,30 ^{ns}	0,46 ^{ns}

Subpopulação	NRP (nº)				
	$C_1 - C_0$	$C_2 - C_1$	$C_3 - C_2$	$C_4 - C_3$	$C_5 - C_4$
1	-0,25 ^{ns}	-2,60 ^{ns}	0,98 ^{ns}	-2,00 ^{ns}	-2,55 ^{ns}
2	2,50 ^{ns}	1,48 ^{ns}	0,67 ^{ns}	-6,83**	1,75 ^{ns}
3	0,27 ^{ns}	0,45 ^{ns}	-2,38 ^{ns}	-1,45 ^{ns}	1,90 ^{ns}
4	-1,83 ^{ns}	1,00 ^{ns}	-0,73 ^{ns}	1,85 ^{ns}	-0,82 ^{ns}
5	-1,55 ^{ns}	-0,90 ^{ns}	-2,35 ^{ns}	-1,10 ^{ns}	-0,40 ^{ns}
6	-3,30*	3,45*	-4,30**	1,40 ^{ns}	-0,10 ^{ns}
7	-4,53**	2,83 ^{ns}	2,93 ^{ns}	-6,50**	-0,88 ^{ns}
8	-1,78 ^{ns}	-0,15 ^{ns}	1,03 ^{ns}	-2,48 ^{ns}	0,07 ^{ns}
9	-0,93 ^{ns}	1,73 ^{ns}	-2,48 ^{ns}	0,73 ^{ns}	-1,88 ^{ns}
10	-3,93**	-0,40 ^{ns}	-2,88 ^{ns}	-2,63 ^{ns}	2,20 ^{ns}
Média	-1,53 ^{ns}	0,69 ^{ns}	-0,95 ^{ns}	-1,90 ^{ns}	-0,07 ^{ns}

^{ns}, * e ** não significativo, significativo a 5% e 1% de probabilidade pelo teste t , respectivamente.

Tabela 3.14 – Estimativas de deriva genética entre os ciclos de deriva através dos contrastes entre as médias das 10 subpopulações não autofecundadas derivadas da população BR-106 em um determinado ciclo (C_n), em relação às médias das respectivas subpopulações nos demais ciclos (C_1 a C_5), para os caracteres florescimento feminino (FF) e número de ramificações do pendão (NRP)

Subpopulação	FF (dias)				
	$C_1 - C_0$	$C_2 - C_1$	$C_3 - C_2$	$C_4 - C_3$	$C_5 - C_4$
1	0,69 ^{ns}	-0,25 ^{ns}	-3,00**	-0,13 ^{ns}	0,13 ^{ns}
2	0,69 ^{ns}	2,50**	-4,00**	2,13**	0,50 ^{ns}
3	-0,06 ^{ns}	0,00 ^{ns}	-0,50 ^{ns}	0,13 ^{ns}	0,38 ^{ns}
4	-0,06 ^{ns}	1,75*	-4,00**	1,25 ^{ns}	-1,50*
5	-1,31 ^{ns}	-0,63 ^{ns}	-0,25 ^{ns}	0,88 ^{ns}	-0,25 ^{ns}
6	-0,44 ^{ns}	1,25 ^{ns}	-1,25 ^{ns}	-0,88 ^{ns}	0,63 ^{ns}
7	2,44**	1,50*	-4,00**	-1,00 ^{ns}	1,25 ^{ns}
8	-0,44 ^{ns}	-1,63*	-0,25 ^{ns}	2,00**	1,63*
9	0,44 ^{ns}	0,75 ^{ns}	-3,13**	0,50 ^{ns}	1,00 ^{ns}
10	0,19 ^{ns}	0,50 ^{ns}	-2,88**	1,25 ^{ns}	1,88**
Média	0,21 ^{ns}	0,58 ^{ns}	-2,33**	0,61 ^{ns}	0,56 ^{ns}

Subpopulação	NRP (n°)				
	$C_1 - C_0$	$C_2 - C_1$	$C_3 - C_2$	$C_4 - C_3$	$C_5 - C_4$
1	-1,95 ^{ns}	3,78**	-3,38**	-1,53 ^{ns}	-3,23*
2	-1,48 ^{ns}	4,08**	-2,05 ^{ns}	-2,25 ^{ns}	-0,55 ^{ns}
3	-2,38 ^{ns}	-0,53 ^{ns}	0,20 ^{ns}	-1,88 ^{ns}	-1,78 ^{ns}
4	-4,53**	1,30 ^{ns}	-0,98 ^{ns}	-1,90 ^{ns}	3,93**
5	0,88 ^{ns}	-3,73**	-0,73 ^{ns}	-0,18 ^{ns}	-0,53 ^{ns}
6	-3,08*	2,30 ^{ns}	-1,93 ^{ns}	-1,63 ^{ns}	1,18 ^{ns}
7	-1,93 ^{ns}	3,90**	0,07 ^{ns}	-2,38 ^{ns}	1,98 ^{ns}
8	0,47 ^{ns}	-0,85 ^{ns}	-0,48 ^{ns}	-0,27 ^{ns}	0,38 ^{ns}
9	-1,00 ^{ns}	3,55**	-2,55*	-1,70 ^{ns}	0,40 ^{ns}
10	-0,48 ^{ns}	2,23 ^{ns}	-0,40 ^{ns}	-0,05 ^{ns}	1,23 ^{ns}
Média	-1,55 ^{ns}	1,60 ^{ns}	-1,22 ^{ns}	-1,38 ^{ns}	0,30 ^{ns}

^{ns}, * e ** não significativo, significativo a 5% e 1% de probabilidade pelo teste *t*, respectivamente.

3.2.2.3 Estimativas dos efeitos da deriva genética na autofecundação

As populações originais BR-105 e BR-106 e todas as respectivas subpopulações foram autofecundadas, gerando um nível a mais de endogamia. Assim, foi possível visualizar o efeito que a deriva genética originada pelo tamanho efetivo reduzido produziu nas estimativas dos caracteres das subpopulações autofecundadas. Deve-se ressaltar que não é possível quantificar o quanto da perda de vigor foi devido à deriva genética e quanto foi devido à autofecundação.

Para o caráter AP, os efeitos acumulados da deriva genética nas duas populações autofecundadas ocorreram em menor quantidade e menor magnitude quando comparadas às populações não autofecundadas, sendo que o efeito médio foi significativo ($p \leq 0,05$ ou $p \leq$

0,01) somente para o quinto ciclo da população BR-106₀ (-14,05 dias). Para a população BR-105₀, somente nove estimativas foram significativas e, para a população BR-106₀, vinte. Todas as estimativas foram negativas, assim como para as populações sem autofecundação, indicando que não houve alteração no sinal das estimativas e que a deriva genética contribuiu para a redução da altura das subpopulações em relação à população original autofecundada (C0₀) (Tabelas 3.15 e 3.16).

Considerando o caráter AE, foi observado que na população BR-105₀, houve diminuição na quantidade e na magnitude de estimativas significativas, dezessete no total, em relação à mesma população não autofecundada, sendo todas negativas. Já para a população BR-106₀, foi detectado um desempenho similar ao ocorrido para a população BR-106 não autofecundada, em que os efeitos médios acumulados foram significativos para os ciclos 1, 3, 4 e 5. Além disso, foi observado a mesma quantidade de subpopulações com estimativas negativas, vinte e quatro no total, em relação à população BR-106 não autofecundada. Portanto, para as duas populações, houve uma diminuição das médias das subpopulações em relação à C0₀. Novamente a população BR-106₀ foi mais sensível aos efeitos da deriva e da autofecundação, já que apresentou maior quantidade de estimativas significativas que a população BR-105₀. Entretanto, não houve alterações no sinal das estimativas para nenhuma população (Tabelas 3.15 e 3.16).

Em relação ao caráter FM, verificou-se que na população BR-105₀ houve diminuição na quantidade de estimativas significativas em relação à mesma população não autofecundada, sendo que somente doze estimativas foram significativas, todas negativas. Já para a população BR-106₀, o efeito médio acumulado da deriva foi significativo no C3 e foram observadas maior número de estimativas significativas em relação à BR-106 não autofecundada, sendo sete positivas e quinze negativas. A população BR-106₀ apresentou maior quantidade de estimativas significativas que a população BR-105₀, mas, quando comparadas às respectivas populações não autofecundadas, a BR-105₀ sofreu mais alterações na quantidade, direção e magnitude das estimativas do que a BR-106₀ (Tabelas 3.15 e 3.16).

Tabela 3.15 – Estimativas dos efeitos acumulados da deriva genética na autofecundação através dos contrastes entre as médias das 10 subpopulações autofecundadas ($\otimes$) e a média da população BR-105 original ($C_{0\otimes}$), nos cinco ciclos de deriva (C_1 a C_5), para os caracteres altura de planta (AP), altura de espiga (AE) e florescimento masculino (FM)

Subpopulação	AP (cm pl ⁻¹)				
	$C_1 - C_0$	$C_2 - C_0$	$C_3 - C_0$	$C_4 - C_0$	$C_5 - C_0$
1	-9,72 ^{ns}	-8,35 ^{ns}	-17,73**	-12,10*	-10,73 ^{ns}
2	-0,35 ^{ns}	-2,97 ^{ns}	-5,85 ^{ns}	-4,60 ^{ns}	-15,48**
3	-10,35 ^{ns}	-3,85 ^{ns}	5,28 ^{ns}	-2,10 ^{ns}	-0,10 ^{ns}
4	7,28 ^{ns}	6,15 ^{ns}	4,53 ^{ns}	5,28 ^{ns}	9,03 ^{ns}
5	-6,72 ^{ns}	-5,60 ^{ns}	-5,97 ^{ns}	-19,85**	-11,98*
6	5,15 ^{ns}	-1,35 ^{ns}	-8,22 ^{ns}	4,15 ^{ns}	-8,22 ^{ns}
7	-4,10 ^{ns}	1,78 ^{ns}	-12,85*	-23,98**	1,15 ^{ns}
8	4,28 ^{ns}	6,40 ^{ns}	2,15 ^{ns}	-12,60*	-0,85 ^{ns}
9	-14,35*	-5,22 ^{ns}	0,90 ^{ns}	0,40 ^{ns}	-3,85 ^{ns}
10	-3,85 ^{ns}	-3,85 ^{ns}	-3,97 ^{ns}	1,78 ^{ns}	-9,22 ^{ns}
Média	-3,27 ^{ns}	-1,69 ^{ns}	-4,17 ^{ns}	-6,36 ^{ns}	-5,02 ^{ns}

Subpopulação	AE (cm pl ⁻¹)				
	$C_1 - C_0$	$C_2 - C_0$	$C_3 - C_0$	$C_4 - C_0$	$C_5 - C_0$
1	-8,56 ^{ns}	-15,06**	-17,81**	-12,31*	-18,19**
2	-3,19 ^{ns}	-7,94 ^{ns}	-11,56*	-15,69**	-16,94**
3	-9,56 ^{ns}	-1,69 ^{ns}	-0,81 ^{ns}	-4,31 ^{ns}	0,44 ^{ns}
4	-2,69 ^{ns}	-1,31 ^{ns}	0,94 ^{ns}	4,31 ^{ns}	2,69 ^{ns}
5	-9,94*	-6,56 ^{ns}	-5,44 ^{ns}	-15,31**	-13,06**
6	1,06 ^{ns}	-3,31 ^{ns}	-3,94 ^{ns}	-4,06 ^{ns}	-9,94*
7	-7,06 ^{ns}	-2,69 ^{ns}	-13,94**	-17,44**	-5,69 ^{ns}
8	-0,69 ^{ns}	2,06 ^{ns}	1,81 ^{ns}	-13,31**	-4,31 ^{ns}
9	-21,81**	-6,94 ^{ns}	-0,31 ^{ns}	-6,19 ^{ns}	-7,06 ^{ns}
10	-10,19*	-2,81 ^{ns}	-6,81 ^{ns}	-3,94 ^{ns}	-11,69*
Média	-7,26 ^{ns}	-4,63 ^{ns}	-5,79 ^{ns}	-8,83 ^{ns}	-8,38 ^{ns}

Subpopulação	FM (dias)				
	$C_1 - C_0$	$C_2 - C_0$	$C_3 - C_0$	$C_4 - C_0$	$C_5 - C_0$
1	-2,08**	0,17 ^{ns}	-2,58**	-1,95**	-0,83 ^{ns}
2	-0,58 ^{ns}	-0,95 ^{ns}	-0,95 ^{ns}	-1,20 ^{ns}	-0,70 ^{ns}
3	-3,58**	-0,33 ^{ns}	-0,95 ^{ns}	-2,33**	-1,33*
4	-0,95 ^{ns}	-0,20 ^{ns}	0,67 ^{ns}	-0,58 ^{ns}	0,30 ^{ns}
5	0,30 ^{ns}	-0,33 ^{ns}	0,17 ^{ns}	-0,70 ^{ns}	-0,45 ^{ns}
6	-0,45 ^{ns}	-1,08 ^{ns}	-0,70 ^{ns}	-0,95 ^{ns}	-2,08**
7	-1,33*	0,67 ^{ns}	-1,45*	-1,70**	-0,33 ^{ns}
8	-0,83 ^{ns}	-0,45 ^{ns}	1,18 ^{ns}	0,05 ^{ns}	0,05 ^{ns}
9	-0,83 ^{ns}	-1,45**	0,05 ^{ns}	-0,45 ^{ns}	-0,08 ^{ns}
10	-1,33*	-0,33 ^{ns}	0,80 ^{ns}	0,67 ^{ns}	0,30 ^{ns}
Média	-1,16 ^{ns}	-0,43 ^{ns}	-0,38 ^{ns}	-0,91 ^{ns}	-0,51 ^{ns}

^{ns}, * e ** não significativo, significativo a 5% e 1% de probabilidade pelo teste *t*, respectivamente.

Tabela 3.16 – Estimativas dos efeitos acumulados da deriva genética na autofecundação através dos contrastes entre as médias das 10 subpopulações autofecundadas ($\otimes$) e a média da população BR-106 original ($C_{0\otimes}$), nos cinco ciclos de deriva (C_1 a C_5), para os caracteres altura de planta (AP), altura de espiga (AE) e florescimento masculino (FM)

Subpopulação	AP (cm pl ⁻¹)				
	$C_1 - C_0$	$C_2 - C_0$	$C_3 - C_0$	$C_4 - C_0$	$C_5 - C_0$
1	-15,79*	-11,29 ^{ns}	-18,79**	-14,16*	-17,66**
2	-10,66 ^{ns}	4,09 ^{ns}	-12,04 ^{ns}	-13,16*	-7,54 ^{ns}
3	-19,41**	-13,79*	-17,16**	-26,29**	-31,29**
4	-6,16 ^{ns}	-1,04 ^{ns}	-3,16 ^{ns}	-5,16 ^{ns}	-7,41 ^{ns}
5	-6,29 ^{ns}	-14,41*	-1,54 ^{ns}	-3,41 ^{ns}	-5,66 ^{ns}
6	-9,29 ^{ns}	-1,54 ^{ns}	-0,66 ^{ns}	5,34 ^{ns}	-7,91 ^{ns}
7	-3,79 ^{ns}	-2,41 ^{ns}	-1,29 ^{ns}	-2,79 ^{ns}	-0,04 ^{ns}
8	-7,41 ^{ns}	-20,04**	-22,41**	-12,16*	-33,41**
9	-25,66**	-21,91**	-19,79**	-5,16 ^{ns}	-6,29 ^{ns}
10	-0,66 ^{ns}	-3,41 ^{ns}	-9,79 ^{ns}	-15,66*	-23,29**
Média	-10,51 ^{ns}	-8,57 ^{ns}	-10,66 ^{ns}	-9,26 ^{ns}	-14,05*

Subpopulação	AE (cm pl ⁻¹)				
	$C_1 - C_0$	$C_2 - C_0$	$C_3 - C_0$	$C_4 - C_0$	$C_5 - C_0$
1	-17,41**	-10,41*	-19,29**	-12,29*	-16,29**
2	-9,79*	4,59 ^{ns}	-4,79 ^{ns}	-1,91 ^{ns}	-5,16 ^{ns}
3	-16,04**	-9,04 ^{ns}	-14,66**	-19,66**	-25,29**
4	-7,54 ^{ns}	-3,54 ^{ns}	-11,66*	-8,04 ^{ns}	-8,66 ^{ns}
5	-8,79 ^{ns}	-15,16**	-5,16 ^{ns}	-7,66 ^{ns}	-4,16 ^{ns}
6	-4,66 ^{ns}	-0,79 ^{ns}	-8,16 ^{ns}	-1,79 ^{ns}	-6,66 ^{ns}
7	-6,54 ^{ns}	-5,16 ^{ns}	-5,41 ^{ns}	-5,41 ^{ns}	-4,41 ^{ns}
8	-10,79*	-14,41**	-19,66**	-8,91 ^{ns}	-23,41**
9	-16,54**	-19,41**	-17,16**	-14,54**	-16,29**
10	-6,54 ^{ns}	-7,54 ^{ns}	-17,41**	-13,91**	-19,66**
Média	-10,46*	-8,09 ^{ns}	-12,34**	-9,41*	-13,00**

Subpopulação	FM (dias)				
	$C_1 - C_0$	$C_2 - C_0$	$C_3 - C_0$	$C_4 - C_0$	$C_5 - C_0$
1	0,84 ^{ns}	0,59 ^{ns}	-2,79**	-2,04*	-2,41**
2	1,09 ^{ns}	2,84**	-0,04 ^{ns}	2,09**	-1,41 ^{ns}
3	0,21 ^{ns}	0,71 ^{ns}	0,09 ^{ns}	-0,41 ^{ns}	1,59*
4	0,21 ^{ns}	-0,16 ^{ns}	-3,41**	-2,79**	-1,91*
5	-1,04 ^{ns}	-1,79*	-1,54 ^{ns}	-2,16**	-2,29**
6	0,09 ^{ns}	2,09**	-1,91*	-1,04 ^{ns}	-3,16**
7	2,09**	2,84**	-0,16 ^{ns}	-1,54 ^{ns}	0,21 ^{ns}
8	0,21 ^{ns}	-1,91*	-1,41 ^{ns}	-0,66 ^{ns}	0,84 ^{ns}
9	1,96*	0,34 ^{ns}	-2,41**	-2,66**	-0,66 ^{ns}
10	0,59 ^{ns}	0,34 ^{ns}	-2,41**	-1,16 ^{ns}	0,59 ^{ns}
Média	0,63 ^{ns}	0,59 ^{ns}	-1,60*	-1,24 ^{ns}	-0,86 ^{ns}

^{ns}, * e ** não significativo, significativo a 5% e 1% de probabilidade pelo teste *t*, respectivamente.

Para o caráter FF, foram observados efeitos médios acumulados somente para os ciclos 3 e 4, -2,42 e -2,04 dias, respectivamente, da população BR-106 $\otimes$, indicando que as subpopulações foram mais precoces que a população original. Para a população BR-105 $\otimes$, das dez estimativas significativas, três foram positivas e sete foram negativas. Houve uma diminuição no número de estimativas positivas e o surgimento de estimativas negativas, ao contrário do que ocorreu na população não autofecundada. Já para a população BR-106 $\otimes$, houve um aumento na quantidade de estimativas significativas em relação à população não autofecundada, sendo cinco positivas e vinte negativas. A população BR-106 $\otimes$ foi novamente mais sensível à endogamia mas, assim como ocorreu para o caráter FM, a autofecundação alterou mais a quantidade, magnitude e direção das estimativas da população BR-105 $\otimes$ (Tabelas 3.17 e 3.18).

Quando se comparam as estimativas obtidas para o caráter NRP das populações autofecundadas com as não autofecundadas percebe-se que, tanto para a população BR-105 $\otimes$ quanto para a BR-106 $\otimes$, o número total de estimativas significativas diminuiu. Para a população BR-105 $\otimes$, das dezessete estimativas significativas, cinco foram positivas e doze negativas e, para a população BR-106 $\otimes$, das vinte e uma estimativas, três foram positivas e dezoito negativas. Assim como para os demais caracteres, a população BR-106 $\otimes$ apresentou um maior número de estimativas significativas que a BR-105 $\otimes$, porém, novamente, a população BR-105 $\otimes$ apresentou maiores variações na direção das estimativas. Portanto, a deriva genética e a autofecundação provocaram desempenhos diferentes nas duas populações avaliadas, evidenciando que seus efeitos estão diretamente relacionados à estrutura genética da população utilizada (Tabelas 3.17 e 3.18).

Tabela 3.17 – Estimativas dos efeitos acumulados da deriva genética na autofecundação através dos contrastes entre as médias das 10 subpopulações autofecundadas ($\otimes$) e a média da população BR-105 original ($C_{0\otimes}$), nos cinco ciclos de deriva (C_1 a C_5), para os caracteres florescimento feminino (FF) e número de ramificações do pendão (NRP)

Subpopulação	FF (dias)				
	$C_1 - C_0$	$C_2 - C_0$	$C_3 - C_0$	$C_4 - C_0$	$C_5 - C_0$
1	-1,39 ^{ns}	-0,76 ^{ns}	-2,51**	-2,39**	-1,39 ^{ns}
2	0,61 ^{ns}	-1,76*	-1,01 ^{ns}	-1,01 ^{ns}	0,36 ^{ns}
3	-2,51**	0,86 ^{ns}	-1,51 ^{ns}	-2,89**	-1,14 ^{ns}
4	-0,26 ^{ns}	0,86 ^{ns}	0,24 ^{ns}	0,36 ^{ns}	1,86*
5	0,36 ^{ns}	-0,64 ^{ns}	1,86*	0,49 ^{ns}	-0,01 ^{ns}
6	-0,51 ^{ns}	0,11 ^{ns}	-0,64 ^{ns}	0,24 ^{ns}	-1,76*
7	-1,14 ^{ns}	0,61 ^{ns}	-1,39 ^{ns}	-1,01 ^{ns}	-0,39 ^{ns}
8	0,36 ^{ns}	0,61 ^{ns}	1,61 ^{ns}	1,61 ^{ns}	1,49 ^{ns}
9	-0,26 ^{ns}	-1,89*	0,99 ^{ns}	-0,01 ^{ns}	1,74*
10	-1,39 ^{ns}	-0,14 ^{ns}	0,11 ^{ns}	0,74 ^{ns}	-1,01 ^{ns}
Média	-0,61 ^{ns}	-0,21 ^{ns}	-0,23 ^{ns}	-0,39 ^{ns}	-0,03 ^{ns}

Subpopulação	NRP (n°)				
	$C_1 - C_0$	$C_2 - C_0$	$C_3 - C_0$	$C_4 - C_0$	$C_5 - C_0$
1	-1,23 ^{ns}	-5,93**	-0,57 ^{ns}	-0,78 ^{ns}	-4,48**
2	3,58**	1,68 ^{ns}	3,28*	-0,57 ^{ns}	-1,15 ^{ns}
3	-0,70 ^{ns}	-1,10 ^{ns}	-2,50 ^{ns}	-1,85 ^{ns}	-2,05 ^{ns}
4	-1,25 ^{ns}	-2,28 ^{ns}	0,50 ^{ns}	0,22 ^{ns}	2,88*
5	-1,50 ^{ns}	0,57 ^{ns}	-3,03*	-3,73**	-3,33*
6	-2,28 ^{ns}	0,00 ^{ns}	-2,30 ^{ns}	-0,50 ^{ns}	-3,28*
7	-1,48 ^{ns}	-0,83 ^{ns}	3,20*	-2,85*	-3,55**
8	-0,20 ^{ns}	-0,15 ^{ns}	0,45 ^{ns}	-3,10*	-0,38 ^{ns}
9	0,32 ^{ns}	2,98*	-0,05 ^{ns}	-1,10 ^{ns}	-2,05 ^{ns}
10	-1,30 ^{ns}	-0,80 ^{ns}	-5,75**	-5,23**	-5,13**
Média	-0,60 ^{ns}	-0,59 ^{ns}	-0,68 ^{ns}	-1,95 ^{ns}	-2,25 ^{ns}

^{ns}, * e ** não significativo, significativo a 5% e 1% de probabilidade pelo teste *t*, respectivamente.

Tabela 3.18 – Estimativas dos efeitos acumulados da deriva genética na autofecundação através dos contrastes entre as médias das 10 subpopulações autofecundadas ($\otimes$) e a média da população BR-106 original ($C_{0\otimes}$), nos cinco ciclos de deriva (C_1 a C_5), para os caracteres florescimento feminino (FF) e número de ramificações do pendão (NRP)

Subpopulação	FF (dias)				
	$C_1 - C_0$	$C_2 - C_0$	$C_3 - C_0$	$C_4 - C_0$	$C_5 - C_0$
1	0,34 ^{ns}	0,21 ^{ns}	-3,54**	-3,41**	-4,16**
2	0,96 ^{ns}	3,71**	-0,29 ^{ns}	1,59 ^{ns}	-1,54 ^{ns}
3	-0,79 ^{ns}	-0,16 ^{ns}	-1,91*	-1,79*	-0,04 ^{ns}
4	-0,16 ^{ns}	2,21*	-3,41**	-3,16**	-2,79**
5	-1,66 ^{ns}	-3,04**	-2,54**	-3,41**	-2,66**
6	0,34 ^{ns}	1,34 ^{ns}	-3,04**	-1,66 ^{ns}	-2,66**
7	1,96*	3,21**	0,34 ^{ns}	-2,16*	-1,16 ^{ns}
8	-0,16 ^{ns}	-1,91*	-2,79**	-1,29 ^{ns}	1,21 ^{ns}
9	2,34**	0,46 ^{ns}	-4,16**	-3,91**	-1,29 ^{ns}
10	-0,04 ^{ns}	-0,41 ^{ns}	-2,91**	-1,16 ^{ns}	-0,04 ^{ns}
Média	0,31 ^{ns}	0,56 ^{ns}	-2,42**	-2,04*	-1,51 ^{ns}

Subpopulação	NRP (nº)				
	$C_1 - C_0$	$C_2 - C_0$	$C_3 - C_0$	$C_4 - C_0$	$C_5 - C_0$
1	-3,71**	-0,99 ^{ns}	-0,84 ^{ns}	-4,24**	-4,64**
2	-0,16 ^{ns}	3,84**	1,11 ^{ns}	-1,81 ^{ns}	-0,19 ^{ns}
3	-3,36**	-2,66*	-2,39 ^{ns}	-3,46**	-7,16**
4	-3,96**	-2,41 ^{ns}	-5,21**	-5,71**	-0,89 ^{ns}
5	0,34 ^{ns}	-3,51**	-2,71*	-4,16**	-3,71**
6	-1,01 ^{ns}	-1,64 ^{ns}	-3,81**	-3,24*	-2,41 ^{ns}
7	-3,34**	0,76 ^{ns}	-1,06 ^{ns}	2,04 ^{ns}	0,84 ^{ns}
8	1,61 ^{ns}	-0,99 ^{ns}	-1,01 ^{ns}	-0,21 ^{ns}	-0,29 ^{ns}
9	-0,51 ^{ns}	0,49 ^{ns}	-1,94 ^{ns}	-3,46**	-2,84*
10	-0,79 ^{ns}	0,39 ^{ns}	-0,76 ^{ns}	1,34 ^{ns}	1,99 ^{ns}
Média	-1,49 ^{ns}	-0,67 ^{ns}	-1,86 ^{ns}	-2,29 ^{ns}	-1,93 ^{ns}

^{ns}, * e ** não significativo, significativo a 5% e 1% de probabilidade pelo teste *t*, respectivamente.

Não foram observados efeitos médios significativos ($p \leq 0,05$ ou $p \leq 0,01$) de deriva genética entre os ciclos para o caráter AP nas populações avaliadas. Para ambas as populações, verificou-se um número menor de estimativas significativas em relação às respectivas populações não autofecundadas, sendo que a queda foi maior para a população BR-105 $\otimes$. Nessa população, cinco estimativas foram positivas e três negativas e, na BR-106 $\otimes$, das dez estimativas significativas, três foram positivas e sete negativas. As subpopulações 6, 7 e 8 da população BR-105 $\otimes$ e 2 da BR-106 $\otimes$, apresentaram as maiores variações nos sinais das estimativas em relação às demais subpopulações. Esses resultados indicam que, após a autofecundação, algumas subpopulações que não apresentavam efeitos significativos da

deriva passaram a apresentar (ou o inverso) e, em outros casos, houve redução na magnitude das estimativas (Tabelas 3.19 e 3.20).

Para o caráter AE da população BR-105₈, assim como ocorreu para o caráter AP, houve redução expressiva na quantidade de estimativas significativas em relação à população não autofecundada, em que apenas oito foram significativas, sendo duas positivas e três negativas. As subpopulações 7 e 9, ao contrário do que ocorreu antes de serem autofecundadas, apresentaram variações nos sinais das estimativas entre alguns ciclos. A população BR-106₈ apresentou efeito médio significativo entre a população original e o primeiro ciclo ($-10,46 \text{ cm pl}^{-1}$), de maior magnitude que o encontrado para a população sem autofecundação. Ao todo, onze estimativas foram significativas, sendo três positivas e oito negativas. As subpopulações 2 e 8 apresentaram variações nos sinais das estimativas entre os ciclos, sendo que a primeira também havia apresentado essa variação antes de ser autofecundada, mas entre ciclos diferentes (Tabelas 3.19 e 3.20).

Em relação ao caráter FM da população BR-105₈, apesar da quantidade de estimativas significativas ter sido similar à das populações sem autofecundação, houve uma redução no número de estimativas positivas e um aumento nas negativas. Das treze estimativas, seis foram positivas e sete negativas. Para a população BR-106₈, foi detectado efeito médio significativo entre C2 e C3 ($-2,19$ dias), de maior magnitude que o observado para a população sem autofecundação. Além disso, houve aumento no número de estimativas significativas, sendo que, das vinte observadas no total, nove foram positivas e onze negativas. As subpopulações 1, 3 e 7 da população BR-105₈ e 2, 6, 7 e 9 da BR-106₈ apresentaram variações aleatórias nos sinais das estimativas entre os ciclos, sendo que as subpopulações 3 da BR-105₈ e 2, 7 e 9 da BR-106₈, já haviam apresentado variações de menor magnitude antes de serem autofecundadas (Tabelas 3.19 e 3.20).

Tabela 3.19 – Estimativas de deriva genética entre os ciclos de deriva através dos contrastes entre as médias das 10 subpopulações autofecundadas ($\otimes$) derivadas da população BR-105 em um determinado ciclo (C_n), em relação às médias das respectivas subpopulações nos demais ciclos (C_1 a C_5), para os caracteres altura de planta (AP), altura de espiga (AE) e florescimento masculino (FM)

Subpopulação	AP (cm pl ⁻¹)				
	$C_1 - C_0$	$C_2 - C_1$	$C_3 - C_2$	$C_4 - C_3$	$C_5 - C_4$
1	-9,72 ^{ns}	1,38 ^{ns}	-9,38 ^{ns}	5,63 ^{ns}	1,38 ^{ns}
2	-0,35 ^{ns}	-2,63 ^{ns}	-2,88 ^{ns}	1,25 ^{ns}	-10,88 ^{ns}
3	-10,35 ^{ns}	6,50 ^{ns}	9,13 ^{ns}	-7,38 ^{ns}	2,00 ^{ns}
4	7,28 ^{ns}	-1,13 ^{ns}	-1,63 ^{ns}	0,75 ^{ns}	3,75 ^{ns}
5	-6,72 ^{ns}	1,13 ^{ns}	-0,38 ^{ns}	-13,88*	7,88 ^{ns}
6	5,15 ^{ns}	-6,50 ^{ns}	-6,88 ^{ns}	12,38*	-12,38*
7	-4,10 ^{ns}	5,88 ^{ns}	-14,63*	-11,13 ^{ns}	25,13**
8	4,28 ^{ns}	2,13 ^{ns}	-4,25 ^{ns}	-14,75*	11,75*
9	-14,35*	9,13 ^{ns}	6,13 ^{ns}	-0,50 ^{ns}	-4,25 ^{ns}
10	-3,85 ^{ns}	0,00 ^{ns}	-0,13 ^{ns}	5,75 ^{ns}	-11,00 ^{ns}
Média	-3,27 ^{ns}	1,59 ^{ns}	-2,49 ^{ns}	-2,19 ^{ns}	1,34 ^{ns}

Subpopulação	AE (cm pl ⁻¹)				
	$C_1 - C_0$	$C_2 - C_1$	$C_3 - C_2$	$C_4 - C_3$	$C_5 - C_4$
1	-8,56 ^{ns}	-6,50 ^{ns}	-2,75 ^{ns}	5,50 ^{ns}	-5,88 ^{ns}
2	-3,19 ^{ns}	-4,75 ^{ns}	-3,63 ^{ns}	-4,13 ^{ns}	-1,25 ^{ns}
3	-9,56 ^{ns}	7,88 ^{ns}	0,88 ^{ns}	-3,50 ^{ns}	4,75 ^{ns}
4	-2,69 ^{ns}	1,38 ^{ns}	2,25 ^{ns}	3,38 ^{ns}	-1,63 ^{ns}
5	-9,94*	3,38 ^{ns}	1,13 ^{ns}	-9,88*	2,25 ^{ns}
6	1,06 ^{ns}	-4,38 ^{ns}	-0,63 ^{ns}	-0,13 ^{ns}	-5,88 ^{ns}
7	-7,06 ^{ns}	4,38 ^{ns}	-11,25*	-3,50 ^{ns}	11,75*
8	-0,69 ^{ns}	2,75 ^{ns}	-0,25 ^{ns}	-15,13**	9,00 ^{ns}
9	-21,81**	14,88**	6,63 ^{ns}	-5,88 ^{ns}	-0,88 ^{ns}
10	-10,19*	7,38 ^{ns}	-4,00 ^{ns}	2,88 ^{ns}	-7,75 ^{ns}
Média	-7,26 ^{ns}	2,64 ^{ns}	-1,16 ^{ns}	-3,04 ^{ns}	0,45 ^{ns}

Subpopulação	FM (dias)				
	$C_1 - C_0$	$C_2 - C_1$	$C_3 - C_2$	$C_4 - C_3$	$C_5 - C_4$
1	-2,08**	2,25**	-2,75**	0,63 ^{ns}	1,13 ^{ns}
2	-0,58 ^{ns}	-0,38 ^{ns}	0,00 ^{ns}	-0,25 ^{ns}	0,50 ^{ns}
3	-3,58**	3,25**	-0,63 ^{ns}	-1,38*	1,00 ^{ns}
4	-0,95 ^{ns}	0,75 ^{ns}	0,88 ^{ns}	-1,25 ^{ns}	0,88 ^{ns}
5	0,30 ^{ns}	-0,63 ^{ns}	0,50 ^{ns}	-0,88 ^{ns}	0,25 ^{ns}
6	-0,45 ^{ns}	-0,63 ^{ns}	0,38 ^{ns}	-0,25 ^{ns}	-1,13 ^{ns}
7	-1,33*	2,00**	-2,13**	-0,25 ^{ns}	1,38*
8	-0,83 ^{ns}	0,38 ^{ns}	1,63*	-1,13 ^{ns}	0,00 ^{ns}
9	-0,83 ^{ns}	-0,63 ^{ns}	1,50*	-0,50 ^{ns}	0,38 ^{ns}
10	-1,33*	1,00 ^{ns}	1,13 ^{ns}	-0,13 ^{ns}	-0,38 ^{ns}
Média	-1,16 ^{ns}	0,74 ^{ns}	0,05 ^{ns}	-0,54 ^{ns}	0,40 ^{ns}

^{ns}, * e ** não significativo, significativo a 5% e 1% de probabilidade pelo teste *t*, respectivamente.

Tabela 3.20 – Estimativas de deriva genética entre os ciclos de deriva através dos contrastes entre as médias das 10 subpopulações autofecundadas ($\otimes$) derivadas da população BR-106 em um determinado ciclo (C_n), em relação às médias das respectivas subpopulações nos demais ciclos (C_1 a C_5), para os caracteres altura de planta (AP), altura de espiga (AE) e florescimento masculino (FM)

Subpopulação	AP (cm pl ⁻¹)				
	$C_1 - C_0$	$C_2 - C_1$	$C_3 - C_2$	$C_4 - C_3$	$C_5 - C_4$
1	-15,79*	4,50 ^{ns}	-7,50 ^{ns}	4,63 ^{ns}	-3,50 ^{ns}
2	-10,66 ^{ns}	14,75*	-16,13**	-1,13 ^{ns}	5,63 ^{ns}
3	-19,41**	5,63 ^{ns}	-3,38 ^{ns}	-9,13 ^{ns}	-5,00 ^{ns}
4	-6,16 ^{ns}	5,13 ^{ns}	-2,13 ^{ns}	-2,00 ^{ns}	-2,25 ^{ns}
5	-6,29 ^{ns}	-8,13 ^{ns}	12,88*	-1,88 ^{ns}	-2,25 ^{ns}
6	-9,29 ^{ns}	7,75 ^{ns}	0,88 ^{ns}	6,00 ^{ns}	-13,25*
7	-3,79 ^{ns}	1,38 ^{ns}	1,13 ^{ns}	-1,50 ^{ns}	2,75 ^{ns}
8	-7,41 ^{ns}	-12,63*	-2,38 ^{ns}	10,25 ^{ns}	-21,25**
9	-25,66**	3,75 ^{ns}	2,13 ^{ns}	14,63*	-1,13 ^{ns}
10	-0,66 ^{ns}	-2,75 ^{ns}	-6,38 ^{ns}	-5,88 ^{ns}	-7,63 ^{ns}
Média	-10,51 ^{ns}	1,94 ^{ns}	-2,09 ^{ns}	1,40 ^{ns}	-4,79 ^{ns}

Subpopulação	AE (cm pl ⁻¹)				
	$C_1 - C_0$	$C_2 - C_1$	$C_3 - C_2$	$C_4 - C_3$	$C_5 - C_4$
1	-17,41**	7,00 ^{ns}	-8,88 ^{ns}	7,00 ^{ns}	-4,00 ^{ns}
2	-9,79*	14,38**	-9,38*	2,88 ^{ns}	-3,25 ^{ns}
3	-16,04**	7,00 ^{ns}	-5,63 ^{ns}	-5,00 ^{ns}	-5,63 ^{ns}
4	-7,54 ^{ns}	4,00 ^{ns}	-8,13 ^{ns}	3,63 ^{ns}	-0,63 ^{ns}
5	-8,79 ^{ns}	-6,38 ^{ns}	10,00*	-2,50 ^{ns}	3,50 ^{ns}
6	-4,66 ^{ns}	3,88 ^{ns}	-7,38 ^{ns}	6,38 ^{ns}	-4,88 ^{ns}
7	-6,54 ^{ns}	1,38 ^{ns}	-0,25 ^{ns}	0,00 ^{ns}	1,00 ^{ns}
8	-10,79*	-3,63 ^{ns}	-5,25 ^{ns}	10,75*	-14,50**
9	-16,54**	-2,88 ^{ns}	2,25 ^{ns}	2,63 ^{ns}	-1,75 ^{ns}
10	-6,54 ^{ns}	-1,00 ^{ns}	-9,88*	3,50 ^{ns}	-5,75 ^{ns}
Média	-10,46*	2,38 ^{ns}	-4,25 ^{ns}	2,93 ^{ns}	-3,59 ^{ns}

Subpopulação	FM (dias)				
	$C_1 - C_0$	$C_2 - C_1$	$C_3 - C_2$	$C_4 - C_3$	$C_5 - C_4$
1	0,84 ^{ns}	-0,25 ^{ns}	-3,38**	0,75 ^{ns}	-0,38 ^{ns}
2	1,09 ^{ns}	1,75*	-2,88**	2,13**	-3,50**
3	0,21 ^{ns}	0,50 ^{ns}	-0,63 ^{ns}	-0,50 ^{ns}	2,00*
4	0,21 ^{ns}	-0,38 ^{ns}	-3,25**	0,63 ^{ns}	0,88 ^{ns}
5	-1,04 ^{ns}	-0,75 ^{ns}	0,25 ^{ns}	-0,63 ^{ns}	-0,13 ^{ns}
6	0,09 ^{ns}	2,00*	-4,00**	0,88 ^{ns}	-2,13**
7	2,09**	0,75 ^{ns}	-3,00**	-1,38 ^{ns}	1,75*
8	0,21 ^{ns}	-2,13**	0,50 ^{ns}	0,75 ^{ns}	1,50 ^{ns}
9	1,96*	-1,63*	-2,75**	-0,25 ^{ns}	2,00*
10	0,59 ^{ns}	-0,25 ^{ns}	-2,75**	1,25 ^{ns}	1,75*
Média	0,63 ^{ns}	-0,04 ^{ns}	-2,19**	0,36 ^{ns}	0,38 ^{ns}

^{ns}, * e ** não significativo, significativo a 5% e 1% de probabilidade pelo teste *t*, respectivamente.

Para o caráter FF da população BR-105 $\otimes$, a quantidade de estimativas significativas foi similar em relação à mesma população não autofecundada, porém o número de estimativas positivas diminuiu para seis e a de negativas aumentou para sete. As subpopulações 3 e 7 flutuaram mais que as demais, visto que apresentaram maiores variações nos sinais das estimativas de um ciclo para o outro. Já para a população BR-106 $\otimes$, da mesma forma como para a BR-106 não autofecundada, o efeito médio entre os ciclos 2 e 3 (-2,99 dias) foi significativo, mas de maior magnitude. Também houve aumento na quantidade total de estimativas significativas, sendo que o número de estimativas positivas e negativas aumentou para nove e doze, respectivamente. A maioria das subpopulações apresentou variações nos sinais das estimativas entre os ciclos, com exceção das subpopulações 1, 5 e 6 (Tabelas 3.21 e 3.22).

Em relação ao caráter NRP, não foi detectado efeito médio da deriva entre os ciclos em ambas as populações autofecundadas e, em comparação com as populações não autofecundadas, houve aumento no total de estimativas significativas. Na população BR-105 $\otimes$, houve aumento tanto das estimativas positivas quanto das negativas e, na BR-106 $\otimes$, somente as estimativas negativas aumentaram. As subpopulações 1, 2, 7 e 8 da população BR-105 $\otimes$ e 1, 2, 4 e 7 da BR-106 $\otimes$ apresentaram variações nos sinais e na magnitude das estimativas entre os ciclos, indicando que, para as duas populações, as estimativas entre os ciclos aumentaram e diminuíram de forma aleatória, em consequência da deriva genética e da autofecundação (Tabelas 3.21 e 3.22).

De maneira geral, todos os caracteres das populações autofecundadas apresentaram menor quantidade de estimativas acumuladas que as populações não autofecundadas, com exceção dos caracteres FM e FF da população BR-106 $\otimes$. Houve uma tendência de maior concentração de estimativas significativas nos ciclos finais, indicando que quanto mais avançado o ciclo, mais as subpopulações se diferenciaram da população original. Para os caracteres FM e FF da população BR-105 $\otimes$, ao contrário do que ocorreu para as populações não autofecundadas, houve maior número de estimativas negativas que positivas, indicando que estas subpopulações foram mais precoces que a população original.

Em relação às estimativas de deriva entre os ciclos, observou-se que, de forma geral, as estimativas significativas das subpopulações ficaram distribuídas de forma aleatória tanto nos ciclos iniciais quanto nos finais para todos os caracteres avaliados. Além disso, a deriva genética em conjunto com a autofecundação alterou o desempenho de algumas subpopulações autofecundadas, quando comparadas com as não autofecundadas. Houve mudanças na quantidade de estimativas significativas, na magnitude e nos sinais destas estimativas. O N_E

reduzido utilizado ao longo dos ciclos contribuiu para a fixação ou perda de alelos favoráveis ou desfavoráveis de forma aleatória, fazendo com que as subpopulações flutuassem irregularmente e gradativamente fossem se diferenciando (FALCONER; MACKAY, 1996).

Para todos os caracteres, a população BR-106 $\otimes$ apresentou maior quantidade de estimativas significativas em relação à população BR-105 $\otimes$, tanto acumuladas quanto entre os ciclos. Assim, pode-se afirmar que a estrutura genética da população utilizada e o tipo de ação gênica que controla o caráter afetaram diretamente os efeitos da endogamia gerados pela deriva genética e pela autofecundação. Como a população BR-105 foi submetida a cinco ciclos de seleção recorrente de alta intensidade com progênies S_1 's, teoricamente, é menos sensível aos efeitos da endogamia que a população BR-106 (SOUZA JR et al., 1993).

Tabela 3.21 – Estimativas de deriva genética entre os ciclos de deriva através dos contrastes entre as médias das 10 subpopulações autofecundadas ($\otimes$) derivadas da população BR-105 em um determinado ciclo (C_n), em relação às médias das respectivas subpopulações nos demais ciclos (C_1 a C_5), para os caracteres florescimento feminino (FF) e número de ramificações do pendão (NRP)

Subpopulação	FF (dias)				
	$C_1 - C_0$	$C_2 - C_1$	$C_3 - C_2$	$C_4 - C_3$	$C_5 - C_4$
1	-1,39 ^{ns}	0,63 ^{ns}	-1,75*	0,13 ^{ns}	1,00 ^{ns}
2	0,61 ^{ns}	-2,38**	0,75 ^{ns}	0,00 ^{ns}	1,38 ^{ns}
3	-2,51**	3,38**	-2,38**	-1,38 ^{ns}	1,75*
4	-0,26 ^{ns}	1,13 ^{ns}	-0,63 ^{ns}	0,13 ^{ns}	1,50 ^{ns}
5	0,36 ^{ns}	-1,00 ^{ns}	2,50**	-1,38 ^{ns}	-0,50 ^{ns}
6	-0,51 ^{ns}	0,63 ^{ns}	-0,75 ^{ns}	0,88 ^{ns}	-2,00*
7	-1,14 ^{ns}	1,75*	-2,00*	0,38 ^{ns}	0,63 ^{ns}
8	0,36 ^{ns}	0,25 ^{ns}	1,00 ^{ns}	0,00 ^{ns}	-0,13 ^{ns}
9	-0,26 ^{ns}	-1,63 ^{ns}	2,88**	-1,00 ^{ns}	1,75*
10	-1,39 ^{ns}	1,25 ^{ns}	0,25 ^{ns}	0,63 ^{ns}	-1,75*
Média	-0,61 ^{ns}	0,40 ^{ns}	-0,01 ^{ns}	-0,16 ^{ns}	0,36 ^{ns}

Subpopulação	NRP (n°)				
	$C_1 - C_0$	$C_2 - C_1$	$C_3 - C_2$	$C_4 - C_3$	$C_5 - C_4$
1	-1,23 ^{ns}	-4,70**	5,35**	-0,20 ^{ns}	-3,70**
2	3,58**	-1,90 ^{ns}	1,60 ^{ns}	-3,85**	-0,58 ^{ns}
3	-0,70 ^{ns}	-0,40 ^{ns}	-1,40 ^{ns}	0,65 ^{ns}	-0,20 ^{ns}
4	-1,25 ^{ns}	-1,03 ^{ns}	2,78*	-0,28 ^{ns}	2,65 ^{ns}
5	-1,50 ^{ns}	2,08 ^{ns}	-3,60**	-0,70 ^{ns}	0,40 ^{ns}
6	-2,28 ^{ns}	2,28 ^{ns}	-2,30 ^{ns}	1,80 ^{ns}	-2,78*
7	-1,48 ^{ns}	0,65 ^{ns}	4,03**	-6,05**	-0,70 ^{ns}
8	-0,20 ^{ns}	0,05 ^{ns}	0,60 ^{ns}	-3,55**	2,73*
9	0,32 ^{ns}	2,65 ^{ns}	-3,03*	-1,05 ^{ns}	-0,95 ^{ns}
10	-1,30 ^{ns}	0,50 ^{ns}	-4,95**	0,52 ^{ns}	0,10 ^{ns}
Média	-0,60 ^{ns}	0,02 ^{ns}	-0,09 ^{ns}	-1,27 ^{ns}	-0,30 ^{ns}

^{ns}, * e ** não significativo, significativo a 5% e 1% de probabilidade pelo teste t , respectivamente.

Tabela 3.22 – Estimativas de deriva genética entre os ciclos de deriva através dos contrastes entre as médias das 10 subpopulações autofecundadas ($\otimes$) derivadas da população BR-106 em um determinado ciclo (C_n), em relação às médias das respectivas subpopulações nos demais ciclos (C_1 a C_5), para os caracteres florescimento feminino (FF) e número de ramificações do pendão (NRP)

Subpopulação	FF (dias)				
	$C_1 - C_0$	$C_2 - C_1$	$C_3 - C_2$	$C_4 - C_3$	$C_5 - C_4$
1	0,34 ^{ns}	-0,13 ^{ns}	-3,75**	0,13 ^{ns}	-0,75 ^{ns}
2	0,96 ^{ns}	2,75**	-4,00**	1,88*	-3,13**
3	-0,79 ^{ns}	0,63 ^{ns}	-1,75*	0,13 ^{ns}	1,75*
4	-0,16 ^{ns}	2,38**	-5,63**	0,25 ^{ns}	0,38 ^{ns}
5	-1,66 ^{ns}	-1,38 ^{ns}	0,50 ^{ns}	-0,88 ^{ns}	0,75 ^{ns}
6	0,34 ^{ns}	1,00 ^{ns}	-4,38**	1,38 ^{ns}	-1,00 ^{ns}
7	1,96*	1,25 ^{ns}	-2,88**	-2,50**	1,00 ^{ns}
8	-0,16 ^{ns}	-1,75*	-0,88 ^{ns}	1,50 ^{ns}	2,50**
9	2,34**	-1,88*	-4,63**	0,25 ^{ns}	2,63**
10	-0,04 ^{ns}	-0,38 ^{ns}	-2,50**	1,75*	1,13 ^{ns}
Média	0,31 ^{ns}	0,25 ^{ns}	-2,99**	0,39 ^{ns}	0,53 ^{ns}

Subpopulação	NRP (n°)				
	$C_1 - C_0$	$C_2 - C_1$	$C_3 - C_2$	$C_4 - C_3$	$C_5 - C_4$
1	-3,71**	2,73*	0,15 ^{ns}	-3,40**	-0,40 ^{ns}
2	-0,16 ^{ns}	4,00**	-2,73*	-2,93*	1,63 ^{ns}
3	-3,36**	0,70 ^{ns}	0,28 ^{ns}	-1,08 ^{ns}	-3,70**
4	-3,96**	1,55 ^{ns}	-2,80*	-0,50 ^{ns}	4,83**
5	0,34 ^{ns}	-3,85**	0,80 ^{ns}	-1,45 ^{ns}	0,45 ^{ns}
6	-1,01 ^{ns}	-0,63 ^{ns}	-2,18 ^{ns}	0,57 ^{ns}	0,83 ^{ns}
7	-3,34**	4,10**	-1,83 ^{ns}	3,10*	-1,20 ^{ns}
8	1,61 ^{ns}	-2,60*	-0,02 ^{ns}	0,80 ^{ns}	-0,08 ^{ns}
9	-0,51 ^{ns}	1,00 ^{ns}	-2,43 ^{ns}	-1,53 ^{ns}	0,63 ^{ns}
10	-0,79 ^{ns}	1,18 ^{ns}	-1,15 ^{ns}	2,10 ^{ns}	0,65 ^{ns}
Média	-1,49 ^{ns}	0,82 ^{ns}	-1,19 ^{ns}	-0,43 ^{ns}	0,36 ^{ns}

^{ns}, * e ** não significativo, significativo a 5% e 1% de probabilidade pelo teste *t*, respectivamente.

3.2.2.4 Depressão por endogamia

Para o caráter AP, os efeitos médios da depressão por endogamia (DEN) foram significativos ($p \leq 0,05$ ou $p \leq 0,01$) para os três primeiros ciclos da população BR-105 e para os ciclos 1, 2, 3 e 5 da população BR-106, indicando que esta população apresentou DEN de maior magnitude que a BR-105. Foi observado que, nos dois primeiros ciclos, as estimativas de DEN foram de maior magnitude que nos demais. As estimativas de DEN para a população BR-105 variaram de -39,38 a -13,00 cm pl⁻¹ para as subpopulações 3 e 8 nos ciclos 2 e 4, respectivamente. Para a população BR-106, as estimativas variaram de -28,75 a -14,88 cm pl⁻¹ para as subpopulações 1 e 9 nos ciclos 2 e 4, respectivamente (Tabelas 3.23 e 3.24).

Considerando o caráter AE da população BR-105, foram observados efeitos médios significativos apenas para os dois primeiros ciclos, sendo menos intensos que para o caráter AP da mesma população. As estimativas de DEN variaram de -24,00 a -10,13 cm pl⁻¹ para as subpopulações 3 e 8 do C2, respectivamente. A subpopulação 2 não apresentou estimativas de DEN significativas em nenhum ciclo de deriva. Já para a população BR-106, a performance do caráter AE foi similar à do caráter AP da mesma população, em que somente o quarto ciclo não foi significativo, indicando que a perda de vigor foi maior nesta população. As estimativas de DEN variaram de -24,25 a -10,75 cm pl⁻¹ para a subpopulação 4 nos ciclos 2 e 3, respectivamente (Tabelas 3.23 e 3.24).

Os efeitos médios da DEN para o caráter FM foram significativos em todos os ciclos, indicando que houve perda de vigor intensa nas duas populações avaliadas, superior na BR-106, já que esta população apresentou estimativas de maior magnitude. Para este caráter, a perda de vigor se refletiu em plantas de ciclos mais tardios. Na população BR-105, as estimativas variaram de 1,50 a 4,50 dias para as subpopulações 3 (C3) e 1 (C2) e, na população BR-106, as estimativas variaram de 1,75 a 4,38 dias para as subpopulações 9 no C3, e 3 e 6 no C5 e C2, respectivamente (Tabelas 3.23 e 3.24).

O caráter FF obteve um desempenho similar ao caráter FM, pois os efeitos médios de DEN foram significativos em todos os ciclos para as duas populações. Para a população BR-105, as estimativas variaram de 1,75 a 3,75 dias para as subpopulações 3, 6 e 1, no C5, C1 e C2, respectivamente. Já na população BR-106, as estimativas variaram de 1,88 a 5,38 dias para as subpopulações 1 no C5 e 9 no C1. Novamente a população BR-106 apresentou estimativas de DEN de maior magnitude do que a população BR-105 (Tabelas 3.25 e 3.26).

O caráter NRP, ao contrário dos demais caracteres, não apresentou efeitos médios significativos em nenhuma população. Na população BR-105, apenas quinze estimativas foram significativas, variando de -6,28 a -3,15 para as subpopulações 1 e 5 no segundo e primeiro ciclos, respectivamente. Já para a população BR-106, somente quatro estimativas foram significativas, variando de -3,78 a -2,73 para as subpopulações 7 e 9 nos ciclos 3 e 2, respectivamente. De maneira geral, para este caráter a DEN não foi muito intensa e, portanto, as médias das subpopulações com e sem autofecundação não apresentaram muitas diferenças entre si (Tabelas 3.25 e 3.26).

A depressão por endogamia variou em diferentes magnitudes nas subpopulações avaliadas, dependendo da estrutura genética da população de origem e do tipo de ação gênica que controla o caráter. Como a deriva genética resulta na perda ou fixação de alelos favoráveis ou desfavoráveis de forma aleatória, contribuiu para a diferença de perda de vigor

existente entre as subpopulações. Os caracteres FM e FF apresentaram as subpopulações com maior quantidade de estimativas significativas, seguidos pelos caracteres AE, AP e NRP.

De maneira geral, as estimativas significativas e de maior magnitude de DEN se concentraram nos dois primeiros ciclos, exceto para o caráter NRP da população BR-106. Tal resultado era esperado, já que a perda de vigor é mais acentuada nas primeiras gerações de autofecundação e, portanto, as subpopulações dos ciclos iniciais apresentaram estimativas de maior magnitude. A população BR-106 apresentou maior quantidade de estimativas significativas e de maior magnitude que a população BR-105, como esperado, com exceção novamente do caráter NRP da população BR-106. Como a população BR-105 foi obtida por meio da seleção entre progênies S_1 's, era esperado que fosse menos sensível aos efeitos da endogamia do que a população BR-106 (SOUZA JR et al., 1993).

Tabela 3.23 – Estimativas isoladas de depressão por endogamia através dos contrastes entre as médias das 10 subpopulações autofecundadas (⊗) com as médias das mesmas 10 subpopulações não autofecundadas (#), obtidas da população original BR-105, nos cinco ciclos de deriva (C₁ a C₅), para os caracteres altura de planta (AP), altura de espiga (AE) e florescimento masculino (FM)

Subpopulação	AP (cm pl ⁻¹)				
	C ₁ ⊗ – C ₁ #	C ₂ ⊗ – C ₂ #	C ₃ ⊗ – C ₃ #	C ₄ ⊗ – C ₄ #	C ₅ ⊗ – C ₅ #
1	-10,00 ^{ns}	-17,38**	-16,88**	-15,13*	-11,63 ^{ns}
2	-14,63*	-7,13 ^{ns}	-9,75 ^{ns}	-14,25*	-19,13**
3	-21,50**	-39,38**	-13,75*	-3,63 ^{ns}	-16,50*
4	-15,88*	-22,88**	-21,13**	-25,88**	-14,75*
5	-17,50**	-27,75**	-16,50*	-11,25 ^{ns}	-7,75 ^{ns}
6	-23,75**	-23,75**	-26,88**	-18,38**	-5,50 ^{ns}
7	-22,25**	-18,13**	-15,25*	-9,88 ^{ns}	10,75 ^{ns}
8	-7,25 ^{ns}	-11,50 ^{ns}	-7,88 ^{ns}	-13,00*	-2,75 ^{ns}
9	-16,63**	-9,63 ^{ns}	-8,50 ^{ns}	-13,38*	-4,88 ^{ns}
10	-26,63**	-13,50*	-27,63**	3,88 ^{ns}	-14,38*
Média	-17,60**	-19,10**	-16,41*	-12,09 ^{ns}	-8,65 ^{ns}

Subpopulação	AE (cm pl ⁻¹)				
	C ₁ ⊗ – C ₁ #	C ₂ ⊗ – C ₂ #	C ₃ ⊗ – C ₃ #	C ₄ ⊗ – C ₄ #	C ₅ ⊗ – C ₅ #
1	0,25 ^{ns}	-16,63**	-10,88*	-8,25 ^{ns}	-8,63 ^{ns}
2	-9,38 ^{ns}	-4,00 ^{ns}	1,25 ^{ns}	-5,00 ^{ns}	-5,38 ^{ns}
3	-11,75*	-24,00**	-7,50 ^{ns}	-0,13 ^{ns}	-8,13 ^{ns}
4	-18,75**	-17,38**	-8,63 ^{ns}	-15,75**	-10,75*
5	-9,88 ^{ns}	-16,75**	-11,50*	-3,75 ^{ns}	-10,50*
6	-17,38**	-10,75*	-12,00*	-15,00**	-2,50 ^{ns}
7	-15,63**	-7,75 ^{ns}	-8,13 ^{ns}	0,25 ^{ns}	9,63 ^{ns}
8	-2,00 ^{ns}	-10,13*	-7,50 ^{ns}	-4,88 ^{ns}	2,88 ^{ns}
9	-11,13*	2,13 ^{ns}	1,00 ^{ns}	-10,38*	-0,38 ^{ns}
10	-17,38**	3,38 ^{ns}	-12,75*	5,25 ^{ns}	-7,50 ^{ns}
Média	-11,30*	-10,19*	-7,66 ^{ns}	-5,76 ^{ns}	-4,13 ^{ns}

Subpopulação	FM (dias)				
	C ₁ ⊗ – C ₁ #	C ₂ ⊗ – C ₂ #	C ₃ ⊗ – C ₃ #	C ₄ ⊗ – C ₄ #	C ₅ ⊗ – C ₅ #
1	2,50**	4,50**	1,63*	1,75*	0,75 ^{ns}
2	3,13**	2,75**	3,38**	3,00**	1,00 ^{ns}
3	1,25 ^{ns}	2,38**	1,50*	1,63*	1,88**
4	2,00**	1,88**	2,50**	2,00**	1,38 ^{ns}
5	2,88**	2,13**	2,63**	1,63*	0,75 ^{ns}
6	1,38 ^{ns}	2,38**	2,13**	2,25**	1,88**
7	2,75**	3,63**	2,63**	1,13 ^{ns}	0,50 ^{ns}
8	3,13**	1,13 ^{ns}	2,88**	1,38 ^{ns}	2,13**
9	2,88**	3,00**	3,13**	2,75**	1,63*
10	2,13**	3,38**	2,00**	1,25 ^{ns}	3,00**
Média	2,40**	2,71**	2,44**	1,88**	1,49*

^{ns}, * e ** não significativo, significativo a 5% e 1% de probabilidade pelo teste *t*, respectivamente.

Tabela 3.24 – Estimativas isoladas de depressão por endogamia através dos contrastes entre as médias das 10 subpopulações autofecundadas (⊗) com as médias das mesmas 10 subpopulações não autofecundadas (#), obtidas da população original BR-106, nos cinco ciclos de deriva (C₁ a C₅), para os caracteres altura de planta (AP), altura de espiga (AE) e florescimento masculino (FM)

Subpopulação	AP (cm pl ⁻¹)				
	C _{1⊗} – C _{1#}	C _{2⊗} – C _{2#}	C _{3⊗} – C _{3#}	C _{4⊗} – C _{4#}	C _{5⊗} – C _{5#}
1	-19,38**	-28,75**	-17,50*	-17,88*	-17,50*
2	-26,50**	-16,38*	-8,00 ^{ns}	-15,38*	-5,13 ^{ns}
3	-26,00**	-15,88*	-6,88 ^{ns}	-3,00 ^{ns}	-13,13 ^{ns}
4	-14,25 ^{ns}	-27,13**	-17,50*	-15,13*	-13,88 ^{ns}
5	-17,00*	-19,88**	-22,63**	-10,88 ^{ns}	-23,88**
6	-22,50**	-23,25**	-11,38 ^{ns}	-4,13 ^{ns}	-10,88 ^{ns}
7	-19,13**	-24,75**	-22,13**	-22,38**	-22,00**
8	-18,63*	-22,25**	-22,13**	-2,75 ^{ns}	-17,75*
9	-18,50*	-22,88**	-10,75 ^{ns}	-14,88*	-18,63*
10	-21,75**	-24,88**	-22,13**	-18,38*	-15,50*
Média	-20,36**	-22,60**	-16,10*	-12,48 ^{ns}	-15,83*

Subpopulação	AE (cm pl ⁻¹)				
	C _{1⊗} – C _{1#}	C _{2⊗} – C _{2#}	C _{3⊗} – C _{3#}	C _{4⊗} – C _{4#}	C _{5⊗} – C _{5#}
1	-12,50*	-14,38**	-13,50*	-12,00*	-15,38**
2	-15,25**	-11,25*	-0,88 ^{ns}	-13,63*	-4,75 ^{ns}
3	-19,88**	-16,88**	-7,25 ^{ns}	-7,13 ^{ns}	-13,75*
4	-10,38 ^{ns}	-24,25**	-10,75*	-13,50*	-13,25*
5	-11,13*	-13,63*	-13,00*	-13,00*	-11,50*
6	-13,25*	-12,88*	-12,88*	-6,25 ^{ns}	-4,88 ^{ns}
7	-12,00*	-16,63**	-10,00 ^{ns}	-10,00 ^{ns}	-15,25**
8	-13,00*	-12,75*	-11,13*	2,00 ^{ns}	-13,00*
9	-5,88 ^{ns}	-16,88**	-10,38 ^{ns}	-12,25*	-14,25**
10	-10,75*	-11,25*	-18,25**	-9,75 ^{ns}	-7,00 ^{ns}
Média	-12,40*	-15,08**	-10,80*	-9,55 ^{ns}	-11,30*

Subpopulação	FM (dias)				
	C _{1⊗} – C _{1#}	C _{2⊗} – C _{2#}	C _{3⊗} – C _{3#}	C _{4⊗} – C _{4#}	C _{5⊗} – C _{5#}
1	3,00**	2,75**	2,13*	3,13**	2,25**
2	4,00**	4,13**	3,63**	3,50**	0,50 ^{ns}
3	3,25**	3,63**	2,38**	1,38 ^{ns}	4,38**
4	3,13**	2,25**	2,25**	2,38**	2,63**
5	2,63**	3,13**	2,63**	1,63 ^{ns}	1,63 ^{ns}
6	3,13**	4,38**	1,88*	3,88**	0,75 ^{ns}
7	3,63**	2,00*	2,75**	2,50**	2,88**
8	3,75**	3,00**	3,88**	2,38**	3,25**
9	3,38**	2,00*	1,75*	2,25**	2,50**
10	3,88**	2,63**	2,63**	3,13**	2,63**
Média	3,38**	2,99**	2,59**	2,61**	2,34**

^{ns}, * e ** não significativo, significativo a 5% e 1% de probabilidade pelo teste *t*, respectivamente.

Tabela 3.25 – Estimativas isoladas de depressão por endogamia através dos contrastes entre as médias das 10 subpopulações autofecundadas (⊗) com as médias das mesmas 10 subpopulações não autofecundadas (#), obtidas da população original BR-105, nos cinco ciclos de deriva (C₁ a C₅), para os caracteres florescimento feminino (FF) e número de ramificações do pendão (NRP)

Subpopulação	FF (dias)				
	C _{1⊗} – C _{1#}	C _{2⊗} – C _{2#}	C _{3⊗} – C _{3#}	C _{4⊗} – C _{4#}	C _{5⊗} – C _{5#}
1	3,13**	3,75**	1,63 ^{ns}	2,00*	1,25 ^{ns}
2	3,25**	1,88*	3,25**	1,88*	1,13 ^{ns}
3	1,50 ^{ns}	2,00*	1,25 ^{ns}	1,00 ^{ns}	1,75*
4	2,75**	2,50**	1,13 ^{ns}	1,88*	2,88**
5	3,00**	1,13 ^{ns}	3,63**	2,63**	1,63 ^{ns}
6	1,75*	2,88**	2,25**	2,75**	1,38 ^{ns}
7	2,88**	3,13**	2,13*	1,00 ^{ns}	0,75 ^{ns}
8	3,50**	1,88*	2,38**	2,13*	2,63**
9	2,63**	1,50 ^{ns}	3,38**	3,25**	2,00*
10	2,50**	3,25**	2,13*	0,00 ^{ns}	2,13*
Média	2,69**	2,39**	2,31**	1,85*	1,75*

Subpopulação	NRP (n°)				
	C _{1⊗} – C _{1#}	C _{2⊗} – C _{2#}	C _{3⊗} – C _{3#}	C _{4⊗} – C _{4#}	C _{5⊗} – C _{5#}
1	-4,18**	-6,28**	-1,90 ^{ns}	-0,10 ^{ns}	-1,25 ^{ns}
2	-2,13 ^{ns}	-5,50**	-4,58**	-1,60 ^{ns}	-3,93*
3	-4,18**	-5,03**	-4,05**	-1,95 ^{ns}	-4,05**
4	-2,63 ^{ns}	-4,65**	-1,15 ^{ns}	-3,28*	0,20 ^{ns}
5	-3,15*	-0,18 ^{ns}	-1,43 ^{ns}	-1,03 ^{ns}	-0,23 ^{ns}
6	-2,18 ^{ns}	-3,35*	-1,35 ^{ns}	-0,95 ^{ns}	-3,63*
7	-0,15 ^{ns}	-2,33 ^{ns}	-1,23 ^{ns}	-0,78 ^{ns}	-0,60 ^{ns}
8	-1,63 ^{ns}	-1,43 ^{ns}	-1,85 ^{ns}	-2,93 ^{ns}	-0,27 ^{ns}
9	-1,95 ^{ns}	-1,03 ^{ns}	-1,58 ^{ns}	-3,35*	-2,43 ^{ns}
10	-0,57 ^{ns}	0,32 ^{ns}	-1,75 ^{ns}	1,40 ^{ns}	-0,70 ^{ns}
Média	-2,27 ^{ns}	-2,94 ^{ns}	-2,09 ^{ns}	-1,46 ^{ns}	-1,69 ^{ns}

^{ns}, * e ** não significativo, significativo a 5% e 1% de probabilidade pelo teste *t*, respectivamente.

Tabela 3.26 – Estimativas isoladas de depressão por endogamia através dos contrastes entre as médias das 10 subpopulações autofecundadas (⊗) com as médias das mesmas 10 subpopulações não autofecundadas (#), obtidas da população original BR-106, nos cinco ciclos de deriva (C₁ a C₅), para os caracteres florescimento feminino (FF) e número de ramificações do pendão (NRP)

Subpopulação	FF (dias)				
	C _{1⊗} – C _{1#}	C _{2⊗} – C _{2#}	C _{3⊗} – C _{3#}	C _{4⊗} – C _{4#}	C _{5⊗} – C _{5#}
1	3,13**	3,25**	2,50**	2,75**	1,88*
2	3,75**	4,00**	4,00**	3,75**	0,13 ^{ns}
3	2,75**	3,38**	2,13*	2,13*	3,50**
4	3,38**	4,00**	2,38**	1,38 ^{ns}	3,25**
5	3,13**	2,38**	3,13**	1,38 ^{ns}	2,38**
6	4,25**	4,00**	0,88 ^{ns}	3,13**	1,50 ^{ns}
7	3,00**	2,75**	3,88**	2,38**	2,13*
8	3,75**	3,63**	3,00**	2,50**	3,38**
9	5,38**	2,75**	1,25 ^{ns}	1,00 ^{ns}	2,63**
10	3,25**	2,38**	2,75**	3,25**	2,50**
Média	3,58**	3,25**	2,59**	2,36**	2,33*

Subpopulação	NRP (nº)				
	C _{1⊗} – C _{1#}	C _{2⊗} – C _{2#}	C _{3⊗} – C _{3#}	C _{4⊗} – C _{4#}	C _{5⊗} – C _{5#}
1	-2,43 ^{ns}	-3,48*	0,05 ^{ns}	-1,83 ^{ns}	1,00 ^{ns}
2	0,65 ^{ns}	0,57 ^{ns}	-0,10 ^{ns}	-0,77 ^{ns}	1,40 ^{ns}
3	-1,65 ^{ns}	-0,42 ^{ns}	-0,35 ^{ns}	0,45 ^{ns}	-1,48 ^{ns}
4	-0,10 ^{ns}	0,15 ^{ns}	-1,68 ^{ns}	-0,28 ^{ns}	0,63 ^{ns}
5	-1,20 ^{ns}	-1,33 ^{ns}	0,20 ^{ns}	-1,08 ^{ns}	-0,10 ^{ns}
6	1,40 ^{ns}	-1,53 ^{ns}	-1,78 ^{ns}	0,42 ^{ns}	0,08 ^{ns}
7	-2,08 ^{ns}	-1,88 ^{ns}	-3,78**	1,70 ^{ns}	-1,48 ^{ns}
8	0,48 ^{ns}	-1,28 ^{ns}	-0,82 ^{ns}	0,25 ^{ns}	-0,20 ^{ns}
9	-0,18 ^{ns}	-2,73*	-2,60 ^{ns}	-2,43 ^{ns}	-2,20 ^{ns}
10	-0,98 ^{ns}	-2,03 ^{ns}	-2,78*	-0,63 ^{ns}	-1,20 ^{ns}
Média	-0,61 ^{ns}	-1,39 ^{ns}	-1,36 ^{ns}	-0,42 ^{ns}	-0,36 ^{ns}

^{ns}, * e ** não significativo, significativo a 5% e 1% de probabilidade pelo teste *t*, respectivamente.

3.2.2.5 Análises de regressão linear

Foram realizadas análises de regressão linear (RL) para as populações nos dois níveis de endogamia separadamente, e somente as subpopulações significativas para RL foram apresentadas nos gráficos. Para o caráter AP das duas populações não autofecundadas, a maioria das subpopulações foi significativa ($p \leq 0,05$ ou $p \leq 0,01$) para RL, exceto a subpopulação 4 da população BR-105 e 5, 7 e 9 da população BR-106. A maioria das subpopulações da população BR-105 apresentou significância para os desvios de regressão (DR), exceto as subpopulações 2, 8 e a média das dez subpopulações ($\bar{x}$). Já para a população BR-106, somente três subpopulações (1, 2 e 4) foram significativas para os DR. Essas

populações, de modo geral, apresentaram coeficientes de determinação (R^2) de baixa magnitude, indicando que a RL não foi suficiente para explicar a variação do caráter. Nas duas populações, as médias das dez subpopulações apresentaram efeito linear no sentido da redução da altura das plantas a cada ciclo de deriva, com $3,66 \text{ cm pl}^{-1}$ para a população BR-105 e $3,69 \text{ cm pl}^{-1}$ para a BR-106, indicando que esta última apresentou uma queda de vigor maior ao longo dos ciclos de deriva genética (Figuras 3.1 e 3.2, Anexos AM e AN).

Considerando o caráter AP das populações autofecundadas, observou-se uma redução expressiva no número de subpopulações significativas para RL, sendo mais intensa na população BR-105. As médias das subpopulações não foram significativas para nenhuma população e poucas subpopulações apresentaram efeito linear. Para a população BR-105, as subpopulações 1, 2 e 5 foram significativas para RL e para os DR. Já na população BR-106, as subpopulações 1, 3, 8 e 10 foram significativas para RL, sendo que a 8 também apresentou significância para os DR. O efeito da deriva genética em conjunto com o da autofecundação alterou a linearidade da maioria das subpopulações para esse caráter (Figuras 3.3 e 3.4, Anexos AO e AP).

Em relação ao caráter AE das populações sem autofecundação, uma menor quantidade de subpopulações apresentou efeitos lineares significativos em relação ao caráter AP. A população BR-105 apresentou sete subpopulações significativas para RL, sendo que cinco delas foram significativas para os DR. Já para a população BR-106, seis subpopulações foram significativas para RL, sendo que a 1 e a 2 também foram significativas para os DR, apresentando R^2 de baixa magnitude. Assim como para o caráter AP, as médias das dez subpopulações foram significativas para RL. Portanto, a cada ciclo de deriva genética, houve uma redução na altura das espigas de $2,92 \text{ cm pl}^{-1}$ para a população BR-105 e de $2,23 \text{ cm pl}^{-1}$ para a BR-106, demonstrando que, para este caráter, a população BR-105 sofreu maiores reduções nas médias que a população BR-106 (Figuras 3.1 e 3.2, Anexos AM e AN).

Para o caráter AE das populações autofecundadas, houve uma leve diminuição no número de subpopulações com efeito linear em relação às populações não autofecundadas. Para a população BR-105, as subpopulações 1, 2, 5, 6, 7 e 8 apresentaram efeito linear, sendo que as duas últimas foram significativas para os DR, apresentando R^2 de menor magnitude. Para a BR-106, cinco subpopulações (1, 3, 8, 9 e 10) e a média apresentaram efeito linear, sendo que as subpopulações 1, 8 e 9 foram significativas para os DR. Para esta população, em média, a cada ciclo de deriva genética, houve uma redução de $1,89 \text{ cm pl}^{-1}$. A autofecundação e a deriva genética alteraram o desempenho das subpopulações para este caráter com menor intensidade do que para o caráter AP (Figuras 3.3 e 3.4, Anexos AO e AP).

^a somente as subpopulações significativas para RL foram apresentadas nos gráficos; ns, * e ** não significativo, significativo a 5% e 1% de probabilidade pelo teste *F*, respectivamente.

Figura 3.1 – Equações de regressão, coeficientes de determinação (R²) e significâncias da regressão linear (RL) para as 10 subpopulações não autofecundadas e a média entre elas ($\bar{x}$), obtidas da população original BR-105, para os caracteres altura de planta (AP) e altura de espiga (AE)

^a somente as subpopulações significativas para RL foram apresentadas nos gráficos; ns, * e ** não significativo, significativo a 5% e 1% de probabilidade pelo teste *F*, respectivamente.

Figura 3.2 – Equações de regressão, coeficientes de determinação (R²) e significâncias da regressão linear (RL) para as 10 subpopulações não autofecundadas e a média entre elas ($\bar{x}$), obtidas da população original BR-106, para os caracteres altura de planta (AP) e altura de espiga (AE)

^a somente as subpopulações significativas para RL foram apresentadas nos gráficos; ns, * e ** não significativo, significativo a 5% e 1% de probabilidade pelo teste *F*, respectivamente.

Figura 3.3 – Equações de regressão, coeficientes de determinação (R²) e significâncias da regressão linear (RL) para as 10 subpopulações autofecundadas (⊗) e a média entre elas ($\bar{x}$), obtidas da população original BR-105, para os caracteres altura de planta (AP) e altura de espiga (AE)

^a somente as subpopulações significativas para RL foram apresentadas nos gráficos; ns, * e ** não significativo, significativo a 5% e 1% de probabilidade pelo teste *F*, respectivamente.

Figura 3.4 – Equações de regressão, coeficientes de determinação (R²) e significâncias da regressão linear (RL) para as 10 subpopulações autofecundadas (⊗) e a média entre elas ($\bar{x}$), obtidas da população original BR-106, para os caracteres altura de planta (AP) e altura de espiga (AE)

Em relação ao caráter FM da população BR-105 não autofecundada, somente as subpopulações 3 e 6 não foram significativas para RL, sendo que todas apresentaram coeficientes de regressão positivos. Na população BR-106, as subpopulações 3, 5, 8, 10 e a média não apresentaram efeitos lineares significativos e, ao contrário da população BR-105, as subpopulações apresentaram coeficientes de regressão negativos, com exceção da subpopulação 2. Várias subpopulações das duas populações também foram significativas para os DR, indicando que a regressão linear não foi suficiente para explicar a variação do caráter. Para a população BR-105, em média, a cada ciclo de deriva genética, houve um aumento de 0,38 dias no florescimento masculino (Figuras 3.5 e 3.6, Anexos AM e AN).

A autofecundação afetou o caráter FM de maneira diferente nas duas populações. Para a população BR-105 $\otimes$, houve uma redução expressiva na quantidade de subpopulações com efeito linear significativo quando comparada à população não autofecundada e, além disso, a subpopulação 6 passou a apresentar coeficiente de regressão negativo significativo, ao contrário do que ocorreu antes da autofecundação. Já na população BR-106 $\otimes$, o número de subpopulações com efeito linear se manteve igual ao da população não autofecundada, todas com coeficiente de regressão negativo, sendo que a maioria foi significativa para os DR. Além disso, a média também foi significativa para a BR-106 $\otimes$, ao contrário do observado para a mesma população sem autofecundação, havendo uma redução de 0,34 dias a cada ciclo de deriva genética (Figuras 3.7 e 3.8, Anexos AO e AP).

O caráter FF das duas populações não autofecundadas apresentou performance similar a do caráter FM. A maioria das subpopulações oriundas da população BR-105 foram significativas para RL, enquanto que somente cinco subpopulações da BR-106 apresentaram efeitos lineares significativos, todas com coeficientes de regressão negativos. Somente a média da população BR-105 foi significativa e, desta forma, a cada ciclo de deriva, houve um aumento de 0,36 dias no florescimento feminino das subpopulações (Figuras 3.5 e 3.6, Anexos AM e AN).

O desempenho do caráter FF para a população BR-105 $\otimes$ foi similar ao do caráter FM, em que houve uma redução considerável na quantidade de subpopulações com efeito linear significativo, excluindo-se também a média e, novamente uma subpopulação (subpopulação 1) passou a apresentar coeficiente de regressão negativo. Já para a população BR-106 $\otimes$, em comparação com a BR-106 não autofecundada, houve um aumento no número de subpopulações significativas para RL, incluindo-se a média, a qual foi significativa para os DR. Para essa população, em média, a cada ciclo de deriva genética houve uma redução de 0,50 dias no florescimento feminino (Figuras 3.7 e 3.8, Anexos AO e AP).

^a somente as subpopulações significativas para RL foram apresentadas nos gráficos; ns, * e ** não significativo, significativo a 5% e 1% de probabilidade pelo teste *F*, respectivamente.

Figura 3.5 – Equações de regressão, coeficientes de determinação (R²) e significâncias da regressão linear (RL) para as 10 subpopulações não autofecundadas e a média entre elas ($\bar{x}$), obtidas da população original BR-105, para os caracteres florescimento masculino (FM) e florescimento feminino (FF)

^a somente as subpopulações significativas para RL foram apresentadas nos gráficos; ns, * e ** não significativo, significativo a 5% e 1% de probabilidade pelo teste *F*, respectivamente.

Figura 3.6 – Equações de regressão, coeficientes de determinação (R²) e significâncias da regressão linear (RL) para as 10 subpopulações não autofecundadas e a média entre elas ($\bar{x}$), obtidas da população original BR-106, para os caracteres florescimento masculino (FM) e florescimento feminino (FF)

^a somente as subpopulações significativas para RL foram apresentadas nos gráficos; ns, * e ** não significativo, significativo a 5% e 1% de probabilidade pelo teste *F*, respectivamente.

Figura 3.7 – Equações de regressão, coeficientes de determinação (R²) e significâncias da regressão linear (RL) para as 10 subpopulações autofecundadas (⊗) e a média entre elas ($\bar{x}$), obtidas da população original BR-105, para os caracteres florescimento masculino (FM) e florescimento feminino (FF)

^a somente as subpopulações significativas para RL foram apresentadas nos gráficos; ns, * e ** não significativo, significativo a 5% e 1% de probabilidade pelo teste *F*, respectivamente.

Figura 3.8 – Equações de regressão, coeficientes de determinação (R²) e significâncias da regressão linear (RL) para as 10 subpopulações autofecundadas (⊗) e a média entre elas ($\bar{x}$), obtidas da população original BR-106, para os caracteres florescimento masculino (FM) e florescimento feminino (FF)

Para as populações sem autofecundação foi observado que, para o caráter NRP, ambas apresentaram performances diferentes. As duas populações apresentaram seis subpopulações com efeitos lineares significativos sendo que, na população BR-105, todos os coeficientes de regressão foram negativos, enquanto que na população BR-106, cinco foram negativos e um foi positivo. As subpopulações 7 e 10 da população BR-105 e 1 e 4 da BR-106 foram significativas para os DR, indicando que, para estas subpopulações, o modelo linear não explicou toda a variação do caráter. Em média, para cada ciclo de deriva genética, houve redução na média do caráter de 0,75 para a população BR-105 e de 0,44 para a BR-106, demonstrando que a primeira população foi mais afetada pela endogamia causada pela deriva genética (Figura 3.9, Anexos AM e AN).

Levando em conta as populações autofecundadas para o caráter NRP, ambas as populações apresentaram desempenhos ligeiramente diferentes ao das respectivas populações sem autofecundação. Seis subpopulações foram significativas na população BR-105_⊗ e sete na BR-106_⊗, sendo que algumas delas também foram significativas para os DR. A subpopulação 4 da BR-105_⊗ e 7 e 10 da BR-106_⊗ tiveram performances diferentes das demais subpopulações, pois apresentaram coeficientes de regressão positivos. Após a autofecundação, a média entre as subpopulações foi significativa somente para a população BR-105_⊗, em que, a cada ciclo de deriva, houve uma redução de 0,44 na média do caráter NRP (Figura 3.10, Anexos AO e AP).

Para as populações não autofecundadas, a regressão linear explicou a maior parte da variação causada ao longo dos ciclos, para todos os caracteres, com exceção de FM e FF da população BR-106. Foram observados R^2 de alta magnitude, principalmente para a média entre as subpopulações, demonstrando que os valores observados foram muito próximos dos valores preditos. Para os caracteres em que os efeitos lineares não foram predominantes, pode-se inferir que exista a presença de efeitos epistáticos envolvidos. Isto não implica que não exista epistasia nos outros caracteres, mas que, naqueles casos, não foi detectada (HALLAUER; SEARS, 1973; HALLAUER; CARENA; MIRANDA FILHO, 2010).

De forma geral, as populações autofecundadas tiveram suas performances alteradas, principalmente na diminuição do número de subpopulações com efeito linear. Algumas subpopulações que não apresentaram efeitos lineares significativos passaram a apresentar (vice-versa) e houve variações no sinal dos coeficientes de regressão e, consequentemente, no sinal das médias dos caracteres. Portanto, a fixação de alelos favoráveis ou desfavoráveis causada pela deriva genética de forma aleatória e a posterior autofecundação provocaram alterações na performance das subpopulações para a maioria dos caracteres avaliados.

^a somente as subpopulações significativas para RL foram apresentadas nos gráficos; ns, * e ** não significativo, significativo a 5% e 1% de probabilidade pelo teste *F*, respectivamente.

Figura 3.9 – Equações de regressão, coeficientes de determinação (R²) e significâncias da regressão linear (RL) para as 10 subpopulações não autofecundadas e a média entre elas ($\bar{x}$), obtidas das populações originais BR-105 e BR-106, para o caráter número de ramificações do pendão (NRP)

^a somente as subpopulações significativas para RL foram apresentadas nos gráficos; ns, * e ** não significativo, significativo a 5% e 1% de probabilidade pelo teste *F*, respectivamente.

Figura 3.10 – Equações de regressão, coeficientes de determinação (R²) e significâncias da regressão linear (RL) para as 10 subpopulações autofecundadas (⊗) e a média entre elas ($\bar{x}$), obtidas das populações originais BR-105 e BR-106, para o caráter número de ramificações do pendão (NRP)

Adicionalmente, foram feitas análises de variância de regressão para as populações, nos dois níveis de endogamia, considerando os coeficientes de endogamia (F) das populações com e sem autofecundação em conjunto. Os caracteres AP e AE apresentaram performances muito similares nas duas populações avaliadas. Todas as subpopulações para os dois caracteres, incluindo a média entre elas, apresentaram efeito linear significativo, indicando que a média dos caracteres diminuiu com o aumento do F . Para o caráter AE, um número maior de subpopulações foi significativa para os DR e, por isso, esse caráter apresentou R^2 de menor magnitude que o caráter AP (Figuras 3.11 e 3.12, Anexos AQ e AR).

Para o caráter AP, a cada 1% de aumento no F , houve, em média, uma diminuição de aproximadamente 0,41 e 0,47 cm pl⁻¹ para as populações BR-105 e BR-106, respectivamente. Para o caráter AE, a redução foi de 0,25 cm pl⁻¹ para a população BR-105 e de 0,30 cm pl⁻¹ para a BR-106. Em ambos os caracteres, como esperado, a depressão por endogamia foi mais intensa na população BR-106 (Figuras 3.11 e 3.12, Anexos AQ e AR). Cunha (2004), avaliando subpopulações de milho com diferentes N_E 's, reportou que para o caráter AP houve uma relação linear entre os valores médios e o coeficiente de endogamia. Já para o caráter AE essa relação não foi observada.

Para os caracteres FM e FF, assim como ocorreu para os caracteres AP e AE, todas as subpopulações e a média entre elas, oriundas das duas populações, foram significativas para RL. Entretanto, na população BR-106, os R^2 desses caracteres foram inferiores aos da população BR-105 e a maioria das subpopulações também foram significativas para os DR. Tais resultados indicam que o ajuste linear não explicou toda a variação dos caracteres na população BR-106. Para o caráter FM, em média, a cada 1% de aumento no F , houve um aumento de aproximadamente 0,057 e 0,048 dias para as populações BR-105 e BR-106, respectivamente e, para o caráter FF, o aumento foi de 0,056 e 0,046 dias para as mesmas populações. Ao contrário do que ocorreu nos caracteres AP e AE, para os caracteres FM e FF a perda de vigor com o aumento do F foi maior na população BR-105 do que na BR-106 (Figuras 3.13 e 3.14, Anexos AQ e AR).

Em relação ao caráter NRP da população BR-105, assim como para os caracteres AP, AE, FM e FF, todas as subpopulações apresentaram efeitos lineares significativos e algumas delas também foram significativas para os DR, apresentando R^2 de baixa magnitude. Entretanto, para a população BR-106, somente cinco subpopulações foram significativas para RL, sendo que todas foram significativas para os DR e também apresentaram R^2 de baixa magnitude, incluindo o da média. Esses resultados indicam que, diferentemente do que ocorreu para os demais caracteres, a regressão linear não foi a única responsável pela variação

deste caráter para a população BR-106. Em média, a cada 1% de aumento no F , houve uma redução na média do caráter NRP de 0,07 e 0,03 para as populações BR-105 e BR-106, respectivamente e, assim como ocorreu para os caracteres FM e FF, a perda de vigor novamente foi mais intensa na população BR-105 do que na BR-106 (Figura 3.15, Anexos AQ e AR).

O modelo de regressão linear foi suficiente para explicar a maior parte da variação encontrada com o aumento dos coeficientes de endogamia, exceto para o caráter NRP da população BR-106. A depressão por endogamia em milho resulta do aumento na frequência dos locos em homozigose e, consequentemente, há perda de vigor e diminuição das médias dos caracteres (HALLAUER; SEARS, 1973). O desempenho médio para um determinado caráter controlado por qualquer número de locos está relacionado linearmente com seu nível de heterozigosidade, enquanto que o desvio da linearidade pode ser atribuído às interações interalélicas ou epistasia (HALLAUER; SEARS, 1973; HALLAUER; CARENA; MIRANDA FILHO, 2010). No milho, quanto maior o número de locos envolvidos no controle de um caráter, maior a perda de vigor sofrida com o aumento da homozigosidade. Estudos de depressão por endogamia por meio da regressão linear têm revelado que para os caracteres AP e AE, a variação do vigor foi explicada pelo aumento do coeficiente de endogamia em mais de 90% dos casos analisados (HALLAUER; SEARS, 1973; CORNELIUS; DUDLEY, 1974; GOOD; HALLAUER, 1977; BENSON; HALLAUER, 1994).

^a somente as subpopulações significativas para RL foram apresentadas nos gráficos; ns, * e ** não significativo, significativo a 5% e 1% de probabilidade pelo teste *F*, respectivamente.

Figura 3.11 – Equações de regressão, coeficientes de determinação (R²) e significâncias da regressão linear (RL) para as 10 subpopulações em conjunto e a média entre elas ($\bar{x}$), nos dois níveis de endogamia, obtidas da população original BR-105, para os caracteres altura de planta (AP) e altura de espiga (AE)

^a somente as subpopulações significativas para RL foram apresentadas nos gráficos; ns, * e ** não significativo, significativo a 5% e 1% de probabilidade pelo teste *F*, respectivamente.

Figura 3.12 – Equações de regressão, coeficientes de determinação (R²) e significâncias da regressão linear (RL) para as 10 subpopulações em conjunto e a média entre elas ($\bar{x}$), nos dois níveis de endogamia, obtidas da população original BR-106, para os caracteres altura de planta (AP) e altura de espiga (AE)

^a somente as subpopulações significativas para RL foram apresentadas nos gráficos; ns, * e ** não significativo, significativo a 5% e 1% de probabilidade pelo teste *F*, respectivamente.

Figura 3.13 – Equações de regressão, coeficientes de determinação (R²) e significâncias da regressão linear (RL) para as 10 subpopulações em conjunto e a média entre elas ($\bar{x}$), nos dois níveis de endogamia, obtidas da população original BR-105, para os caracteres florescimento masculino (FM) e florescimento feminino (FF)

^a somente as subpopulações significativas para RL foram apresentadas nos gráficos; ns, * e ** não significativo, significativo a 5% e 1% de probabilidade pelo teste *F*, respectivamente.

Figura 3.14 – Equações de regressão, coeficientes de determinação (R²) e significâncias da regressão linear (RL) para as 10 subpopulações em conjunto e a média entre elas ($\bar{x}$), nos dois níveis de endogamia, obtidas da população original BR-106, para os caracteres florescimento masculino (FM) e florescimento feminino (FF)

^a somente as subpopulações significativas para RL foram apresentadas nos gráficos; ns, * e ** não significativo, significativo a 5% e 1% de probabilidade pelo teste *F*, respectivamente.

Figura 3.15 – Equações de regressão, coeficientes de determinação (R²) e significâncias da regressão linear (RL) para as 10 subpopulações em conjunto e a média entre elas ($\bar{x}$), nos dois níveis de endogamia, obtidas das populações originais BR-105 e BR-106, para o caráter número de ramificações do pendão (NRP)

3.3 Considerações finais

A maioria das estimativas dos efeitos da deriva genética em plantas tem sido obtidas em populações de milho submetidas à seleção recorrente. Entretanto, esses efeitos encontram-se confundidos com os efeitos da seleção e, possivelmente, não revelam os reais efeitos da deriva genética. Assim, tendo em vista que existem poucos relatos na literatura sobre os efeitos isolados da deriva genética em plantas, principalmente envolvendo caracteres quantitativos, este estudo teve o objetivo de avaliar os seus efeitos em subpopulações extraídas de duas populações de milho geneticamente distintas, em cinco ciclos sucessivos com tamanho efetivo reduzido ($N_E = 5$) em diferentes níveis de endogamia.

A deriva genética causou alterações nas médias das subpopulações em diferentes magnitudes, contribuindo mais para diminuir do que para aumentar as médias dos caracteres, causando diferenciação entre as subpopulações e a população de origem. O desempenho *per se* das subpopulações nos ciclos de deriva foi afetado pelo tamanho efetivo reduzido da amostra utilizada ($N_E = 5$) e, de acordo com a população de origem e do nível de endogamia existente, a performance dos caracteres foi diferente. Constatou-se uma variação considerável nas médias das subpopulações dentro de um mesmo ciclo de deriva genética, sem nenhum padrão de desempenho nos demais ciclos, sendo atribuída às mudanças aleatórias das frequências alélicas causadas pela deriva genética.

Em alguns casos, a deriva genética contribuiu para o surgimento de resultados não esperados. Como a população BR-105 foi submetida a cinco ciclos de seleção recorrente de alta intensidade com progênies S_1 's, era esperado que fosse menos sensível aos efeitos da endogamia, já que a população BR-106 é considerada um composto e, assim, possui maior variabilidade genética. Entretanto, para as populações não autofecundadas, os caracteres AE, FM, FF e NRP da população BR-105 apresentaram maior quantidade de subpopulações com médias diferentes da população original em relação à população BR-106. Além disso, para os caracteres FM e FF, várias subpopulações da população BR-106 não autofecundada e das populações BR-105 $\otimes$ e BR-106 $\otimes$ foram mais precoces que as respectivas populações originais, apresentando performances diferentes do que se espera quando há o aumento da homozigose para estes caracteres. Essas diferenças demonstram que as duas populações foram afetadas pela deriva genética de formas diferentes, de acordo com sua estrutura genética e o tipo de ação gênica predominante no caráter.

Considerando os efeitos da deriva genética nas populações não autofecundadas, de maneira geral, constatou-se um número maior de estimativas acumuladas significativas nos

ciclos finais, com exceção dos caracteres FM e FF da população BR-106, enquanto que as estimativas entre os ciclos estiveram distribuídas ao longo de todos os ciclos. A maioria das estimativas de deriva acumuladas das subpopulações para os caracteres AP, AE e NRP foi negativa, indicando que as médias das subpopulações foram inferiores às da população original. Para os caracteres FM e FF era esperado que, com o aumento da homozigose, houvesse uma maior quantidade de estimativas positivas. Entretanto, este fato não foi observado para as estimativas acumuladas na população BR-106, nem para as estimativas entre os ciclos do caráter FF da mesma população. Algumas subpopulações flutuaram mais do que outras, visto que suas estimativas de deriva genética, tanto acumuladas quanto entre os ciclos, se alternaram de positivas para negativas e vice-versa.

De maneira geral, os efeitos da deriva nas populações autofecundadas foram menos expressivos do que nas populações sem autofecundação, visto que houve uma redução na quantidade de estimativas acumuladas para a maioria dos caracteres. Novamente, houve uma tendência das estimativas acumuladas ficarem concentradas nos ciclos mais avançados, assim como para as populações não autofecundadas. Ao contrário do que ocorreu para as populações não autofecundadas, os caracteres FM e FF da população BR-105 apresentaram maior quantidade de estimativas negativas do que positivas. Já as estimativas de deriva entre os ciclos, de forma geral, ficaram mais distribuídas ao longo de todos os ciclos para a maioria dos caracteres. Algumas subpopulações, após serem autofecundadas, apresentaram mudanças na significância, na magnitude e até no sinal das estimativas, indicando que a deriva genética em conjunto com a autofecundação causou alteração na performance das mesmas.

As estimativas de depressão por endogamia das subpopulações dentro dos ciclos de deriva genética variaram em diferentes magnitudes, dependendo do tipo de ação gênica do caráter e da estrutura genética da população. Como a perda de vigor é mais drástica nas primeiras gerações de autofecundação, as estimativas de maior magnitude para a maioria dos caracteres avaliados se concentraram nos dois primeiros ciclos de deriva. Como esperado, a população BR-106 apresentou maior quantidade de estimativas significativas e de maior magnitude que a população BR-105, já que, por possuir maior variabilidade genética, é mais sensível à endogamia. Algumas subpopulações apresentaram estimativas de maior magnitude que outras, fato atribuído à deriva genética, que provocou a perda ou fixação de alelos favoráveis ou desfavoráveis aleatoriamente e, desta forma, contribuiu para a diferença de vigor existente entre as subpopulações.

A regressão linear foi responsável pela maior parte da variação encontrada ao longo dos ciclos de deriva genética para a maioria dos caracteres das populações não

autofecundadas, exceto para os caracteres, FM e FF da população BR-106. Após a autofecundação, houve a diminuição no número de subpopulações que apresentaram efeitos lineares significativos. Em alguns casos, subpopulações que não apresentavam efeitos lineares significativos passaram a apresentar ou o inverso e, em outros casos, houve variações de sinais nos coeficientes de regressão e, assim, a direção das médias foi alterada de positiva para negativa e vice-versa. Dessa forma, em virtude da fixação de alelos favoráveis ou desfavoráveis por meio da deriva genética e da posterior autofecundação, houve alterações nas performances das subpopulações de um nível de endogamia para o outro para a maioria dos caracteres avaliados.

Considerando os coeficientes de endogamia das populações nos dois níveis de endogamia, verificou-se que, exceto para o caráter NRP da população BR-106, o modelo de regressão linear foi responsável pela maior parte da variação encontrada nas subpopulações. Em milho, o desempenho médio de um caráter está relacionado linearmente com seu nível de heterozigosidade, enquanto que os desvios da linearidade podem ser atribuídos à presença de epistasia e, quanto maior o número de locos envolvidos no controle do caráter, maior é a perda de vigor sofrida com o aumento da homozigosidade.

Os efeitos da deriva genética foram totalmente imprevisíveis em direção e magnitude nas subpopulações nos dois níveis de endogamia e todas as consequências descritas na literatura foram observadas. Verificou-se que houve aumento da diferenciação entre as subpopulações ao longo dos ciclos, aumento da uniformidade dentro das subpopulações e, devido ao aumento do número de locos em homozigose em função do declínio dos locos em heterozigose, houve um aumento da depressão por endogamia.

Desta forma, analisar os efeitos da deriva genética em coleções de germoplasma e na conservação da variabilidade em um programa de melhoramento genético é essencial. Em coletas de germoplasma, amostras muito pequenas podem não representar as populações de origem, pois alguns genótipos podem não ser amostrados. Assim, alguns alelos podem ser perdidos durante o processo de amostragem, sobretudo aqueles que estão em baixa frequência. Da mesma forma, populações utilizadas no melhoramento são frequentemente subdivididas e podem ser descaracterizadas se as amostras dos genótipos forem reduzidas.

A manutenção de um tamanho efetivo populacional adequado é determinante para a preservação da variabilidade genética, evitando assim, a perda ou fixação de alelos e o surgimento dos efeitos da endogamia. Além disso, os efeitos da deriva genética podem estar confundidos com os efeitos da seleção, causando um viés nas estimativas. Logo, quantificar a presença desse fenômeno nos programas de melhoramento de plantas torna-se indispensável,

na tentativa de conservar as características das populações utilizadas e não limitar os ganhos genéticos.

Referências

AGUIAR, A.M. **Uso do Delineamento III com marcadores moleculares para a análise genética da produção de grãos e seus componentes em milho**. 2003. 127p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 2003.

BENSON, D.L.; HALLAUER, A.R. Inbreeding depression rates in maize populations before and after recurrent selection. **Journal of Heredity**, Washington, v. 85, p. 122-128, 1994.

BLANDÓN, S.C. **Efeito da deriva genética sobre caracteres quantitativos em uma população de milho (*Zea mays* L.)**. 1996. 90p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 1996.

BUTRUILLE, D.V.; SILVA, H.D.; KAEPLER, S.M.; COORS, J.G. Response to selection and genetic drift in three populations derived from the golden glow maize population. **Crop Science**, Madison, v. 44, p. 1527-1534, 2004.

CEPEDA, M.C.; SOUZA JR, C.L.; PANDEY, S.; LEON, L.N. Efeitos gênicos e oscilação genética associados à seleção recorrente intrapopulacional na população de milho SA3. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 35, n. 8, p. 1585-1593, 2000.

CORNELIUS, P.L.; DUDLEY, J.W. Effects of inbreeding by selfing and full-sib mating in a maize population. **Crop Science**, Madison, v. 14, p. 815-819, 1974.

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

CUNHA, R.N.V. **Efeito do processo dispersivo em subpopulações de tamanho reduzido de milho (*Zea mays* L.)**. 2004. 148p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 2004.

EYHERABIDE, G.H.; HALLAUER, A.R. Reciprocal full-sib recurrent selection in maize: II. Contributions of additive, dominance, and genetic drift effects. **Crop Science**, Madison, v. 31, p. 1442-1448, 1991.

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

FLACHENECKER, C.; FRISCH, M.; FALKE, K.C.; MELCHINGER, A.E. Genetic drift and selection effects of modified recurrent full-sib selection programs in two F₂ populations of European flint maize. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v. 113, p. 1113-1120, 2006.

FRITSCHÉ-NETO, R.; VIEIRA, R.A.; SCAPIM, C.A.; MIRANDA, G.V.; REZENDE, L.M. Updating the ranking of the coefficients of variation from maize experiments. **Acta Scientiarum**, Maringá, v. 34, n. 1, p. 99-101, 2012.

FUTUYMA, D.J. Estrutura populacional e deriva genética. In: AFONSO, I.F. **Biologia Evolutiva**. Ribeirão Preto: FUNPEC, 2009, cap. 11, p. 297-315.

GARBUGLIO, D.D. **Variabilidade genética em progênies S1 e depressão por endogamia em populações de milho (*Zea mays* L)**. 2007. 135p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 2007.

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

HALLAUER, A.R.; CARENA, M.J.; MIRANDA FILHO, J.B. **Quantitative genetics in maize breeding**. 3. ed. New York: Springer, 2010. 663p.

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.

HARTLEY, H.O. The use of range in analysis of variance. **Biometrika**, London, v. 37, n. 3-4, p. 271-280, 1950.

KEERATINIJAKAL, V.; LAMKEY, K.R. Genetic effects associated with reciprocal recurrent selection in BSSS and BSCB1 maize populations. **Crop Science**, Madison, v. 33, p. 78-82, 1993.

LANDI, P.; FRASCAROLI, E. Responses to four cycles of full-sib family recurrent selection in a F₂ maize population. **Maydica**, Bergamo, v. 38, p. 31-37, 1993.

MOREIRA, R.M.P. **Avaliação dos efeitos da deriva genética em duas gerações de amostragens nas populações de milho BR-105 e BR-106**. 1999. 120p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 1999.

PATERNIANI, M.E.A.G.Z. **Efeitos da redução do tamanho de populações de milho (*Zea mays* L)**. 1995. 117p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 1995.

REZENDE, G.D.S.P. **Heterose, depressão por endogamia e variabilidade genética associadas à seleção e oscilação genética nas populações de milho BR-105 e BR-106**. 1997. 112p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 1997.

SAS INSTITUTE. **Statistical analysis software: SAS 9.2**. Cary, 2008.

SHAPIRO, S.S.; WILK, M.B. An analysis of variance test for normality (complete samples). **Biometrika**, London, v. 52, n. 3-4, p. 591-611, 1965.

SILVA, A.R; SOUZA JR, C.L; AGUIAR, A.M; DE SOUZA, A.P. Estimates of genetic variance and level of dominance in a tropical maize population. I. Grain yield and plant traits. **Maydica**, Bergamo, v. 49, p. 65-71, 2004.

SMITH, O.S. Evaluation of recurrent selection in BSSS, BSCB1, and BS13 maize populations. **Crop Science**, Madison, v. 23, p. 35-40, 1983.

SOARES FILHO, W.S. **Características fenotípicas e genéticas das populações de milho (*Zea mays* L.) braquítico Piranão-VD2B e Piranão-VF1B**. 1987. 185p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 1987.

SOKAL, R.R; ROHLF, F.J. **Biometry: the principles and practice of statistics in biological research**. 4. ed. New York: Freeman and Company, 2012. 917p.

SOUZA JR, C.L. **Manutenção de coleções de bancos de germoplasma**. Piracicaba: ESALQ, 1995. 28p.

SOUZA JR., C.L.; SANTOS, M.X.; MAGNAVACA, R.; GAMA, E.E.G. Estimativas de parâmetros genéticos na interpopulação de milho BR-105 x BR-106 e suas implicações no melhoramento. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 28, n. 4, p. 473-479, 1993.

STEEL, R.G.D.; TORRIE, J.H. **Principles and procedures of statistics: a biometrical approach**. 3. ed. New York: McGraw-Hill, 1997. 666p.

TRAGESSER, S.L.; YOUNGQUIST, W.C.; SMITH, O.S.; COMPTON, W.A. Drift vs. selection effects from five recurrent selection programs in maize. **Maydica**, Bergamo, v. 34, p. 23-32, 1989.

WRIGHT, S. Evolution in mendelian populations. **Genetics**, Austin, v. 16, p. 97-159, 1931.

ANEXOS

ANEXO A – Quadrados médios e respectivas significâncias, médias gerais e coeficientes de variação das análises de variância individuais para as subpopulações não autofecundadas obtidas da população original BR-105, nos cinco ciclos de deriva, para produção de grãos e seus componentes, avaliados na Estação Experimental do Departamento de Genética e Estação Experimental Sertãozinho, safras 2010/11 e 2012/13

(continua)

Fonte de Variação	GL	Quadrados médios – Departamento 2010/11					
		PG	PROL ^a	CE	DE ^a	NFE	NGF
Repetições (R)	1	3,52 ^{ns}	0,07 ^{ns}	1,72 ^{ns}	28,81*	1,05 ^{ns}	43,68 ^{ns}
Ciclos (C)	5	15,13*	12,71**	9,26 ^{ns}	2,61 ^{ns}	1,72 ^{ns}	62,12 ^{ns}
R x C = Res (a)	5	2,07	0,38	2,50	1,91	0,37	17,08
Subpopulações/C (S/C)	54	2,10**	1,75 ^{ns}	2,73**	7,69**	2,31**	18,96**
S / C0	9	0,62 ^{ns}	1,85 ^{ns}	0,58 ^{ns}	2,28 ^{ns}	0,20 ^{ns}	5,04 ^{ns}
S / C1	9	0,59 ^{ns}	0,88 ^{ns}	1,27 ^{ns}	3,24 ^{ns}	0,77 ^{ns}	8,54 ^{ns}
S / C2	9	1,25 ^{ns}	1,84 ^{ns}	2,31**	5,17*	2,71**	16,71**
S / C3	9	1,85 ^{ns}	1,80 ^{ns}	1,33 ^{ns}	9,92**	2,67**	13,24*
S / C4	9	5,20**	1,84 ^{ns}	6,36**	11,76**	3,22**	49,44**
S / C5	9	3,09**	2,30 ^{ns}	4,51**	13,76**	4,29**	20,78**
(R x S)/C = Res (b)	54	0,96	1,32	0,83	1,93	0,59	6,03
CV (%) Res (a)		26,59	7,12	10,51	3,12	4,29	12,48
Média geral		5,41	0,87	15,04	4,43	14,13	33,13

Fonte de Variação	GL	Quadrados médios – Sertãozinho 2010/11					
		PG	PROL ^a	CE	DE ^a	NFE	NGF
Repetições (R)	1	27,77*	2,32 ^{ns}	0,24 ^{ns}	20,67 ^{ns}	1,05 ^{ns}	0,43 ^{ns}
Ciclos (C)	5	8,34 ^{ns}	5,78 ^{ns}	9,00 ^{ns}	8,17 ^{ns}	2,61*	83,19 ^{ns}
R x C = Res (a)	5	2,98	2,21	5,22	6,63	0,25	28,31
Subpopulações/C (S/C)	54	2,85**	2,07**	2,36**	8,03**	1,91**	15,38**
S / C0	9	0,75 ^{ns}	0,65 ^{ns}	0,78 ^{ns}	3,53 ^{ns}	0,98 ^{ns}	4,76 ^{ns}
S / C1	9	2,63**	1,98*	2,27*	3,96 ^{ns}	0,48 ^{ns}	13,25*
S / C2	9	2,04*	1,30 ^{ns}	1,47 ^{ns}	7,99**	2,57**	9,06 ^{ns}
S / C3	9	0,95 ^{ns}	1,13 ^{ns}	2,35*	5,01 ^{ns}	2,05**	9,40 ^{ns}
S / C4	9	3,68**	3,28**	3,61**	11,79**	2,36**	25,82**
S / C5	9	7,03**	4,05**	3,69**	15,92**	3,03**	29,95**
(R x S)/C = Res (b)	54	0,79	0,73	1,07	2,66	0,48	6,24
CV (%) Res (a)		30,49	18,28	15,04	5,75	3,61	16,16
Média geral		5,66	0,81	15,20	4,48	13,98	32,93

ANEXO A – Quadrados médios e respectivas significâncias, médias gerais e coeficientes de variação das análises de variância individuais para as subpopulações não autofecundadas obtidas da população original BR-105, nos cinco ciclos de deriva, para produção de grãos e seus componentes, avaliados na Estação Experimental do Departamento de Genética e Estação Experimental Sertãozinho, safras 2010/11 e 2012/13

(conclusão)

Fonte de Variação	GL	Quadrados médios – Departamento 2012/13					
		PG	PROL ^a	CE	DE ^a	NFE	NGF
Repetições (R)	1	14,59 ^{ns}	2,08 ^{ns}	0,25 ^{ns}	20,67*	0,09 ^{ns}	0,12 ^{ns}
Ciclos (C)	5	4,20 ^{ns}	2,58 ^{ns}	7,19*	2,07 ^{ns}	0,61*	40,32**
R x C = Res (a)	5	3,42	2,81	1,12	1,33	0,08	1,61
Subpopulações/C (S/C)	54	2,38**	2,96**	1,78*	11,74**	3,17**	8,53*
S / C0	9	0,47 ^{ns}	1,99 ^{ns}	0,69 ^{ns}	2,03 ^{ns}	0,72 ^{ns}	4,31 ^{ns}
S / C1	9	1,84*	2,48 ^{ns}	1,02 ^{ns}	2,91 ^{ns}	1,77*	8,17 ^{ns}
S / C2	9	1,38 ^{ns}	2,03 ^{ns}	1,11 ^{ns}	6,49**	1,96**	2,49 ^{ns}
S / C3	9	1,82*	2,41 ^{ns}	1,45 ^{ns}	17,90**	3,86**	6,71 ^{ns}
S / C4	9	4,11**	4,29**	2,26 ^{ns}	15,90**	7,09**	15,74**
S / C5	9	4,65**	4,57**	4,14**	25,24**	3,65**	13,76**
(R x S)/C = Res (b)	54	0,82	1,45	1,13	1,90	0,65	4,94
CV (%) Res (a)		24,88	15,74	6,43	2,59	2,00	3,62
Média geral		7,43	1,07	16,44	4,46	14,30	35,05

Fonte de Variação	GL	Quadrados médios – Sertãozinho 2012/13					
		PG	PROL ^a	CE	DE ^a	NFE	NGF
Repetições (R)	1	1,19 ^{ns}	0,06 ^{ns}	0,20 ^{ns}	51,48 ^{ns}	0,77 ^{ns}	0,01 ^{ns}
Ciclos (C)	5	2,01 ^{ns}	1,57 ^{ns}	3,20 ^{ns}	0,63 ^{ns}	0,19 ^{ns}	20,03 ^{ns}
R x C = Res (a)	5	5,34	2,77	8,56	1,53	2,36	43,02
Subpopulações/C (S/C)	54	2,34 ^{ns}	1,66 ^{ns}	0,78 ^{ns}	5,89 ^{ns}	1,58 ^{ns}	7,91 ^{ns}
S / C0	9	2,85 ^{ns}	2,20 ^{ns}	1,20 ^{ns}	8,65 ^{ns}	1,33 ^{ns}	6,91 ^{ns}
S / C1	9	0,69 ^{ns}	0,74 ^{ns}	1,42 ^{ns}	6,20 ^{ns}	2,82*	3,56 ^{ns}
S / C2	9	2,06 ^{ns}	1,89 ^{ns}	0,47 ^{ns}	4,67 ^{ns}	2,05 ^{ns}	10,99 ^{ns}
S / C3	9	1,08 ^{ns}	1,16 ^{ns}	0,48 ^{ns}	3,24 ^{ns}	0,77 ^{ns}	7,24 ^{ns}
S / C4	9	5,01*	2,94 ^{ns}	0,57 ^{ns}	9,72 ^{ns}	1,37 ^{ns}	9,84 ^{ns}
S / C5	9	2,33 ^{ns}	1,06 ^{ns}	0,55 ^{ns}	2,88 ^{ns}	1,14 ^{ns}	8,90 ^{ns}
(R x S)/C = Res (b)	54	2,08	1,55	1,37	8,12	1,23	6,92
CV (%) Res (a)		30,70	16,78	17,90	2,76	10,77	18,71
Média geral		7,53	0,99	16,34	4,48	14,25	35,06

^{ns}, * e ** não significativo, significativo a 5% e 1% de probabilidade pelo teste *F*, respectivamente; PG (produção de grãos, em t ha⁻¹), PROL (prolificidade, em esp pl⁻¹), CE (comprimento de espiga, em cm esp⁻¹), DE (diâmetro de espiga, em cm esp⁻¹), NFE (número de fileiras por espiga), NGF (número de grãos por fileira); ^a Quadrados médios multiplicados por 10².

ANEXO B – Quadrados médios e respectivas significâncias, médias gerais e coeficientes de variação das análises de variância individuais para as subpopulações não autofecundadas obtidas da população original BR-106, nos cinco ciclos de deriva, para produção de grãos e seus componentes, avaliados na Estação Experimental do Departamento de Genética e Estação Experimental Sertãozinho, safras 2010/11 e 2012/13

(continua)

Fonte de Variação	GL	Quadrados médios – Departamento 2010/11					
		PG	PROL ^a	CE	DE ^a	NFE	NGF
Repetições (R)	1	5,60 ^{ns}	44,65**	3,96 ^{ns}	38,53**	1,37 ^{ns}	22,88 ^{ns}
Ciclos (C)	5	20,75**	0,88 ^{ns}	6,45*	26,46**	0,84 ^{ns}	61,02*
R x C = Res (a)	5	1,65	1,48	0,67	0,89	0,39	6,38
Subpopulações/C (S/C)	54	1,76**	0,74 ^{ns}	1,48**	4,72**	0,79**	11,60**
S / C0	9	1,31 ^{ns}	0,26 ^{ns}	0,91 ^{ns}	3,52*	0,65 ^{ns}	3,89 ^{ns}
S / C1	9	0,77 ^{ns}	0,96 ^{ns}	0,36 ^{ns}	5,95**	1,05**	5,86 ^{ns}
S / C2	9	1,97*	0,53 ^{ns}	3,32**	2,22 ^{ns}	0,77 ^{ns}	19,71**
S / C3	9	1,32 ^{ns}	0,51 ^{ns}	1,55*	3,71*	0,68 ^{ns}	11,09*
S / C4	9	1,55 ^{ns}	1,09 ^{ns}	1,48*	4,71**	0,57 ^{ns}	10,05*
S / C5	9	3,64**	1,11 ^{ns}	1,29 ^{ns}	8,21**	1,05**	18,99**
(R x S)/C = Res (b)	54	0,79	0,74	0,70	1,59	0,38	4,57
CV (%) Res (a)		18,19	13,38	5,43	2,02	4,54	7,08
Média geral		7,07	0,91	15,07	4,66	13,74	35,66

Fonte de Variação	GL	Quadrados médios – Sertãozinho 2010/11					
		PG	PROL ^a	CE	DE ^a	NFE	NGF
Repetições (R)	1	37,89**	20,42**	5,23 ^{ns}	38,53**	3,33 ^{ns}	26,51 ^{ns}
Ciclos (C)	5	15,99**	1,48 ^{ns}	6,92*	25,71**	0,24 ^{ns}	54,44*
R x C = Res (a)	5	1,40	1,01	0,86	2,12	0,94	7,54
Subpopulações/C (S/C)	54	3,17**	1,64**	1,54**	5,31**	0,89*	11,80**
S / C0	9	0,81 ^{ns}	0,80 ^{ns}	0,61 ^{ns}	2,10 ^{ns}	0,48 ^{ns}	3,67 ^{ns}
S / C1	9	2,46*	0,64 ^{ns}	1,13 ^{ns}	2,69 ^{ns}	0,74 ^{ns}	9,22 ^{ns}
S / C2	9	3,70**	1,32**	1,26 ^{ns}	3,77 ^{ns}	0,89 ^{ns}	13,16*
S / C3	9	2,57*	1,11*	2,65**	2,60 ^{ns}	1,38*	15,11**
S / C4	9	2,74*	1,28**	1,82*	11,73**	0,67 ^{ns}	11,73*
S / C5	9	6,74**	4,68**	1,77*	8,95**	1,15*	17,90**
(R x S)/C = Res (b)	54	1,07	0,44	0,81	1,88	0,51	5,45
CV (%) Res (a)		17,81	11,26	6,22	3,14	7,31	7,77
Média geral		6,64	0,89	14,91	4,64	13,27	35,35

ANEXO B – Quadrados médios e respectivas significâncias, médias gerais e coeficientes de variação das análises de variância individuais para as subpopulações não autofecundadas obtidas da população original BR-106, nos cinco ciclos de deriva, para produção de grãos e seus componentes, avaliados na Estação Experimental do Departamento de Genética e Estação Experimental Sertãozinho, safras 2010/11 e 2012/13

(conclusão)

Fonte de Variação	GL	Quadrados médios – Departamento 2012/13					
		PG	PROL ^a	CE	DE ^a	NFE	NGF
Repetições (R)	1	5,56 ^{ns}	0,03 ^{ns}	0,64 ^{ns}	1,01 ^{ns}	0,24 ^{ns}	3,14 ^{ns}
Ciclos (C)	5	15,92**	1,59 ^{ns}	10,00**	42,25**	1,38 ^{ns}	66,63**
R x C = Res (a)	5	0,85	2,93	0,67	3,62	0,63	5,13
Subpopulações/C (S/C)	54	3,47**	2,78**	2,13**	5,86*	1,38**	14,04**
S / C0	9	3,02*	2,00 ^{ns}	0,99 ^{ns}	4,54 ^{ns}	0,77 ^{ns}	7,50 ^{ns}
S / C1	9	1,78 ^{ns}	1,12 ^{ns}	1,39 ^{ns}	9,36**	2,36**	6,40 ^{ns}
S / C2	9	3,61**	1,83 ^{ns}	4,46**	1,80 ^{ns}	1,10*	23,75**
S / C3	9	1,13 ^{ns}	3,32*	1,69*	4,20 ^{ns}	1,93**	13,40*
S / C4	9	4,33**	3,99*	2,67**	8,51*	1,07*	16,64**
S / C5	9	6,98**	4,45**	1,55 ^{ns}	6,76*	1,03 ^{ns}	16,53**
(R x S)/C = Res (b)	54	1,28	1,45	0,80	3,12	0,51	5,86
CV (%) Res (a)		11,05	16,99	5,19	4,04	5,82	6,23
Média geral		8,34	1,01	15,76	4,71	13,61	36,37

Fonte de Variação	GL	Quadrados médios – Sertãozinho 2012/13					
		PG	PROL ^a	CE	DE ^a	NFE	NGF
Repetições (R)	1	8,90 ^{ns}	3,43*	7,69 ^{ns}	3,20 ^{ns}	0,19 ^{ns}	64,24*
Ciclos (C)	5	5,17 ^{ns}	2,27*	1,60 ^{ns}	8,49 ^{ns}	0,42 ^{ns}	15,10 ^{ns}
R x C = Res (a)	5	3,18	0,37	1,54	9,04	0,73	4,20
Subpopulações/C (S/C)	54	1,65 ^{ns}	1,04 ^{ns}	1,69 ^{ns}	4,55 ^{ns}	1,12**	9,95 ^{ns}
S / C0	9	2,79 ^{ns}	0,63 ^{ns}	0,39 ^{ns}	4,10 ^{ns}	1,48*	6,68 ^{ns}
S / C1	9	1,91 ^{ns}	1,56 ^{ns}	1,72 ^{ns}	3,02 ^{ns}	0,81 ^{ns}	12,69 ^{ns}
S / C2	9	0,86 ^{ns}	0,91 ^{ns}	3,55 ^{ns}	8,58 ^{ns}	1,35*	11,48 ^{ns}
S / C3	9	0,76 ^{ns}	0,85 ^{ns}	1,94 ^{ns}	2,21 ^{ns}	1,72**	11,26 ^{ns}
S / C4	9	2,24 ^{ns}	1,09 ^{ns}	1,51 ^{ns}	5,05 ^{ns}	0,55 ^{ns}	11,81 ^{ns}
S / C5	9	1,32 ^{ns}	1,20 ^{ns}	1,01 ^{ns}	4,35 ^{ns}	0,82 ^{ns}	5,79 ^{ns}
(R x S)/C = Res (b)	54	1,79	2,19	1,84	5,74	0,58	10,68
CV (%) Res (a)		24,23	6,44	8,23	6,64	6,31	5,80
Média geral		7,36	0,95	15,07	4,53	13,51	35,35

^{ns}, * e ** não significativo, significativo a 5% e 1% de probabilidade pelo teste *F*, respectivamente; PG (produção de grãos, em t ha⁻¹), PROL (prolificidade, em esp pl⁻¹), CE (comprimento de espiga, em cm esp⁻¹), DE (diâmetro de espiga, em cm esp⁻¹), NFE (número de fileiras por espiga), NGF (número de grãos por fileira); ^a Quadrados médios multiplicados por 10².

ANEXO C – Quadrados médios e respectivas significâncias, médias gerais e coeficientes de variação das análises de variância individuais para as subpopulações autofecundadas (⊗) obtidas da população original BR-105, nos cinco ciclos de deriva, para produção de grãos e seus componentes, avaliados na Estação Experimental do Departamento de Genética e Estação Experimental Sertãozinho, safras 2010/11 e 2012/13

(continua)

Fonte de Variação	GL	Quadrados médios – Departamento 2010/11					
		PG	PROL ^a	CE	DE ^a	NFE	NGF
Repetições (R)	1	9,36*	5,21 ^{ns}	15,65 ^{ns}	41,30 ^{ns}	1,12 ^{ns}	130,21 ^{ns}
Ciclos (C)	5	0,72 ^{ns}	4,27 ^{ns}	3,30 ^{ns}	11,65 ^{ns}	2,42 ^{ns}	31,11 ^{ns}
R x C = Res (a)	5	1,04	0,85	2,65	8,30	1,39	20,35
Subpopulações/C (S/C)	54	0,76 ^{ns}	1,88 ^{ns}	1,96**	7,51**	1,85**	15,93**
S / C0	9	0,33 ^{ns}	1,10 ^{ns}	0,90 ^{ns}	2,67 ^{ns}	0,78 ^{ns}	12,01 ^{ns}
S / C1	9	0,38 ^{ns}	1,76 ^{ns}	1,18 ^{ns}	5,13 ^{ns}	1,29 ^{ns}	9,98 ^{ns}
S / C2	9	1,11 ^{ns}	1,84 ^{ns}	1,63 ^{ns}	6,68 ^{ns}	2,07*	7,72 ^{ns}
S / C3	9	0,97 ^{ns}	2,59 ^{ns}	0,70 ^{ns}	10,35**	2,41*	8,19 ^{ns}
S / C4	9	1,55*	2,40 ^{ns}	6,34**	11,38**	2,62**	53,19**
S / C5	9	0,20 ^{ns}	1,60 ^{ns}	0,99 ^{ns}	8,82*	1,92 ^{ns}	4,46 ^{ns}
(R x S)/C = Res (b)	54	0,62	2,29	0,96	3,38	0,95	8,33
CV (%) Res (a)		33,53	11,99	11,77	6,90	8,57	15,40
Média geral		3,03	0,77	13,84	4,18	13,78	29,29

Fonte de Variação	GL	Quadrados médios – Sertãozinho 2010/11					
		PG	PROL ^a	CE	DE ^a	NFE	NGF
Repetições (R)	1	0,25 ^{ns}	11,35 ^{ns}	0,19 ^{ns}	3,40 ^{ns}	0,26 ^{ns}	0,01 ^{ns}
Ciclos (C)	5	2,16 ^{ns}	4,83 ^{ns}	2,68 ^{ns}	10,08 ^{ns}	1,23 ^{ns}	16,93 ^{ns}
R x C = Res (a)	5	1,19	4,25	0,54	3,08	0,57	4,07
Subpopulações/C (S/C)	54	1,23**	1,43 ^{ns}	1,49**	7,07**	1,96**	9,85**
S / C0	9	0,34 ^{ns}	1,17 ^{ns}	0,68 ^{ns}	2,39 ^{ns}	0,75 ^{ns}	6,24 ^{ns}
S / C1	9	1,40**	0,88 ^{ns}	1,51*	4,98 ^{ns}	0,77 ^{ns}	6,96 ^{ns}
S / C2	9	1,35**	1,14 ^{ns}	1,64*	9,89**	1,54 ^{ns}	10,95**
S / C3	9	1,10*	1,65 ^{ns}	1,00 ^{ns}	8,39**	3,99**	10,68*
S / C4	9	2,36**	2,26*	3,01**	13,51**	2,68**	19,98**
S / C5	9	0,86 ^{ns}	1,51 ^{ns}	1,13 ^{ns}	3,26 ^{ns}	2,01*	4,27 ^{ns}
(R x S)/C = Res (b)	54	0,46	1,06	0,67	2,99	0,87	3,93
CV (%) Res (a)		31,57	26,57	5,21	4,25	5,63	6,97
Média geral		3,46	0,78	14,16	4,12	13,46	28,92

ANEXO C – Quadrados médios e respectivas significâncias, médias gerais e coeficientes de variação das análises de variância individuais para as subpopulações autofecundadas (⊗) obtidas da população original BR-105, nos cinco ciclos de deriva, para produção de grãos e seus componentes, avaliados na Estação Experimental do Departamento de Genética e Estação Experimental Sertãozinho, safras 2010/11 e 2012/13

(conclusão)

Fonte de Variação	GL	Quadrados médios – Departamento 2012/13					
		PG	PROL ^a	CE	DE ^a	NFE	NGF
Repetições (R)	1	16,55**	16,95*	4,52 ^{ns}	47,63**	0,39 ^{ns}	3,61 ^{ns}
Ciclos (C)	5	4,93**	2,21 ^{ns}	2,84 ^{ns}	20,06**	2,35*	14,11 ^{ns}
R x C = Res (a)	5	0,27	1,21	1,09	1,53	0,38	5,72
Subpopulações/C (S/C)	54	1,44**	2,88 ^{ns}	1,94**	9,66**	2,43**	10,30**
S / C0	9	0,47 ^{ns}	3,52 ^{ns}	0,77 ^{ns}	4,81 ^{ns}	1,12 ^{ns}	4,66 ^{ns}
S / C1	9	1,41*	1,56 ^{ns}	1,73 ^{ns}	7,41*	0,89 ^{ns}	10,53*
S / C2	9	1,30 ^{ns}	2,17 ^{ns}	0,97 ^{ns}	8,47**	2,00**	5,69 ^{ns}
S / C3	9	1,68*	4,06 ^{ns}	1,35 ^{ns}	14,65**	5,32**	8,06 ^{ns}
S / C4	9	1,84**	1,41 ^{ns}	4,82**	16,28**	3,54**	24,93**
S / C5	9	1,96**	4,55 ^{ns}	1,98 ^{ns}	6,35*	1,71**	7,93 ^{ns}
(R x S)/C = Res (b)	54	0,64	2,24	1,01	2,79	0,62	4,93
CV (%) Res (a)		11,08	10,99	7,02	3,01	4,48	7,66
Média geral		4,73	1,00	14,85	4,12	13,79	31,23

Fonte de Variação	GL	Quadrados médios – Sertãozinho 2012/13					
		PG	PROL ^a	CE	DE ^a	NFE	NGF
Repetições (R)	1	1,72 ^{ns}	3,33 ^{ns}	11,61 ^{ns}	4,49 ^{ns}	0,34 ^{ns}	26,13 ^{ns}
Ciclos (C)	5	0,82 ^{ns}	0,16 ^{ns}	3,58 ^{ns}	12,70 ^{ns}	2,38 ^{ns}	12,91 ^{ns}
R x C = Res (a)	5	0,33	1,36	3,17	5,77	1,61	17,93
Subpopulações/C (S/C)	54	0,96 ^{ns}	1,53 ^{ns}	1,68 ^{ns}	8,72 ^{ns}	1,75 ^{ns}	9,75 ^{ns}
S / C0	9	0,68 ^{ns}	0,82 ^{ns}	0,84 ^{ns}	14,86 ^{ns}	1,55 ^{ns}	9,56 ^{ns}
S / C1	9	0,81 ^{ns}	1,31 ^{ns}	1,99 ^{ns}	5,53 ^{ns}	1,02 ^{ns}	8,21 ^{ns}
S / C2	9	0,95 ^{ns}	1,59 ^{ns}	1,77 ^{ns}	11,08 ^{ns}	2,35 ^{ns}	13,88 ^{ns}
S / C3	9	0,44 ^{ns}	1,93 ^{ns}	1,25 ^{ns}	4,68 ^{ns}	1,92 ^{ns}	6,45 ^{ns}
S / C4	9	2,04*	1,99 ^{ns}	1,15 ^{ns}	12,22 ^{ns}	2,11 ^{ns}	6,46 ^{ns}
S / C5	9	0,84 ^{ns}	1,55 ^{ns}	3,06 ^{ns}	3,95 ^{ns}	1,58 ^{ns}	13,92 ^{ns}
(R x S)/C = Res (b)	54	0,98	1,53	1,69	9,58	1,34	9,21
CV (%) Res (a)		11,15	12,99	11,96	5,70	9,09	13,67
Média geral		5,19	0,90	14,88	4,22	13,93	30,97

^{ns}, * e ** não significativo, significativo a 5% e 1% de probabilidade pelo teste *F*, respectivamente; PG (produção de grãos, em t ha⁻¹), PROL (prolificidade, em esp pl⁻¹), CE (comprimento de espiga, em cm esp⁻¹), DE (diâmetro de espiga, em cm esp⁻¹), NFE (número de fileiras por espiga), NGF (número de grãos por fileira); ^a Quadrados médios multiplicados por 10².

ANEXO D – Quadrados médios e respectivas significâncias, médias gerais e coeficientes de variação das análises de variância individuais para as subpopulações autofecundadas (⊗) obtidas da população original BR-106, nos cinco ciclos de deriva, para produção de grãos e seus componentes, avaliados na Estação Experimental do Departamento de Genética e Estação Experimental Sertãozinho, safras 2010/11 e 2012/13

(continua)

Fonte de Variação	GL	Quadrados médios – Departamento 2010/11					
		PG	PROL ^a	CE	DE ^a	NFE	NGF
Repetições (R)	1	8,15 ^{ns}	7,70 ^{ns}	9,06**	38,08**	0,16 ^{ns}	59,93*
Ciclos (C)	5	2,17 ^{ns}	2,28 ^{ns}	3,22*	18,71*	0,39 ^{ns}	28,23*
R x C = Res (a)	5	2,47	2,44	0,39	1,88	0,49	4,19
Subpopulações/C (S/C)	54	1,61**	1,67 ^{ns}	1,13*	5,94**	0,98*	14,68**
S / C0	9	0,80 ^{ns}	1,61 ^{ns}	0,44 ^{ns}	2,90 ^{ns}	0,64 ^{ns}	7,50 ^{ns}
S / C1	9	0,81 ^{ns}	0,97 ^{ns}	0,44 ^{ns}	6,39**	1,02 ^{ns}	5,47 ^{ns}
S / C2	9	2,66**	1,84 ^{ns}	2,07**	3,52 ^{ns}	0,59 ^{ns}	11,72**
S / C3	9	2,03**	2,18 ^{ns}	1,05 ^{ns}	4,97*	0,61 ^{ns}	16,21**
S / C4	9	1,69**	1,59 ^{ns}	0,85 ^{ns}	8,92**	1,21 ^{ns}	18,32**
S / C5	9	1,64**	1,81 ^{ns}	1,94**	8,95**	1,79**	28,84**
(R x S)/C = Res (b)	54	0,41	1,24	0,67	2,14	0,60	4,06
CV (%) Res (a)		37,86	19,51	4,67	3,15	5,21	6,73
Média geral		4,15	0,80	13,38	4,36	13,46	30,42

Fonte de Variação	GL	Quadrados médios – Sertãozinho 2010/11					
		PG	PROL ^a	CE	DE ^a	NFE	NGF
Repetições (R)	1	23,89*	0,35 ^{ns}	16,59**	25,03 ^{ns}	3,07 ^{ns}	81,02 ^{ns}
Ciclos (C)	5	5,04 ^{ns}	1,13 ^{ns}	6,72*	25,96 ^{ns}	0,66 ^{ns}	69,31 ^{ns}
R x C = Res (a)	5	1,61	0,55	0,73	8,43	0,76	18,65
Subpopulações/C (S/C)	54	1,15 ^{ns}	1,51*	1,89**	5,26*	1,11*	19,27**
S / C0	9	1,90*	0,37 ^{ns}	0,25 ^{ns}	1,53 ^{ns}	0,39 ^{ns}	4,36 ^{ns}
S / C1	9	1,11 ^{ns}	3,21**	1,75 ^{ns}	4,76 ^{ns}	1,12 ^{ns}	14,21 ^{ns}
S / C2	9	0,58 ^{ns}	1,48 ^{ns}	2,96**	2,27 ^{ns}	0,89 ^{ns}	23,38**
S / C3	9	0,31 ^{ns}	0,65 ^{ns}	1,49 ^{ns}	4,00 ^{ns}	1,94**	13,34 ^{ns}
S / C4	9	1,17 ^{ns}	0,91 ^{ns}	2,30*	13,49**	1,01 ^{ns}	22,39*
S / C5	9	1,85*	2,46*	2,60**	5,50 ^{ns}	1,30*	37,97**
(R x S)/C = Res (b)	54	0,83	0,94	0,91	2,95	0,61	8,16
CV (%) Res (a)		33,15	9,73	6,16	6,84	6,71	14,11
Média geral		3,83	0,76	13,84	4,25	13,00	30,62

ANEXO D – Quadrados médios e respectivas significâncias, médias gerais e coeficientes de variação das análises de variância individuais para as subpopulações autofecundadas (⊗) obtidas da população original BR-106, nos cinco ciclos de deriva, para produção de grãos e seus componentes, avaliados na Estação Experimental do Departamento de Genética e Estação Experimental Sertãozinho, safras 2010/11 e 2012/13

(conclusão)

Fonte de Variação	GL	Quadrados médios – Departamento 2012/13					
		PG	PROL ^a	CE	DE ^a	NFE	NGF
Repetições (R)	1	0,48 ^{ns}	0,33 ^{ns}	0,41 ^{ns}	17,94*	0,01 ^{ns}	0,01 ^{ns}
Ciclos (C)	5	1,42 ^{ns}	3,92 ^{ns}	4,27*	14,04*	0,83 ^{ns}	35,04*
R x C = Res (a)	5	1,02	2,36	0,73	2,62	0,46	6,19
Subpopulações/C (S/C)	54	1,91**	3,13 ^{ns}	1,87**	8,82**	0,90*	12,87**
S / C0	9	0,47 ^{ns}	2,53 ^{ns}	1,32 ^{ns}	5,05 ^{ns}	1,06 ^{ns}	7,44*
S / C1	9	1,21 ^{ns}	3,83 ^{ns}	0,67 ^{ns}	8,48 ^{ns}	0,64 ^{ns}	9,38**
S / C2	9	2,40**	3,05 ^{ns}	3,54**	5,10 ^{ns}	1,71**	12,25**
S / C3	9	1,39*	2,39 ^{ns}	0,48 ^{ns}	6,85 ^{ns}	0,73 ^{ns}	7,43*
S / C4	9	3,52**	4,85*	2,95**	16,07**	0,29 ^{ns}	24,33**
S / C5	9	2,49**	2,13 ^{ns}	2,26**	11,37*	0,96 ^{ns}	16,37**
(R x S)/C = Res (b)	54	0,65	2,08	0,77	4,15	0,53	2,72
CV (%) Res (a)		19,14	15,95	5,99	3,79	5,07	7,70
Média geral		5,28	0,96	14,25	4,27	13,45	32,31

Fonte de Variação	GL	Quadrados médios – Sertãozinho 2012/13					
		PG	PROL ^a	CE	DE ^a	NFE	NGF
Repetições (R)	1	15,20**	35,10**	5,13 ^{ns}	39,91*	1,28 ^{ns}	7,91 ^{ns}
Ciclos (C)	5	1,77 ^{ns}	0,97 ^{ns}	2,46 ^{ns}	15,00 ^{ns}	0,56 ^{ns}	36,30 ^{ns}
R x C = Res (a)	5	0,64	1,23	1,08	5,09	0,60	8,63
Subpopulações/C (S/C)	54	0,67 ^{ns}	2,13 ^{ns}	1,01 ^{ns}	4,00 ^{ns}	0,80 ^{ns}	9,79 ^{ns}
S / C0	9	0,64 ^{ns}	1,17 ^{ns}	0,65 ^{ns}	2,82 ^{ns}	0,98 ^{ns}	8,56 ^{ns}
S / C1	9	1,35 ^{ns}	3,82*	0,80 ^{ns}	2,54 ^{ns}	1,32 ^{ns}	2,55 ^{ns}
S / C2	9	0,40 ^{ns}	1,33 ^{ns}	1,86 ^{ns}	3,13 ^{ns}	1,01 ^{ns}	18,68 ^{ns}
S / C3	9	0,30 ^{ns}	4,11*	0,95 ^{ns}	3,89 ^{ns}	0,55 ^{ns}	6,63 ^{ns}
S / C4	9	0,42 ^{ns}	0,80 ^{ns}	0,94 ^{ns}	8,09 ^{ns}	0,12 ^{ns}	13,05 ^{ns}
S / C5	9	0,92 ^{ns}	1,54 ^{ns}	0,86 ^{ns}	3,54 ^{ns}	0,78 ^{ns}	9,26 ^{ns}
(R x S)/C = Res (b)	54	0,79	1,59	1,61	5,91	0,85	10,14
CV (%) Res (a)		16,46	12,52	7,51	5,35	5,83	9,21
Média geral		4,86	0,89	13,84	4,22	13,24	31,90

^{ns}, * e ** não significativo, significativo a 5% e 1% de probabilidade pelo teste *F*, respectivamente; PG (produção de grãos, em t ha⁻¹), PROL (prolificidade, em esp pl⁻¹), CE (comprimento de espiga, em cm esp⁻¹), DE (diâmetro de espiga, em cm esp⁻¹), NFE (número de fileiras por espiga), NGF (número de grãos por fileira); ^a Quadrados médios multiplicados por 10².

ANEXO E – Quadrados médios e respectivas significâncias, médias gerais e coeficientes de variação das análises de variância individuais para as subpopulações nos dois níveis de endogamia, obtidas da população original BR-105, nos cinco ciclos de deriva, para produção de grãos e seus componentes, avaliados na Estação Experimental do Departamento de Genética, safra 2010/11

Fonte de Variação	GL	Quadrados médios – Departamento 2010/11					
		PG	PROL ^a	CE	DE ^a	NFE	NGF
Repetições (R)	1	12,18 ^{ns}	2,05 ^{ns}	13,88 ^{ns}	69,55*	2,17 ^{ns}	162,36 ^{ns}
Ciclos (C)	5	14,69*	14,71**	9,44 ^{ns}	8,34 ^{ns}	2,58 ^{ns}	72,23 ^{ns}
R x C = Res (a)	5	2,72	1,05	4,32	6,40	1,00	30,70
Endogamia (E)	1	337,75*	60,60 ^{ns}	86,74 ^{ns}	382,03*	7,63**	882,43 ^{ns}
R x E = Res (b)	1	0,70	3,22	3,49	0,56	0,01	11,53
C x E	5	5,15**	2,27**	3,12 ^{ns}	5,91 ^{ns}	1,55 ^{ns}	21,01 ^{ns}
R x E x C = Res (c)	5	0,38	0,19	0,83	3,81	0,76	6,74
Subpopulações/C (S/C)	54	2,04*	2,49 ^{ns}	3,55**	11,61**	3,46**	26,86**
S / C0	9	0,81 ^{ns}	2,37 ^{ns}	0,57 ^{ns}	2,24 ^{ns}	0,44 ^{ns}	12,16 ^{ns}
S / C1	9	0,58 ^{ns}	1,21 ^{ns}	1,88 ^{ns}	4,58 ^{ns}	1,54 ^{ns}	14,58 ^{ns}
S / C2	9	1,46 ^{ns}	2,50 ^{ns}	2,07 ^{ns}	9,07*	3,76**	13,41 ^{ns}
S / C3	9	2,27*	3,93 ^{ns}	1,72 ^{ns}	18,28**	4,22**	16,16 ^{ns}
S / C4	9	4,99**	2,52 ^{ns}	11,65**	14,48**	4,99**	90,69**
S / C5	9	2,14 ^{ns}	2,39 ^{ns}	3,44**	20,98**	5,79**	14,16 ^{ns}
(R x S)/C = Res (d)	54	1,09	2,12	1,08	3,52	1,04	8,26
(E x S) / C	54	0,81*	1,15 ^{ns}	1,13*	3,59**	0,70 ^{ns}	8,02 ^{ns}
(ExS) / C0	9	0,15 ^{ns}	0,58 ^{ns}	0,92 ^{ns}	2,71 ^{ns}	0,54 ^{ns}	4,90 ^{ns}
(ExS) / C1	9	0,39 ^{ns}	1,43 ^{ns}	0,56 ^{ns}	3,79*	0,52 ^{ns}	3,94 ^{ns}
(ExS) / C2	9	0,89 ^{ns}	1,19 ^{ns}	1,88*	2,78 ^{ns}	1,01 ^{ns}	11,02 ^{ns}
(ExS) / C3	9	0,55 ^{ns}	0,46 ^{ns}	0,31 ^{ns}	1,99 ^{ns}	0,85 ^{ns}	5,27 ^{ns}
(ExS) / C4	9	1,77**	1,72 ^{ns}	1,06 ^{ns}	8,65**	0,85 ^{ns}	11,94 ^{ns}
(ExS) / C5	9	1,15*	1,51 ^{ns}	2,06**	1,60 ^{ns}	0,41 ^{ns}	11,08 ^{ns}
(E x S x R)/C = Res (e)	54	0,48	1,48	0,71	1,79	0,50	6,10
CV (%) Res (a)		39,06	12,49	14,40	5,88	7,17	17,75
Média geral		4,22	0,82	14,44	4,30	13,96	31,21

^{ns}, * e ** não significativo, significativo a 5% e 1% de probabilidade pelo teste *F*, respectivamente; PG (produção de grãos, em t ha⁻¹), PROL (prolificidade, em esp pl⁻¹), CE (comprimento de espiga, em cm esp⁻¹), DE (diâmetro de espiga, em cm esp⁻¹), NFE (número de fileiras por espiga), NGF (número de grãos por fileira); ^a Quadrados médios multiplicados por 10².

ANEXO F – Quadrados médios e respectivas significâncias, médias gerais e coeficientes de variação das análises de variância individuais para as subpopulações nos dois níveis de endogamia, obtidas da população original BR-106, nos cinco ciclos de deriva, para produção de grãos e seus componentes, avaliados na Estação Experimental do Departamento de Genética, safra 2010/11

Fonte de Variação	GL	Quadrados médios – Departamento 2010/11					
		PG	PROL ^a	CE	DE ^a	NFE	NGF
Repetições (R)	1	13,63 ^{ns}	44,72*	12,50**	0,01 ^{ns}	0,29 ^{ns}	78,43*
Ciclos (C)	5	17,23*	1,98 ^{ns}	9,15**	41,68**	0,88 ^{ns}	84,01**
R x C = <i>Res (a)</i>	5	3,29	3,34	0,58	0,69	0,46	6,88
Endogamia (E)	1	512,52**	72,38 ^{ns}	169,71*	546,02 ^{ns}	4,82 ^{ns}	1.647,46*
R x E = <i>Res (b)</i>	1	0,12	7,63	0,52	76,61	1,23	4,37
C x E	5	5,70*	1,18 ^{ns}	0,51 ^{ns}	3,48 ^{ns}	0,34 ^{ns}	5,24 ^{ns}
R x E x C = <i>Res (c)</i>	5	0,84	0,58	0,49	2,08	0,42	3,69
Subpopulações/C (S/C)	54	2,38**	1,67 ^{ns}	2,01**	7,65**	1,33**	17,43**
<i>S / C0</i>	9	1,42 ^{ns}	0,72 ^{ns}	0,80 ^{ns}	1,74 ^{ns}	0,28 ^{ns}	5,83 ^{ns}
<i>S / C1</i>	9	1,19 ^{ns}	1,74 ^{ns}	0,65 ^{ns}	7,62**	1,36**	7,83 ^{ns}
<i>S / C2</i>	9	2,59**	1,37 ^{ns}	4,80**	2,47 ^{ns}	1,17*	18,96**
<i>S / C3</i>	9	1,94*	1,28 ^{ns}	2,12*	8,11**	1,08*	17,45**
<i>S / C4</i>	9	2,17*	2,36*	1,04 ^{ns}	10,49**	1,46**	13,53**
<i>S / C5</i>	9	4,97**	2,57*	2,66**	15,47**	2,63**	40,98**
(R x S)/C = <i>Res (d)</i>	54	0,79	1,14	0,79	2,05	0,48	4,88
(E x S) / C	54	0,98**	0,74 ^{ns}	0,60 ^{ns}	3,01*	0,44 ^{ns}	8,85**
(<i>ExS</i>) / <i>C0</i>	9	0,69 ^{ns}	1,15 ^{ns}	0,55 ^{ns}	1,70 ^{ns}	1,01 ^{ns}	5,56 ^{ns}
(<i>ExS</i>) / <i>C1</i>	9	0,39 ^{ns}	0,19 ^{ns}	0,14 ^{ns}	4,72**	0,70 ^{ns}	3,50 ^{ns}
(<i>ExS</i>) / <i>C2</i>	9	2,03**	1,00 ^{ns}	0,59 ^{ns}	3,27 ^{ns}	0,19 ^{ns}	12,48**
(<i>ExS</i>) / <i>C3</i>	9	1,41**	1,41 ^{ns}	0,47 ^{ns}	0,56 ^{ns}	0,21 ^{ns}	9,85*
(<i>ExS</i>) / <i>C4</i>	9	1,07*	0,32 ^{ns}	1,29*	3,15 ^{ns}	0,32 ^{ns}	14,84**
(<i>ExS</i>) / <i>C5</i>	9	0,31 ^{ns}	0,36 ^{ns}	0,57 ^{ns}	4,68**	0,21 ^{ns}	6,85 ^{ns}
(E x S x R)/C = <i>Res (e)</i>	54	0,41	0,84	0,57	1,68	0,50	3,75
CV (%) <i>Res (a)</i>		32,31	21,36	5,33	1,85	4,98	7,94
Média geral		5,61	0,86	14,23	4,51	13,60	33,04

^{ns}, * e ** não significativo, significativo a 5% e 1% de probabilidade pelo teste *F*, respectivamente; PG (produção de grãos, em t ha⁻¹), PROL (prolificidade, em esp pl⁻¹), CE (comprimento de espiga, em cm esp⁻¹), DE (diâmetro de espiga, em cm esp⁻¹), NFE (número de fileiras por espiga), NGF (número de grãos por fileira); ^a Quadrados médios multiplicados por 10².

ANEXO G – Quadrados médios e respectivas significâncias, médias gerais e coeficientes de variação das análises de variância individuais para as subpopulações nos dois níveis de endogamia, obtidas da população original BR-105, nos cinco ciclos de deriva, para produção de grãos e seus componentes, avaliados na Estação Experimental Sertãozinho, safra 2010/11

Fonte de Variação	GL	Quadrados médios – Sertãozinho 2010/11					
		PG	PROL ^a	CE	DE ^a	NFE	NGF
Repetições (R)	1	16,66 ^{ns}	11,97 ^{ns}	0,43 ^{ns}	20,42 ^{ns}	1,18 ^{ns}	0,15 ^{ns}
Ciclos (C)	5	5,61 ^{ns}	8,55 ^{ns}	9,61 ^{ns}	13,28 ^{ns}	3,61**	79,64 ^{ns}
R x C = Res (a)	5	3,06	5,24	4,38	7,68	0,21	24,87
Endogamia (E)	1	290,40 ^{ns}	8,66 ^{ns}	65,27**	761,84*	16,22 ^{ns}	963,20*
R x E = Res (b)	1	11,36	1,70	0,01	3,65	0,13	0,29
C x E	5	4,89 ^{ns}	2,06 ^{ns}	2,08 ^{ns}	4,97 ^{ns}	0,24 ^{ns}	20,48 ^{ns}
R x E x C = Res (c)	5	1,10	1,22	1,39	2,03	0,62	7,51
Subpopulações/C (S/C)	54	2,83**	2,51**	2,68**	11,17**	2,84**	16,35**
S / C0	9	0,61 ^{ns}	1,22 ^{ns}	1,13 ^{ns}	2,97 ^{ns}	0,48 ^{ns}	5,81 ^{ns}
S / C1	9	2,94**	1,74 ^{ns}	3,09**	6,35 ^{ns}	0,63 ^{ns}	15,18**
S / C2	9	1,45*	0,96 ^{ns}	1,47 ^{ns}	10,40**	2,16*	5,61 ^{ns}
S / C3	9	1,68*	1,98 ^{ns}	2,74**	12,14**	5,59**	16,61**
S / C4	9	5,15**	4,83**	4,94**	20,73**	4,20**	35,99**
S / C5	9	5,13**	4,30**	2,71*	14,41**	3,98**	18,91**
(R x S)/C = Res (d)	54	0,70	1,02	0,99	3,30	0,80	4,97
(E x S) / C	54	1,25**	0,99 ^{ns}	1,18*	3,94*	1,03*	8,87*
(ExS) / C0	9	0,48 ^{ns}	0,60 ^{ns}	0,33 ^{ns}	2,95 ^{ns}	1,26*	5,20 ^{ns}
(ExS) / C1	9	1,10 ^{ns}	1,12 ^{ns}	0,69 ^{ns}	2,59 ^{ns}	0,62 ^{ns}	5,03 ^{ns}
(ExS) / C2	9	1,93**	1,47 ^{ns}	1,65*	7,48**	1,95**	14,40**
(ExS) / C3	9	0,36 ^{ns}	0,80 ^{ns}	0,62 ^{ns}	1,25 ^{ns}	0,45 ^{ns}	3,48 ^{ns}
(ExS) / C4	9	0,88 ^{ns}	0,71 ^{ns}	1,68*	4,57 ^{ns}	0,84 ^{ns}	9,81 ^{ns}
(ExS) / C5	9	2,75**	1,26 ^{ns}	2,11**	4,77 ^{ns}	1,06 ^{ns}	15,31**
(E x S x R)/C = Res (e)	54	0,56	0,78	0,75	2,34	0,56	5,20
CV (%) Res (a)		38,40	28,80	14,25	6,44	3,36	16,12
Média geral		4,56	0,79	14,68	4,30	13,72	30,93

^{ns}, * e ** não significativo, significativo a 5% e 1% de probabilidade pelo teste *F*, respectivamente; PG (produção de grãos, em t ha⁻¹), PROL (prolifidade, em esp pl⁻¹), CE (comprimento de espiga, em cm esp⁻¹), DE (diâmetro de espiga, em cm esp⁻¹), NFE (número de fileiras por espiga), NGF (número de grãos por fileira); ^a Quadrados médios multiplicados por 10².

ANEXO H – Quadrados médios e respectivas significâncias, médias gerais e coeficientes de variação das análises de variância individuais para as subpopulações nos dois níveis de endogamia, obtidas da população original BR-106, nos cinco ciclos de deriva, para produção de grãos e seus componentes, avaliados na Estação Experimental Sertãozinho, safra 2010/11

Fonte de Variação	GL	Quadrados médios – Sertãozinho 2010/11					
		PG	PROL ^a	CE	DE ^a	NFE	NGF
Repetições (R)	1	60,97**	13,07*	20,22**	62,83*	6,40 ^{ns}	100,10*
Ciclos (C)	5	18,52*	2,00 ^{ns}	12,25**	46,93*	0,80 ^{ns}	114,41*
R x C = Res (a)	5	2,37	0,85	0,64	6,75	1,04	13,18
Endogamia (E)	1	476,61*	107,47 ^{ns}	68,54 ^{ns}	903,26*	4,27*	1.343,32*
R x E = Res (b)	1	0,80	7,70	1,60	0,73	0,01	7,42
C x E	5	2,51 ^{ns}	0,61 ^{ns}	1,39 ^{ns}	4,75 ^{ns}	0,10 ^{ns}	9,34 ^{ns}
R x E x C = Res (c)	5	0,64	0,71	0,95	3,80	0,66	13,02
Subpopulações/C (S/C)	54	2,98**	2,07**	2,70**	8,07**	1,45**	25,27**
S / C0	9	1,55 ^{ns}	0,40 ^{ns}	0,36 ^{ns}	1,44 ^{ns}	0,37 ^{ns}	5,01 ^{ns}
S / C1	9	2,44 ^{ns}	2,28**	2,08*	6,02*	1,63**	18,51*
S / C2	9	3,24*	2,15**	3,94**	4,19 ^{ns}	1,50**	32,89**
S / C3	9	1,46 ^{ns}	1,00 ^{ns}	3,49**	5,11 ^{ns}	2,49**	25,00**
S / C4	9	2,77 ^{ns}	1,42*	2,64**	23,19**	1,31*	23,18**
S / C5	9	6,42**	5,17**	3,71**	8,46**	1,42**	47,06**
(R x S)/C = Res (d)	54	1,37	0,68	0,84	2,79	0,48	7,54
(E x S) / C	54	1,34**	1,08 ^{ns}	0,73 ^{ns}	2,50 ^{ns}	0,54 ^{ns}	5,80 ^{ns}
(ExS) / C0	9	1,15*	0,77 ^{ns}	0,49 ^{ns}	2,20 ^{ns}	0,50 ^{ns}	3,01 ^{ns}
(ExS) / C1	9	1,13*	1,57*	0,80 ^{ns}	1,44 ^{ns}	0,23 ^{ns}	4,92 ^{ns}
(ExS) / C2	9	1,03 ^{ns}	0,65 ^{ns}	0,28 ^{ns}	1,85 ^{ns}	0,28 ^{ns}	3,65 ^{ns}
(ExS) / C3	9	1,42*	0,76 ^{ns}	0,65 ^{ns}	1,49 ^{ns}	0,83 ^{ns}	3,45 ^{ns}
(ExS) / C4	9	1,15*	0,77 ^{ns}	1,48 ^{ns}	2,03 ^{ns}	0,38 ^{ns}	10,94 ^{ns}
(ExS) / C5	9	2,17**	1,97**	0,67 ^{ns}	5,98**	1,03 ^{ns}	8,81 ^{ns}
(E x S x R)/C = Res (e)	54	0,53	0,70	0,88	2,03	0,64	6,06
CV (%) Res (a)		29,40	11,14	5,56	5,85	7,77	11,00
Média geral		5,24	0,83	14,37	4,44	13,13	32,98

^{ns}, * e ** não significativo, significativo a 5% e 1% de probabilidade pelo teste *F*, respectivamente; PG (produção de grãos, em t ha⁻¹), PROL (prolificidade, em esp pl⁻¹), CE (comprimento de espiga, em cm esp⁻¹), DE (diâmetro de espiga, em cm esp⁻¹), NFE (número de fileiras por espiga), NGF (número de grãos por fileira); ^a Quadrados médios multiplicados por 10².

ANEXO I – Quadrados médios e respectivas significâncias, médias gerais e coeficientes de variação das análises de variância individuais para as subpopulações nos dois níveis de endogamia, obtidas da população original BR-105, nos cinco ciclos de deriva, para produção de grãos e seus componentes, avaliados na Estação Experimental do Departamento de Genética, safra 2012/13

Fonte de Variação	GL	Quadrados médios – Departamento 2012/13					
		PG	PROL ^a	CE	DE ^a	NFE	NGF
Repetições (R)	1	31,11**	15,45*	3,46 ^{ns}	65,52**	0,42 ^{ns}	2,52 ^{ns}
Ciclos (C)	5	1,77 ^{ns}	2,54 ^{ns}	7,63**	17,07*	1,92*	49,32**
R x C = Res (a)	5	1,57	1,63	0,55	1,89	0,27	3,39
Endogamia (E)	1	438,45**	26,20 ^{ns}	153,25 ^{ns}	699,73*	15,61*	876,31*
R x E = Res (b)	1	0,03	3,58	1,32	2,77	0,05	1,20
C x E	5	7,36 ^{ns}	2,26 ^{ns}	2,40 ^{ns}	5,07*	1,04*	5,11 ^{ns}
R x E x C = Res (c)	5	2,12	2,39	1,65	0,97	0,19	3,94
Subpopulações/C (S/C)	54	2,86**	4,17*	2,75**	17,84**	4,48**	10,91*
S / C0	9	0,19 ^{ns}	4,22 ^{ns}	0,64 ^{ns}	5,18 ^{ns}	1,10 ^{ns}	1,58 ^{ns}
S / C1	9	2,77**	3,06 ^{ns}	1,60 ^{ns}	8,91**	1,31*	9,70 ^{ns}
S / C2	9	1,37 ^{ns}	1,55 ^{ns}	1,31 ^{ns}	9,83**	2,78**	4,89 ^{ns}
S / C3	9	2,55**	5,74*	1,67 ^{ns}	29,26**	8,16**	10,24 ^{ns}
S / C4	9	4,50**	2,57 ^{ns}	6,10**	28,14**	9,01**	26,87**
S / C5	9	5,78**	7,89**	5,18**	25,74**	4,53**	12,17*
(R x S)/C = Res (d)	54	0,81	2,26	1,23	2,54	0,59	5,78
(E x S) / C	54	0,96 ^{ns}	1,67 ^{ns}	0,97 ^{ns}	3,56*	1,12*	7,92**
(ExS) / C0	9	0,74 ^{ns}	1,29 ^{ns}	0,83 ^{ns}	1,66 ^{ns}	0,74 ^{ns}	7,39 ^{ns}
(ExS) / C1	9	0,48 ^{ns}	0,97 ^{ns}	1,16 ^{ns}	1,41 ^{ns}	1,35 ^{ns}	9,00*
(ExS) / C2	9	1,31 ^{ns}	2,65 ^{ns}	0,77 ^{ns}	5,12*	1,18 ^{ns}	3,29 ^{ns}
(ExS) / C3	9	0,95 ^{ns}	0,74 ^{ns}	1,13 ^{ns}	3,28 ^{ns}	1,01 ^{ns}	4,53 ^{ns}
(ExS) / C4	9	1,45*	3,13*	0,98 ^{ns}	4,05 ^{ns}	1,62*	13,81**
(ExS) / C5	9	0,83 ^{ns}	1,23 ^{ns}	0,93 ^{ns}	5,85*	0,82 ^{ns}	9,52**
(E x S x R)/C = Res (e)	54	0,65	1,43	0,92	2,15	0,68	4,10
CV (%) Res (a)		20,63	12,36	4,74	3,21	3,73	5,56
Média geral		6,08	1,03	15,65	4,29	14,05	33,14

^{ns}, * e ** não significativo, significativo a 5% e 1% de probabilidade pelo teste *F*, respectivamente; PG (produção de grãos, em t ha⁻¹), PROL (prolifidade, em esp pl⁻¹), CE (comprimento de espiga, em cm esp⁻¹), DE (diâmetro de espiga, em cm esp⁻¹), NFE (número de fileiras por espiga), NGF (número de grãos por fileira); ^a Quadrados médios multiplicados por 10².

ANEXO J – Quadrados médios e respectivas significâncias, médias gerais e coeficientes de variação das análises de variância individuais para as subpopulações nos dois níveis de endogamia, obtidas da população original BR-106, nos cinco ciclos de deriva, para produção de grãos e seus componentes, avaliados na Estação Experimental do Departamento de Genética, safra 2012/13

Fonte de Variação	GL	Quadrados médios – Departamento 2012/13					
		PG	PROL ^a	CE	DE ^a	NFE	NGF
Repetições (R)	1	4,65 ^{ns}	0,08 ^{ns}	1,04 ^{ns}	13,73 ^{ns}	0,13 ^{ns}	1,72 ^{ns}
Ciclos (C)	5	11,45*	4,07 ^{ns}	12,55**	49,70**	1,26 ^{ns}	88,19**
R x C = Res (a)	5	1,13	2,83	0,65	2,90	0,71	7,74
Endogamia (E)	1	562,52*	12,97 ^{ns}	137,02**	1.141,45*	1,62 ^{ns}	986,99*
R x E = Res (b)	1	1,39	0,28	0,01	5,22	0,12	1,43
C x E	5	5,89*	1,44 ^{ns}	1,72 ^{ns}	6,59 ^{ns}	0,95 ^{ns}	13,48 ^{ns}
R x E x C = Res (c)	5	0,74	2,46	0,74	3,34	0,38	3,58
Subpopulações/C (S/C)	54	3,98**	3,44 ^{ns}	3,06**	10,24**	1,59*	17,54**
S / C0	9	1,56 ^{ns}	1,27 ^{ns}	1,62 ^{ns}	3,50 ^{ns}	0,87*	5,62 ^{ns}
S / C1	9	2,49 ^{ns}	3,16 ^{ns}	1,67 ^{ns}	11,10**	2,32**	8,65 ^{ns}
S / C2	9	4,86**	2,85 ^{ns}	7,47**	4,24 ^{ns}	2,21**	29,94**
S / C3	9	1,53 ^{ns}	2,11 ^{ns}	0,88 ^{ns}	7,15 ^{ns}	1,76**	12,79*
S / C4	9	6,22**	6,65**	3,80**	22,31**	1,06**	18,60**
S / C5	9	7,22**	4,58 ^{ns}	2,92**	13,17**	1,29**	29,62**
(R x S)/C = Res (d)	54	1,26	2,24	0,94	3,94	0,37	4,83
(E x S) / C	54	1,41**	2,48**	0,93 ^{ns}	4,44 ^{ns}	0,69 ^{ns}	9,37**
(ExS) / C0	9	1,93**	2,00 ^{ns}	0,69 ^{ns}	6,09 ^{ns}	0,95 ^{ns}	9,31*
(ExS) / C1	9	0,49 ^{ns}	1,79 ^{ns}	0,39 ^{ns}	6,74 ^{ns}	0,69 ^{ns}	7,13 ^{ns}
(ExS) / C2	9	1,15 ^{ns}	2,03 ^{ns}	0,53 ^{ns}	2,66 ^{ns}	0,60 ^{ns}	6,06 ^{ns}
(ExS) / C3	9	0,98 ^{ns}	3,61**	1,28 ^{ns}	3,90 ^{ns}	0,90 ^{ns}	8,04*
(ExS) / C4	9	1,63*	2,19 ^{ns}	1,81**	2,27 ^{ns}	0,30 ^{ns}	22,38**
(ExS) / C5	9	2,25**	3,26*	0,90 ^{ns}	4,96 ^{ns}	0,70 ^{ns}	3,28 ^{ns}
(E x S x R)/C = Res (e)	54	0,66	1,30	0,62	3,33	0,67	3,75
CV (%) Res (a)		15,63	17,09	5,39	3,79	6,23	8,10
Média geral		6,81	0,99	15,01	4,49	13,53	34,34

^{ns}, * e ** não significativo, significativo a 5% e 1% de probabilidade pelo teste *F*, respectivamente; PG (produção de grãos, em t ha⁻¹), PROL (prolificidade, em esp pl⁻¹), CE (comprimento de espiga, em cm esp⁻¹), DE (diâmetro de espiga, em cm esp⁻¹), NFE (número de fileiras por espiga), NGF (número de grãos por fileira); ^a Quadrados médios multiplicados por 10².

ANEXO K – Quadrados médios e respectivas significâncias, médias gerais e coeficientes de variação das análises de variância individuais para as subpopulações nos dois níveis de endogamia, obtidas da população original BR-105, nos cinco ciclos de deriva, para produção de grãos e seus componentes, avaliados na Estação Experimental Sertãozinho, safra 2012/13

Fonte de Variação	GL	Quadrados médios – Sertãozinho 2012/13					
		PG	PROL ^a	CE	DE ^a	NFE	NGF
Repetições (R)	1	2,89 ^{ns}	1,25 ^{ns}	7,41 ^{ns}	12,79 ^{ns}	0,04 ^{ns}	13,35 ^{ns}
Ciclos (C)	5	0,56 ^{ns}	1,05 ^{ns}	4,12 ^{ns}	6,63 ^{ns}	1,75 ^{ns}	22,96 ^{ns}
R x C = Res (a)	5	2,46	3,31	6,86	4,98	3,09	52,26
Endogamia (E)	1	328,63**	54,63 ^{ns}	128,45 ^{ns}	426,13 ^{ns}	6,14 ^{ns}	1.002,87 ^{ns}
R x E = Res (b)	1	0,02	2,15	4,39	43,18	1,07	12,79
C x E	5	2,27 ^{ns}	0,67 ^{ns}	2,65 ^{ns}	6,71 ^{ns}	0,82 ^{ns}	9,98 ^{ns}
R x E x C = Res (c)	5	5,22	0,82	1,86	2,32	0,87	8,68
Subpopulações/C (S/C)	54	2,63 ^{ns}	1,78 ^{ns}	1,42 ^{ns}	10,68 ^{ns}	2,62 ^{ns}	12,15 ^{ns}
S / C0	9	2,86 ^{ns}	1,48 ^{ns}	1,51 ^{ns}	15,23 ^{ns}	2,20 ^{ns}	11,40 ^{ns}
S / C1	9	1,16 ^{ns}	1,24 ^{ns}	1,43 ^{ns}	7,88 ^{ns}	2,96 ^{ns}	3,61 ^{ns}
S / C2	9	2,38 ^{ns}	1,90 ^{ns}	1,47 ^{ns}	11,56 ^{ns}	4,18*	19,54 ^{ns}
S / C3	9	0,92 ^{ns}	0,95 ^{ns}	1,09 ^{ns}	6,57 ^{ns}	2,04 ^{ns}	10,54 ^{ns}
S / C4	9	5,92*	3,40 ^{ns}	0,69 ^{ns}	18,03 ^{ns}	2,78 ^{ns}	9,54 ^{ns}
S / C5	9	2,53 ^{ns}	1,71 ^{ns}	2,32 ^{ns}	4,84 ^{ns}	1,56 ^{ns}	18,29 ^{ns}
(R x S)/C = Res (d)	54	2,26	2,10	2,20	11,66	1,91	10,30
(E x S) / C	54	0,67 ^{ns}	1,42 ^{ns}	1,04 ^{ns}	3,93 ^{ns}	0,71 ^{ns}	5,50 ^{ns}
(ExS) / C0	9	0,67 ^{ns}	1,54 ^{ns}	0,54 ^{ns}	8,29 ^{ns}	0,68 ^{ns}	5,08 ^{ns}
(ExS) / C1	9	0,35 ^{ns}	0,80 ^{ns}	1,97*	3,84 ^{ns}	0,88 ^{ns}	8,17 ^{ns}
(ExS) / C2	9	0,63 ^{ns}	1,58 ^{ns}	0,77 ^{ns}	4,20 ^{ns}	0,22 ^{ns}	5,32 ^{ns}
(ExS) / C3	9	0,60 ^{ns}	2,14*	0,63 ^{ns}	1,35 ^{ns}	0,65 ^{ns}	3,14 ^{ns}
(ExS) / C4	9	1,13 ^{ns}	1,54 ^{ns}	1,03 ^{ns}	3,92 ^{ns}	0,69 ^{ns}	6,77 ^{ns}
(ExS) / C5	9	0,64 ^{ns}	0,90 ^{ns}	1,29 ^{ns}	1,99 ^{ns}	1,16 ^{ns}	4,54 ^{ns}
(E x S x R)/C = Res (e)	54	0,80	0,98	0,86	6,05	0,65	5,84
CV (%) Res (a)		24,67	19,25	16,78	5,13	12,46	21,90
Média geral		6,36	0,94	15,61	4,35	14,09	33,01

^{ns}, * e ** não significativo, significativo a 5% e 1% de probabilidade pelo teste *F*, respectivamente; PG (produção de grãos, em t ha⁻¹), PROL (prolificidade, em esp pl⁻¹), CE (comprimento de espiga, em cm esp⁻¹), DE (diâmetro de espiga, em cm esp⁻¹), NFE (número de fileiras por espiga), NGF (número de grãos por fileira); ^a Quadrados médios multiplicados por 10².

ANEXO L – Quadrados médios e respectivas significâncias, médias gerais e coeficientes de variação das análises de variância individuais para as subpopulações nos dois níveis de endogamia, obtidas da população original BR-106, nos cinco ciclos de deriva, para produção de grãos e seus componentes, avaliados na Estação Experimental Sertãozinho, safra 2012/13

Fonte de Variação	GL	Quadrados médios – Sertãozinho 2012/13					
		PG	PROL ^a	CE	DE ^a	NFE	NGF
Repetições (R)	1	23,68*	30,25**	0,13 ^{ns}	32,86 ^{ns}	1,23 ^{ns}	13,54 ^{ns}
Ciclos (C)	5	5,45 ^{ns}	2,40 ^{ns}	2,98 ^{ns}	20,66 ^{ns}	0,39 ^{ns}	33,75 ^{ns}
R x C = Res (a)	5	1,59	1,03	1,94	12,01	0,54	10,80
Endogamia (E)	1	372,88*	23,56 ^{ns}	91,76 ^{ns}	558,15 ^{ns}	4,37 ^{ns}	710,70 ^{ns}
R x E = Res (b)	1	0,42	8,29	12,70	10,25	0,24	58,61
C x E	5	1,50 ^{ns}	0,84 ^{ns}	1,08 ^{ns}	2,83 ^{ns}	0,60 ^{ns}	17,65*
R x E x C = Res (c)	5	2,23	0,57	0,68	2,12	0,79	2,02
Subpopulações/C (S/C)	54	1,71 ^{ns}	1,94 ^{ns}	1,54 ^{ns}	5,51 ^{ns}	1,21 ^{ns}	13,62 ^{ns}
S / C0	9	2,32 ^{ns}	1,05 ^{ns}	0,66 ^{ns}	4,92 ^{ns}	0,35 ^{ns}	12,29 ^{ns}
S / C1	9	3,09 ^{ns}	3,24 ^{ns}	1,25 ^{ns}	4,24 ^{ns}	0,99 ^{ns}	7,90 ^{ns}
S / C2	9	0,66 ^{ns}	1,62 ^{ns}	2,39 ^{ns}	3,32 ^{ns}	1,70 ^{ns}	19,38 ^{ns}
S / C3	9	0,76 ^{ns}	2,89 ^{ns}	2,21 ^{ns}	4,01 ^{ns}	0,74 ^{ns}	12,12 ^{ns}
S / C4	9	1,52 ^{ns}	0,99 ^{ns}	1,67 ^{ns}	9,73 ^{ns}	2,02*	18,85 ^{ns}
S / C5	9	1,92 ^{ns}	1,82 ^{ns}	1,07 ^{ns}	6,85 ^{ns}	1,46 ^{ns}	11,21 ^{ns}
(R x S)/C = Res (d)	54	1,92	2,38	2,37	7,86	0,87	12,73
(E x S) / C	54	0,61 ^{ns}	1,24 ^{ns}	1,15 ^{ns}	3,04 ^{ns}	0,71 ^{ns}	6,11 ^{ns}
(ExS) / C0	9	1,10 ^{ns}	0,75 ^{ns}	0,38 ^{ns}	2,00 ^{ns}	0,44 ^{ns}	2,96 ^{ns}
(ExS) / C1	9	0,17 ^{ns}	2,15 ^{ns}	1,27 ^{ns}	1,32 ^{ns}	1,14*	7,33 ^{ns}
(ExS) / C2	9	0,61 ^{ns}	0,62 ^{ns}	3,01**	8,38*	0,67 ^{ns}	10,78 ^{ns}
(ExS) / C3	9	0,31 ^{ns}	2,07 ^{ns}	0,68 ^{ns}	2,10 ^{ns}	1,54**	5,77 ^{ns}
(ExS) / C4	9	1,15 ^{ns}	0,90 ^{ns}	0,78 ^{ns}	3,41 ^{ns}	0,32 ^{ns}	6,01 ^{ns}
(ExS) / C5	9	0,32 ^{ns}	0,92 ^{ns}	0,79 ^{ns}	1,04 ^{ns}	0,14 ^{ns}	3,84 ^{ns}
(E x S x R)/C = Res (e)	54	0,67	1,39	1,07	3,78	0,56	8,09
CV (%) Res (a)		20,65	11,08	9,64	7,92	5,47	9,77
Média geral		6,11	0,92	14,45	4,37	13,38	33,62

^{ns}, * e ** não significativo, significativo a 5% e 1% de probabilidade pelo teste *F*, respectivamente; PG (produção de grãos, em t ha⁻¹), PROL (prolificidade, em esp pl⁻¹), CE (comprimento de espiga, em cm esp⁻¹), DE (diâmetro de espiga, em cm esp⁻¹), NFE (número de fileiras por espiga), NGF (número de grãos por fileira); ^a Quadrados médios multiplicados por 10².

ANEXO M – Quadrados médios e respectivas significâncias, médias gerais e coeficientes de variação da análise de variância conjunta para as subpopulações não autofecundadas obtidas da população original BR-105, nos cinco ciclos de deriva, para produção de grãos e seus componentes, avaliados nos quatro ambientes

Fonte de Variação	GL	Quadrados médios					
		PG	PROL ^a	CE	DE ^a	NFE	NGF
Rep/Amb (R/A)	4	11,77*	1,13 ^{ns}	0,60 ^{ns}	30,41**	0,74 ^{ns}	11,06 ^{ns}
Ambiente (A)	3	153,26**	157,45**	65,49**	7,07 ^{ns}	2,45*	164,80**
Ciclos (C)	5	19,60**	14,63**	14,51*	0,45 ^{ns}	1,13 ^{ns}	93,89**
C x A	15	6,78 ^{ns}	3,23 ^{ns}	7,41 ^{ns}	2,58 ^{ns}	1,08 ^{ns}	48,12 ^{ns}
(R x C) / A = Res (a)	20	3,45	2,04	4,35	2,85	0,76	22,50
Subpopulações/C (S / C)	54	3,90**	2,97**	3,32**	14,99**	3,69**	20,73**
S / C0	9	0,90 ^{ns}	1,91 ^{ns}	1,06 ^{ns}	4,17 ^{ns}	0,52 ^{ns}	9,06 ^{ns}
S / C1	9	1,53 ^{ns}	2,94*	1,28 ^{ns}	5,05 ^{ns}	3,05**	6,38 ^{ns}
S / C2	9	1,41 ^{ns}	2,14 ^{ns}	2,05 ^{ns}	11,56**	3,82**	7,90 ^{ns}
S / C3	9	1,49 ^{ns}	1,88 ^{ns}	2,44*	19,91**	4,32**	12,58*
S / C4	9	9,89**	3,22**	6,19**	22,33**	5,73**	52,45**
S / C5	9	8,18**	5,71**	6,88**	26,93**	4,68**	36,01**
(S x A) / C	162	1,64**	1,73*	1,23 ^{ns}	5,20**	1,37**	8,49**
SxA / C0	27	1,21 ^{ns}	1,43 ^{ns}	0,78 ^{ns}	4,30 ^{ns}	0,70 ^{ns}	5,57 ^{ns}
SxA / C1	27	1,05 ^{ns}	1,05 ^{ns}	1,16 ^{ns}	2,78 ^{ns}	0,69 ^{ns}	8,74 ^{ns}
SxA / C2	27	2,51**	1,94 ^{ns}	1,05 ^{ns}	3,53 ^{ns}	1,02 ^{ns}	7,84 ^{ns}
SxA / C3	27	1,28 ^{ns}	1,75 ^{ns}	0,58 ^{ns}	4,93 ^{ns}	1,47**	6,18 ^{ns}
SxA / C4	27	1,46 ^{ns}	2,46**	2,10**	5,79*	2,07**	12,38**
SxA / C5	27	2,31**	1,75 ^{ns}	1,68 ^{ns}	9,87**	2,27**	10,24*
(R x S) / C/A = Res (b)	216	1,16	1,26	1,10	3,65	0,74	6,03
CV (%) Res (a)		28,55	15,29	13,24	3,78	6,17	13,94
Média geral		6,52	0,94	15,76	4,46	14,17	34,04

^{ns}, * e ** não significativo, significativo a 5% e 1% de probabilidade pelo teste *F*, respectivamente; PG (produção de grãos, em t ha⁻¹), PROL (prolifidade, em esp pl⁻¹), CE (comprimento de espiga, em cm esp⁻¹), DE (diâmetro de espiga, em cm esp⁻¹), NFE (número de fileiras por espiga), NGF (número de grãos por fileira); ^a Quadrados médios multiplicados por 10².

ANEXO N – Quadrados médios e respectivas significâncias, médias gerais e coeficientes de variação da análise de variância conjunta para as subpopulações não autofecundadas obtidas da população original BR-106, nos cinco ciclos de deriva, para produção de grãos e seus componentes, avaliados nos quatro ambientes

Fonte de Variação	GL	Quadrados médios					
		PG	PROL ^a	CE	DE ^a	NFE	NGF
Rep/Amb (R/A)	4	14,49**	17,03**	4,38**	20,32**	1,28 ^{ns}	29,19**
Ambiente (A)	3	62,02**	31,00**	17,53**	71,04**	4,81**	27,64*
Ciclos (C)	5	47,70**	0,77 ^{ns}	21,87**	88,40**	1,91*	165,49**
C x A	15	3,38 ^{ns}	1,82 ^{ns}	1,03 ^{ns}	4,84 ^{ns}	0,32 ^{ns}	10,56 ^{ns}
(R x C) / A = Res (a)	20	1,77	1,45	0,93	3,92	0,67	5,81
Subpopulações/C (S / C)	54	5,63**	2,97**	4,37**	9,92**	2,04**	30,41**
S / C0	9	3,98**	1,15 ^{ns}	1,22 ^{ns}	2,38 ^{ns}	0,27 ^{ns}	7,15 ^{ns}
S / C1	9	3,77**	2,42*	1,87 ^{ns}	7,36*	2,16**	15,66*
S / C2	9	3,72**	1,89 ^{ns}	8,42**	6,02*	2,21**	44,52**
S / C3	9	2,94*	3,00*	5,74**	6,77*	4,12**	34,95**
S / C4	9	5,59**	1,99 ^{ns}	4,76**	20,62**	1,71**	34,11**
S / C5	9	13,81**	7,39**	4,21**	16,36**	1,76**	46,05**
(S x A) / C	162	1,47 ^{ns}	1,08 ^{ns}	0,82 ^{ns}	3,51 ^{ns}	0,71**	5,66 ^{ns}
SxA / C0	27	1,31 ^{ns}	0,85 ^{ns}	0,56 ^{ns}	3,96 ^{ns}	0,38 ^{ns}	4,86 ^{ns}
SxA / C1	27	1,05 ^{ns}	0,62 ^{ns}	0,91 ^{ns}	4,55 ^{ns}	0,93**	6,17 ^{ns}
SxA / C2	27	2,14*	0,90 ^{ns}	1,39 ^{ns}	3,45 ^{ns}	0,63 ^{ns}	7,86 ^{ns}
SxA / C3	27	0,95 ^{ns}	0,93 ^{ns}	0,70 ^{ns}	1,98 ^{ns}	0,53 ^{ns}	5,30 ^{ns}
SxA / C4	27	1,76 ^{ns}	1,82 ^{ns}	0,91 ^{ns}	3,13 ^{ns}	1,04**	5,38 ^{ns}
SxA / C5	27	1,62 ^{ns}	1,35 ^{ns}	0,47 ^{ns}	3,97 ^{ns}	0,77*	4,38 ^{ns}
(R x S) / C/A = Res (b)	216	1,23	1,21	1,03	3,08	0,49	6,64
CV (%) Res (a)		18,10	12,81	6,36	4,27	6,05	6,76
Média geral		7,35	0,94	15,20	4,63	13,53	35,68

^{ns}, * e ** não significativo, significativo a 5% e 1% de probabilidade pelo teste *F*, respectivamente; PG (produção de grãos, em t ha⁻¹), PROL (prolificidade, em esp pl⁻¹), CE (comprimento de espiga, em cm esp⁻¹), DE (diâmetro de espiga, em cm esp⁻¹), NFE (número de fileiras por espiga), NGF (número de grãos por fileira); ^a Quadrados médios multiplicados por 10².

ANEXO O – Quadrados médios e respectivas significâncias, médias gerais e coeficientes de variação da análise de variância conjunta para as subpopulações autofecundadas ($\otimes$) obtidas da população original BR-105, nos cinco ciclos de deriva, para produção de grãos e seus componentes, avaliados nos quatro ambientes

Fonte de Variação	GL	Quadrados médios					
		PG	PROL ^a	CE	DE ^a	NFE	NGF
Rep/Amb (R/A)	4	6,97**	9,21**	7,99*	24,20**	0,53 ^{ns}	39,99*
Ambiente (A)	3	125,09**	144,98**	31,96**	26,42**	4,78*	162,57**
Ciclos (C)	5	2,81*	3,10 ^{ns}	6,49*	24,97**	4,78**	48,74*
C x A	15	2,27**	2,79 ^{ns}	1,97 ^{ns}	9,84 ^{ns}	1,20 ^{ns}	8,77 ^{ns}
(R x C) / A = Res (a)	20	0,71	1,91	1,86	4,67	0,99	12,02
Subpopulações/C (S / C)	54	1,89**	2,76*	3,50**	15,85**	3,84**	20,16**
S / C0	9	0,54 ^{ns}	2,25 ^{ns}	0,69 ^{ns}	4,73 ^{ns}	1,12 ^{ns}	7,23 ^{ns}
S / C1	9	0,74 ^{ns}	0,73 ^{ns}	2,71**	6,88 ^{ns}	1,19 ^{ns}	11,31 ^{ns}
S / C2	9	3,03**	4,32*	3,11**	17,86**	2,47**	15,40*
S / C3	9	1,84**	3,57*	2,19*	21,23**	8,94**	15,00*
S / C4	9	3,16**	1,47 ^{ns}	10,41**	33,45**	6,85**	65,98**
S / C5	9	2,00**	4,24*	1,86 ^{ns}	10,96*	2,45**	6,05 ^{ns}
(S x A) / C	162	0,84 ^{ns}	1,65 ^{ns}	1,19 ^{ns}	5,70 ^{ns}	1,38**	8,55*
SxA / C0	27	0,43 ^{ns}	1,45 ^{ns}	0,83 ^{ns}	6,67 ^{ns}	1,03 ^{ns}	8,42 ^{ns}
SxA / C1	27	1,09*	1,59 ^{ns}	1,23 ^{ns}	5,39 ^{ns}	0,92 ^{ns}	8,12 ^{ns}
SxA / C2	27	0,56 ^{ns}	0,80 ^{ns}	0,97 ^{ns}	6,09 ^{ns}	1,83**	7,61 ^{ns}
SxA / C3	27	0,78 ^{ns}	2,22 ^{ns}	0,70 ^{ns}	5,61 ^{ns}	1,57*	6,13 ^{ns}
SxA / C4	27	1,54**	2,20 ^{ns}	1,64 ^{ns}	6,65 ^{ns}	1,37 ^{ns}	12,86**
SxA / C5	27	0,62 ^{ns}	1,66 ^{ns}	1,76*	3,81 ^{ns}	1,59*	8,18 ^{ns}
(R x S) / C/A = Res (b)	216	0,68	1,78	1,08	4,68	0,94	6,60
CV (%)		20,52	16,09	9,46	5,20	7,24	11,52
Média geral		4,10	0,86	14,43	4,16	13,74	30,10

^{ns}, * e ** não significativo, significativo a 5% e 1% de probabilidade pelo teste *F*, respectivamente; PG (produção de grãos, em t ha⁻¹), PROL (prolificidade, em esp pl⁻¹), CE (comprimento de espiga, em cm esp⁻¹), DE (diâmetro de espiga, em cm esp⁻¹), NFE (número de fileiras por espiga), NGF (número de grãos por fileira); ^a Quadrados médios multiplicados por 10².

ANEXO P – Quadrados médios e respectivas significâncias, médias gerais e coeficientes de variação da análise de variância conjunta para as subpopulações autofecundadas ($\otimes$) obtidas da população original BR-106, nos cinco ciclos de deriva, para produção de grãos e seus componentes, avaliados nos quatro ambientes

Fonte de Variação	GL	Quadrados médios					
		PG	PROL ^a	CE	DE ^a	NFE	NGF
Rep/Amb (R/A)	4	11,93**	10,87**	7,80**	30,24**	1,13 ^{ns}	37,21*
Ambiente (A)	3	52,29**	97,31**	15,14**	43,32**	5,55**	105,07**
Ciclos (C)	5	7,64**	4,43 ^{ns}	14,02**	57,06**	1,04 ^{ns}	139,10**
C x A	15	0,92 ^{ns}	1,29 ^{ns}	0,88 ^{ns}	5,55 ^{ns}	0,47 ^{ns}	9,93 ^{ns}
(R x C) / A = Res (a)	20	1,44	1,64	0,73	4,51	0,58	9,42
Subpopulações/C (S / C)	54	2,82**	3,47**	3,08**	14,33**	1,91**	32,92**
S / C0	9	1,38*	2,12 ^{ns}	0,82 ^{ns}	4,03 ^{ns}	0,52 ^{ns}	12,34*
S / C1	9	3,36**	8,11**	1,35 ^{ns}	13,35**	2,37**	14,83*
S / C2	9	2,38**	1,76 ^{ns}	6,03**	6,93 ^{ns}	2,89**	38,88**
S / C3	9	0,90 ^{ns}	2,91*	1,06 ^{ns}	9,60**	1,96**	17,80**
S / C4	9	4,49**	2,28 ^{ns}	5,07**	35,79**	1,49*	53,37**
S / C5	9	4,41**	3,64*	4,16**	16,30**	2,22**	60,28**
(S x A) / C	162	0,84 ^{ns}	1,66 ^{ns}	0,94 ^{ns}	3,23 ^{ns}	0,62 ^{ns}	7,90 ^{ns}
SxA / C0	27	0,81 ^{ns}	1,19 ^{ns}	0,61 ^{ns}	2,76 ^{ns}	0,85 ^{ns}	5,17 ^{ns}
SxA / C1	27	0,37 ^{ns}	1,24 ^{ns}	0,77 ^{ns}	2,94 ^{ns}	0,57 ^{ns}	5,59 ^{ns}
SxA / C2	27	1,22**	1,98 ^{ns}	1,47 ^{ns}	2,36 ^{ns}	0,44 ^{ns}	9,05 ^{ns}
SxA / C3	27	1,04*	2,14 ^{ns}	0,97 ^{ns}	3,37 ^{ns}	0,62 ^{ns}	8,60 ^{ns}
SxA / C4	27	0,77 ^{ns}	1,96 ^{ns}	0,66 ^{ns}	3,60 ^{ns}	0,38 ^{ns}	8,24 ^{ns}
SxA / C5	27	0,83 ^{ns}	1,44 ^{ns}	1,17 ^{ns}	4,35 ^{ns}	0,87 ^{ns}	10,72*
(R x S) / C/A = Res (b)	216	0,67	1,46	0,99	3,79	0,65	6,27
CV (%)		26,45	15,04	6,19	4,97	5,72	9,80
Média geral		4,53	0,85	13,83	4,27	13,29	31,31

^{ns}, * e ** não significativo, significativo a 5% e 1% de probabilidade pelo teste *F*, respectivamente; PG (produção de grãos, em t ha⁻¹), PROL (prolificidade, em esp pl⁻¹), CE (comprimento de espiga, em cm esp⁻¹), DE (diâmetro de espiga, em cm esp⁻¹), NFE (número de fileiras por espiga), NGF (número de grãos por fileira); ^a Quadrados médios multiplicados por 10².

ANEXO Q – Quadrados médios e coeficientes de determinação (R^2) das análises de variância de regressão para as subpopulações não autofecundadas 1 a 10 e média, obtidas da população original BR-105, para produção de grãos e seus componentes

(continua)

Fonte de Variação	GL	Subpopulação 1					
		PG	PROL ^a	CE	DE ^b	NFE	NGF
Regressão linear	1	1,40**	0,37 ^{ns}	0,37 ^{ns}	2,34*	0,70**	1,42 ^{ns}
Desvios de regressão	4	0,21 ^{ns}	0,10 ^{ns}	0,19 ^{ns}	0,80 ^{ns}	0,58**	0,82 ^{ns}
Resíduo ^c	216	0,15	0,16	0,14	0,46	0,09	0,75
R^2	---	0,62	0,49	0,33	0,42	0,23	0,30
Fonte de Variação	GL	Subpopulação 2					
		PG	PROL ^a	CE	DE ^b	NFE	NGF
Regressão linear	1	5,96**	3,62**	4,58**	0,46 ^{ns}	0,14 ^{ns}	27,97**
Desvios de regressão	4	0,16 ^{ns}	0,12 ^{ns}	0,08 ^{ns}	0,82 ^{ns}	0,20 ^{ns}	0,57 ^{ns}
Resíduo ^c	216	0,15	0,16	0,14	0,46	0,09	0,75
R^2	---	0,90	0,88	0,93	0,12	0,15	0,92
Fonte de Variação	GL	Subpopulação 3					
		PG	PROL ^a	CE	DE ^b	NFE	NGF
Regressão linear	1	0,35 ^{ns}	0,09 ^{ns}	2,18**	4,06**	4,07**	8,01**
Desvios de regressão	4	0,33 ^{ns}	0,33 ^{ns}	0,35*	0,33 ^{ns}	0,12 ^{ns}	1,43 ^{ns}
Resíduo ^c	216	0,15	0,16	0,14	0,46	0,09	0,75
R^2	---	0,21	0,06	0,61	0,75	0,90	0,58
Fonte de Variação	GL	Subpopulação 4					
		PG	PROL ^a	CE	DE ^b	NFE	NGF
Regressão linear	1	0,16 ^{ns}	0,05 ^{ns}	0,05 ^{ns}	0,67 ^{ns}	0,45*	1,44 ^{ns}
Desvios de regressão	4	0,19 ^{ns}	0,02 ^{ns}	0,16 ^{ns}	0,40 ^{ns}	0,19 ^{ns}	0,39 ^{ns}
Resíduo ^c	216	0,15	0,16	0,14	0,46	0,09	0,75
R^2	---	0,18	0,43	0,07	0,29	0,37	0,48
Fonte de Variação	GL	Subpopulação 5					
		PG	PROL ^a	CE	DE ^b	NFE	NGF
Regressão linear	1	4,08**	0,96*	1,35**	11,91**	1,15**	20,60**
Desvios de regressão	4	0,33 ^{ns}	0,14 ^{ns}	0,09 ^{ns}	1,33*	0,20 ^{ns}	2,94**
Resíduo ^c	216	0,15	0,16	0,14	0,46	0,09	0,75
R^2	---	0,75	0,64	0,79	0,69	0,59	0,64
Fonte de Variação	GL	Subpopulação 6					
		PG	PROL ^a	CE	DE ^b	NFE	NGF
Regressão linear	1	0,02 ^{ns}	0,03 ^{ns}	0,11 ^{ns}	1,72 ^{ns}	0,35 ^{ns}	0,22 ^{ns}
Desvios de regressão	4	0,46*	0,06 ^{ns}	0,09 ^{ns}	1,44*	0,47**	0,40 ^{ns}
Resíduo ^c	216	0,15	0,16	0,14	0,46	0,09	0,75
R^2	---	0,01	0,10	0,23	0,23	0,16	0,12

ANEXO Q – Quadrados médios e coeficientes de determinação (R^2) das análises de variância de regressão para as subpopulações não autofecundadas 1 a 10 e média, obtidas da população original BR-105, para produção de grãos e seus componentes

(conclusão)

Fonte de Variação	GL	Subpopulação 7					
		PG	PROL ^a	CE	DE ^b	NFE	NGF
Regressão linear	1	4,14**	4,29**	5,90**	11,69**	2,14**	50,79**
Desvios de regressão	4	0,18 ^{ns}	0,13 ^{ns}	0,34*	1,36*	0,38**	4,43**
Resíduo ^c	216	0,15	0,16	0,14	0,46	0,09	0,75
R^2	---	0,85	0,89	0,81	0,68	0,58	0,74
Fonte de Variação	GL	Subpopulação 8					
		PG	PROL ^a	CE	DE ^b	NFE	NGF
Regressão linear	1	1,16**	1,40**	2,58**	1,96*	0,29 ^{ns}	4,03*
Desvios de regressão	4	0,21 ^{ns}	0,23 ^{ns}	0,08 ^{ns}	0,45 ^{ns}	0,23*	0,88 ^{ns}
Resíduo ^c	216	0,15	0,16	0,14	0,46	0,09	0,75
R^2	---	0,58	0,61	0,88	0,52	0,24	0,53
Fonte de Variação	GL	Subpopulação 9					
		PG	PROL ^a	CE	DE ^b	NFE	NGF
Regressão linear	1	0,08 ^{ns}	0,52 ^{ns}	0,09 ^{ns}	4,63**	0,13 ^{ns}	0,26 ^{ns}
Desvios de regressão	4	0,76**	0,50*	0,29 ^{ns}	0,58 ^{ns}	0,33**	1,45 ^{ns}
Resíduo ^c	216	0,15	0,16	0,14	0,46	0,09	0,75
R^2	---	0,03	0,21	0,07	0,67	0,09	0,04
Fonte de Variação	GL	Subpopulação 10					
		PG	PROL ^a	CE	DE ^b	NFE	NGF
Regressão linear	1	0,54 ^{ns}	0,19 ^{ns}	0,03 ^{ns}	0,11 ^{ns}	0,24 ^{ns}	2,20 ^{ns}
Desvios de regressão	4	1,33**	0,41*	0,40*	2,35**	0,46**	5,69**
Resíduo ^c	216	0,15	0,16	0,14	0,46	0,09	0,75
R^2	---	0,09	0,11	0,02	0,01	0,11	0,09
Fonte de Variação	GL	Média das 10 subpopulações					
		PG	PROL ^a	CE	DE ^b	NFE	NGF
Regressão linear	1	1,01**	0,72*	0,90*	0,18 ^{ns}	0,05 ^{ns}	6,56**
Desvios de regressão	4	0,01 ^{ns}	0,02 ^{ns}	0,03 ^{ns}	0,03 ^{ns}	0,04 ^{ns}	0,26 ^{ns}
Resíduo ^c	216	0,15	0,16	0,14	0,46	0,09	0,75
R^2	---	0,98	0,91	0,89	0,63	0,21	0,86

^{ns}, * e ** não significativo, significativo a 5% e 1% de probabilidade pelo teste *F*, respectivamente; ^{a, b} Quadrados médios multiplicados por 10²; ^c Quadrado médio do resíduo dividido por 8; PG (produção de grãos, em t ha⁻¹), PROL (prolificidade, em esp pl⁻¹), CE (comprimento de espiga, em cm esp⁻¹), DE (diâmetro de espiga, em cm esp⁻¹), NFE (número de fileiras por espiga), NGF (número de grãos por fileira).

ANEXO R – Quadrados médios e coeficientes de determinação (R^2) das análises de variância de regressão para as subpopulações não autofecundadas 1 a 10 e média, obtidas da população original BR-106, para produção de grãos e seus componentes

(continua)

Fonte de Variação	GL	Subpopulação 1					
		PG	PROL ^a	CE	DE ^b	NFE	NGF
Regressão linear	1	0,90*	0,17 ^{ns}	0,37 ^{ns}	0,03 ^{ns}	0,07 ^{ns}	30,78**
Desvios de regressão	4	0,49*	0,21 ^{ns}	0,61**	0,69 ^{ns}	0,11 ^{ns}	0,93 ^{ns}
Resíduo ^c	216	0,15	0,15	0,13	0,39	0,06	0,83
R^2	---	0,32	0,17	0,13	0,01	0,14	0,89
Fonte de Variação	GL	Subpopulação 2					
		PG	PROL ^a	CE	DE ^b	NFE	NGF
Regressão linear	1	10,50**	2,08**	0,63*	7,39**	0,81**	12,18**
Desvios de regressão	4	0,21 ^{ns}	0,12 ^{ns}	0,52**	1,27*	0,16*	0,34 ^{ns}
Resíduo ^c	216	0,15	0,15	0,13	0,39	0,06	0,83
R^2	---	0,93	0,82	0,23	0,59	0,57	0,90
Fonte de Variação	GL	Subpopulação 3					
		PG	PROL ^a	CE	DE ^b	NFE	NGF
Regressão linear	1	4,08**	0,10 ^{ns}	0,96**	0,62 ^{ns}	0,01 ^{ns}	21,75**
Desvios de regressão	4	0,27 ^{ns}	0,16 ^{ns}	0,74**	1,04*	0,15 ^{ns}	1,16 ^{ns}
Resíduo ^c	216	0,15	0,15	0,13	0,39	0,06	0,83
R^2	---	0,79	0,13	0,25	0,13	0,01	0,82
Fonte de Variação	GL	Subpopulação 4					
		PG	PROL ^a	CE	DE ^b	NFE	NGF
Regressão linear	1	0,69*	0,79*	0,55*	7,54**	0,25*	2,96 ^{ns}
Desvios de regressão	4	0,50*	0,11 ^{ns}	0,40*	0,61 ^{ns}	0,30**	3,46**
Resíduo ^c	216	0,15	0,15	0,13	0,39	0,06	0,83
R^2	---	0,26	0,65	0,26	0,75	0,17	0,18
Fonte de Variação	GL	Subpopulação 5					
		PG	PROL ^a	CE	DE ^b	NFE	NGF
Regressão linear	1	1,14**	0,11 ^{ns}	0,39 ^{ns}	4,33**	0,23 ^{ns}	0,61 ^{ns}
Desvios de regressão	4	1,14**	0,19 ^{ns}	0,61**	0,91 ^{ns}	0,26**	2,97**
Resíduo ^c	216	0,15	0,15	0,13	0,39	0,06	0,83
R^2	---	0,20	0,13	0,14	0,54	0,18	0,05
Fonte de Variação	GL	Subpopulação 6					
		PG	PROL ^a	CE	DE ^b	NFE	NGF
Regressão linear	1	3,80**	0,02 ^{ns}	1,04*	10,74**	0,28*	21,06**
Desvios de regressão	4	0,59**	0,20 ^{ns}	3,60**	2,23**	0,14 ^{ns}	2,60*
Resíduo ^c	216	0,15	0,15	0,13	0,39	0,06	0,83
R^2	---	0,62	0,02	0,07	0,55	0,33	0,67

ANEXO R – Quadrados médios e coeficientes de determinação (R^2) das análises de variância de regressão para as subpopulações não autofecundadas 1 a 10 e média, obtidas da população original BR-106, para produção de grãos e seus componentes

(conclusão)

Fonte de Variação	GL	Subpopulação 7					
		PG	PROL ^a	CE	DE ^b	NFE	NGF
Regressão linear	1	0,11 ^{ns}	0,11 ^{ns}	0,30 ^{ns}	1,18 ^{ns}	0,10 ^{ns}	0,68 ^{ns}
Desvios de regressão	4	0,30 ^{ns}	0,07 ^{ns}	0,13 ^{ns}	0,46 ^{ns}	0,09 ^{ns}	2,65*
Resíduo ^c	216	0,15	0,15	0,13	0,39	0,06	0,83
R^2	---	0,08	0,30	0,36	0,39	0,21	0,06
Fonte de Variação	GL	Subpopulação 8					
		PG	PROL ^a	CE	DE ^b	NFE	NGF
Regressão linear	1	5,66**	1,09**	5,81**	6,87**	0,02 ^{ns}	25,43**
Desvios de regressão	4	0,50*	0,63**	0,26 ^{ns}	0,70 ^{ns}	0,30**	2,12*
Resíduo ^c	216	0,15	0,15	0,13	0,39	0,06	0,83
R^2	---	0,74	0,30	0,85	0,71	0,01	0,75
Fonte de Variação	GL	Subpopulação 9					
		PG	PROL ^a	CE	DE ^b	NFE	NGF
Regressão linear	1	1,46**	0,55 ^{ns}	2,05**	10,40**	0,40*	5,86**
Desvios de regressão	4	0,56**	0,11 ^{ns}	0,37*	0,37 ^{ns}	0,11 ^{ns}	2,11*
Resíduo ^c	216	0,15	0,15	0,13	0,39	0,06	0,83
R^2	---	0,40	0,55	0,58	0,88	0,48	0,41
Fonte de Variação	GL	Subpopulação 10					
		PG	PROL ^a	CE	DE ^b	NFE	NGF
Regressão linear	1	8,85**	0,00 ^{ns}	1,34**	14,27**	0,04 ^{ns}	7,23**
Desvios de regressão	4	0,17 ^{ns}	0,15 ^{ns}	0,12 ^{ns}	0,29 ^{ns}	0,22**	2,03*
Resíduo ^c	216	0,15	0,15	0,13	0,39	0,06	0,83
R^2	---	0,93	0,00	0,74	0,92	0,04	0,47
Fonte de Variação	GL	Média das 10 subpopulações					
		PG	PROL ^a	CE	DE ^b	NFE	NGF
Regressão linear	1	2,87**	0,01 ^{ns}	1,06**	5,07**	0,05 ^{ns}	10,08**
Desvios de regressão	4	0,03 ^{ns}	0,01 ^{ns}	0,01 ^{ns}	0,13 ^{ns}	0,02 ^{ns}	0,06 ^{ns}
Resíduo ^c	216	0,15	0,15	0,13	0,39	0,06	0,83
R^2	---	0,96	0,01	0,95	0,91	0,46	0,98

^{ns}, * e ** não significativo, significativo a 5% e 1% de probabilidade pelo teste F , respectivamente; ^{a, b} Quadrados médios multiplicados por 10²; ^c Quadrado médio do resíduo dividido por 8; PG (produção de grãos, em t ha⁻¹), PROL (prolificidade, em esp pl⁻¹), CE (comprimento de espiga, em cm esp⁻¹), DE (diâmetro de espiga, em cm esp⁻¹), NFE (número de fileiras por espiga), NGF (número de grãos por fileira).

ANEXO S – Quadrados médios e coeficientes de determinação (R^2) das análises de variância de regressão para as subpopulações autofecundadas (⊗) 1 a 10 e média, obtidas da população original BR-105, para produção de grãos e seus componentes

(continua)

Fonte de Variação	GL	Subpopulação 1					
		PG	PROL ^a	CE	DE ^b	NFE	NGF
Regressão linear	1	0,03 ^{ns}	0,11 ^{ns}	0,23 ^{ns}	0,00 ^{ns}	0,13 ^{ns}	5,38*
Desvios de regressão	4	0,28*	0,08 ^{ns}	0,13 ^{ns}	0,65 ^{ns}	0,38*	0,75 ^{ns}
Resíduo ^c	216	0,08	0,22	0,14	0,59	0,12	0,83
R^2	---	0,03	0,24	0,31	0,00	0,08	0,64
Fonte de Variação	GL	Subpopulação 2					
		PG	PROL ^a	CE	DE ^b	NFE	NGF
Regressão linear	1	0,19 ^{ns}	0,82 ^{ns}	1,53**	0,21 ^{ns}	0,14 ^{ns}	8,82**
Desvios de regressão	4	0,12 ^{ns}	0,05 ^{ns}	0,03 ^{ns}	0,43 ^{ns}	0,35*	0,57 ^{ns}
Resíduo ^c	216	0,08	0,22	0,14	0,59	0,12	0,83
R^2	---	0,28	0,81	0,93	0,11	0,09	0,80
Fonte de Variação	GL	Subpopulação 3					
		PG	PROL ^a	CE	DE ^b	NFE	NGF
Regressão linear	1	0,10 ^{ns}	0,20 ^{ns}	0,73*	1,86 ^{ns}	1,86**	0,57 ^{ns}
Desvios de regressão	4	0,13 ^{ns}	5,36 ^{ns}	0,28 ^{ns}	0,41 ^{ns}	0,06 ^{ns}	0,71 ^{ns}
Resíduo ^c	216	0,08	0,22	0,14	0,59	0,12	0,83
R^2	---	0,17	0,01	0,40	0,53	0,89	0,17
Fonte de Variação	GL	Subpopulação 4					
		PG	PROL ^a	CE	DE ^b	NFE	NGF
Regressão linear	1	0,01 ^{ns}	0,06 ^{ns}	0,09 ^{ns}	0,01 ^{ns}	0,23 ^{ns}	1,80 ^{ns}
Desvios de regressão	4	0,01 ^{ns}	0,44 ^{ns}	0,34*	2,99**	0,20 ^{ns}	0,75 ^{ns}
Resíduo ^c	216	0,08	0,22	0,14	0,59	0,12	0,83
R^2	---	0,01	0,03	0,06	0,00	0,22	0,37
Fonte de Variação	GL	Subpopulação 5					
		PG	PROL ^a	CE	DE ^b	NFE	NGF
Regressão linear	1	0,03 ^{ns}	0,41 ^{ns}	0,70*	1,30 ^{ns}	0,00 ^{ns}	3,75*
Desvios de regressão	4	0,12 ^{ns}	0,08 ^{ns}	0,11 ^{ns}	1,79*	0,57**	1,81 ^{ns}
Resíduo ^c	216	0,08	0,22	0,14	0,59	0,12	0,83
R^2	---	0,06	0,55	0,62	0,15	0,00	0,34
Fonte de Variação	GL	Subpopulação 6					
		PG	PROL ^a	CE	DE ^b	NFE	NGF
Regressão linear	1	0,36*	0,09 ^{ns}	0,46 ^{ns}	2,28*	0,21 ^{ns}	4,07*
Desvios de regressão	4	0,22*	0,12 ^{ns}	0,15 ^{ns}	1,03 ^{ns}	0,20 ^{ns}	1,11 ^{ns}
Resíduo ^c	216	0,08	0,22	0,14	0,59	0,12	0,83
R^2	---	0,29	0,15	0,44	0,36	0,20	0,48

ANEXO S – Quadrados médios e coeficientes de determinação (R^2) das análises de variância de regressão para as subpopulações autofecundadas (⊗) 1 a 10 e média, obtidas da população original BR-105, para produção de grãos e seus componentes

(conclusão)

Fonte de Variação	GL	Subpopulação 7					
		PG	PROL ^a	CE	DE ^b	NFE	NGF
Regressão linear	1	0,00 ^{ns}	1,55**	1,47**	17,23**	3,56**	16,18**
Desvios de regressão	4	0,17 ^{ns}	0,13 ^{ns}	0,99**	1,32 ^{ns}	0,65**	5,36**
Resíduo ^c	216	0,08	0,22	0,14	0,59	0,12	0,83
R^2	---	0,00	0,74	0,27	0,77	0,58	0,43
Fonte de Variação	GL	Subpopulação 8					
		PG	PROL ^a	CE	DE ^b	NFE	NGF
Regressão linear	1	0,04 ^{ns}	0,08 ^{ns}	1,48**	1,41 ^{ns}	0,63*	4,93*
Desvios de regressão	4	0,05 ^{ns}	0,28 ^{ns}	0,52**	0,96 ^{ns}	0,03 ^{ns}	3,40**
Resíduo ^c	216	0,08	0,22	0,14	0,59	0,12	0,83
R^2	---	0,18	0,06	0,42	0,27	0,83	0,27
Fonte de Variação	GL	Subpopulação 9					
		PG	PROL ^a	CE	DE ^b	NFE	NGF
Regressão linear	1	0,96**	0,03 ^{ns}	0,17 ^{ns}	2,19 ^{ns}	0,02 ^{ns}	0,46 ^{ns}
Desvios de regressão	4	0,36**	0,25 ^{ns}	0,61**	1,29 ^{ns}	0,09 ^{ns}	3,47**
Resíduo ^c	216	0,08	0,22	0,14	0,59	0,12	0,83
R^2	---	0,40	0,03	0,07	0,30	0,06	0,03
Fonte de Variação	GL	Subpopulação 10					
		PG	PROL ^a	CE	DE ^b	NFE	NGF
Regressão linear	1	1,12**	0,34 ^{ns}	1,36**	4,15**	0,01 ^{ns}	3,26*
Desvios de regressão	4	0,05 ^{ns}	0,76**	0,63**	0,98 ^{ns}	0,15 ^{ns}	2,42*
Resíduo ^c	216	0,08	0,22	0,14	0,59	0,12	0,83
R^2	---	0,84	0,10	0,35	0,51	0,00	0,25
Fonte de Variação	GL	Média das 10 subpopulações					
		PG	PROL ^a	CE	DE ^b	NFE	NGF
Regressão linear	1	0,06 ^{ns}	0,06 ^{ns}	0,27 ^{ns}	1,20 ^{ns}	0,24 ^{ns}	2,28 ^{ns}
Desvios de regressão	4	0,01 ^{ns}	0,03 ^{ns}	0,03 ^{ns}	0,09 ^{ns}	0,02 ^{ns}	0,19 ^{ns}
Resíduo ^c	216	0,08	0,22	0,14	0,59	0,12	0,83
R^2	---	0,51	0,33	0,68	0,77	0,79	0,75

^{ns}, * e ** não significativo, significativo a 5% e 1% de probabilidade pelo teste *F*, respectivamente; ^a, ^b Quadrados médios multiplicados por 10²; ^c Quadrado médio do resíduo dividido por 8; PG (produção de grãos, em t ha⁻¹), PROL (prolificidade, em esp pl⁻¹), CE (comprimento de espiga, em cm esp⁻¹), DE (diâmetro de espiga, em cm esp⁻¹), NFE (número de fileiras por espiga), NGF (número de grãos por fileira).

ANEXO T – Quadrados médios e coeficientes de determinação (R^2) das análises de variância de regressão para as subpopulações autofecundadas (⊗) 1 a 10 e média, obtidas da população original BR-106, para produção de grãos e seus componentes

(continua)

Fonte de Variação	GL	Subpopulação 1					
		PG	PROL ^a	CE	DE ^b	NFE	NGF
Regressão linear	1	0,00 ^{ns}	0,10 ^{ns}	0,66*	0,01 ^{ns}	0,04 ^{ns}	26,46**
Desvios de regressão	4	0,41**	0,18 ^{ns}	0,43**	0,28 ^{ns}	0,10 ^{ns}	2,42*
Resíduo ^c	216	0,08	0,18	0,12	0,47	0,08	0,78
R^2	---	0,00	0,12	0,28	0,01	0,08	0,73
Fonte de Variação	GL	Subpopulação 2					
		PG	PROL ^a	CE	DE ^b	NFE	NGF
Regressão linear	1	1,28**	0,83*	0,43 ^{ns}	0,56 ^{ns}	0,02 ^{ns}	13,41**
Desvios de regressão	4	0,02 ^{ns}	0,16 ^{ns}	0,16 ^{ns}	0,73 ^{ns}	0,23*	0,85 ^{ns}
Resíduo ^c	216	0,08	0,18	0,12	0,47	0,08	0,78
R^2	---	0,93	0,56	0,41	0,16	0,02	0,80
Fonte de Variação	GL	Subpopulação 3					
		PG	PROL ^a	CE	DE ^b	NFE	NGF
Regressão linear	1	0,03 ^{ns}	0,31 ^{ns}	0,00 ^{ns}	0,82 ^{ns}	0,00 ^{ns}	5,36**
Desvios de regressão	4	0,49**	0,69**	0,37*	1,13 ^{ns}	0,30**	9,03**
Resíduo ^c	216	0,08	0,18	0,12	0,47	0,08	0,78
R^2	---	0,01	0,10	0,00	0,15	0,00	0,13
Fonte de Variação	GL	Subpopulação 4					
		PG	PROL ^a	CE	DE ^b	NFE	NGF
Regressão linear	1	0,01 ^{ns}	0,51 ^{ns}	0,14 ^{ns}	5,75**	0,05 ^{ns}	0,59 ^{ns}
Desvios de regressão	4	0,11 ^{ns}	0,15 ^{ns}	0,49**	0,62 ^{ns}	0,02 ^{ns}	2,69**
Resíduo ^c	216	0,08	0,18	0,12	0,47	0,08	0,78
R^2	---	0,00	0,46	0,07	0,70	0,41	0,05
Fonte de Variação	GL	Subpopulação 5					
		PG	PROL ^a	CE	DE ^b	NFE	NGF
Regressão linear	1	0,02 ^{ns}	0,95*	0,12 ^{ns}	5,30**	0,39*	6,64**
Desvios de regressão	4	0,21*	0,07 ^{ns}	0,93**	0,98 ^{ns}	0,09 ^{ns}	7,67**
Resíduo ^c	216	0,08	0,18	0,12	0,47	0,08	0,78
R^2	---	0,03	0,78	0,03	0,58	0,52	0,18
Fonte de Variação	GL	Subpopulação 6					
		PG	PROL ^a	CE	DE ^b	NFE	NGF
Regressão linear	1	0,04 ^{ns}	0,20 ^{ns}	0,44 ^{ns}	1,87*	0,01 ^{ns}	4,34*
Desvios de regressão	4	0,14 ^{ns}	0,82**	0,52**	3,00**	0,33**	1,42*
Resíduo ^c	216	0,08	0,18	0,12	0,47	0,08	0,78
R^2	---	0,07	0,06	0,17	0,13	0,01	0,43

ANEXO T – Quadrados médios e coeficientes de determinação (R^2) das análises de variância de regressão para as subpopulações autofecundadas (⊗) 1 a 10 e média, obtidas da população original BR-106, para produção de grãos e seus componentes

(conclusão)

Fonte de Variação	GL	Subpopulação 7					
		PG	PROL ^a	CE	DE ^b	NFE	NGF
Regressão linear	1	0,00 ^{ns}	0,21 ^{ns}	0,89**	0,77 ^{ns}	0,11 ^{ns}	2,73 ^{ns}
Desvios de regressão	4	0,39**	0,40 ^{ns}	0,10 ^{ns}	1,58*	0,07 ^{ns}	3,37**
Resíduo ^c	216	0,08	0,18	0,12	0,47	0,08	0,78
R^2	---	0,00	0,12	0,69	0,11	0,28	0,17
Fonte de Variação	GL	Subpopulação 8					
		PG	PROL ^a	CE	DE ^b	NFE	NGF
Regressão linear	1	2,13**	0,16 ^{ns}	3,22**	7,53**	0,09 ^{ns}	15,68**
Desvios de regressão	4	0,18 ^{ns}	0,27 ^{ns}	0,03 ^{ns}	0,28 ^{ns}	0,16 ^{ns}	0,58 ^{ns}
Resíduo ^c	216	0,08	0,18	0,12	0,47	0,08	0,78
R^2	---	0,74	0,13	0,97	0,87	0,11	0,87
Fonte de Variação	GL	Subpopulação 9					
		PG	PROL ^a	CE	DE ^b	NFE	NGF
Regressão linear	1	0,43*	0,46 ^{ns}	1,67**	6,88**	0,58**	6,84**
Desvios de regressão	4	0,42**	0,35 ^{ns}	0,12 ^{ns}	0,96 ^{ns}	0,15 ^{ns}	1,30 ^{ns}
Resíduo ^c	216	0,08	0,18	0,12	0,47	0,08	0,78
R^2	---	0,20	0,25	0,77	0,64	0,50	0,57
Fonte de Variação	GL	Subpopulação 10					
		PG	PROL ^a	CE	DE ^b	NFE	NGF
Regressão linear	1	2,77**	0,16 ^{ns}	2,19**	14,41**	0,07 ^{ns}	19,81**
Desvios de regressão	4	0,50**	0,30 ^{ns}	0,10 ^{ns}	3,06**	0,33**	4,83**
Resíduo ^c	216	0,08	0,18	0,12	0,47	0,08	0,78
R^2	---	0,58	0,12	0,85	0,54	0,05	0,51
Fonte de Variação	GL	Média das 10 subpopulações					
		PG	PROL ^a	CE	DE ^b	NFE	NGF
Regressão linear	1	0,26 ^{ns}	0,02 ^{ns}	0,58*	2,57*	0,01 ^{ns}	5,79**
Desvios de regressão	4	0,05 ^{ns}	0,06 ^{ns}	0,07 ^{ns}	0,25 ^{ns}	0,01 ^{ns}	0,72 ^{ns}
Resíduo ^c	216	0,08	0,18	0,12	0,47	0,08	0,78
R^2	---	0,55	0,09	0,66	0,72	0,22	0,67

^{ns}, * e ** não significativo, significativo a 5% e 1% de probabilidade pelo teste *F*, respectivamente; ^{a, b} Quadrados médios multiplicados por 10²; ^c Quadrado médio do resíduo dividido por 8; PG (produção de grãos, em t ha⁻¹), PROL (prolificidade, em esp pl⁻¹), CE (comprimento de espiga, em cm esp⁻¹), DE (diâmetro de espiga, em cm esp⁻¹), NFE (número de fileiras por espiga), NGF (número de grãos por fileira).

ANEXO U – Quadrados médios e coeficientes de determinação (R^2) das análises de variância de regressão feitas em conjunto para as subpopulações 1 a 10 e média, nos dois níveis de endogamia, obtidas da população original BR-105, para produção de grãos e seus componentes

(continua)

Fonte de Variação	GL	Subpopulação 1					
		PG	PROL ^a	CE	DE ^b	NFE	NGF
Regressão linear	1	16,34**	1,79**	4,24**	29,89**	0,88*	43,29**
Desvios de regressão	10	0,34*	0,08 ^{ns}	0,13 ^{ns}	0,94 ^{ns}	0,41**	1,03 ^{ns}
Resíduo ^c	216	0,15	0,23	0,17	0,66	0,14	0,92
R^2	---	0,83	0,70	0,77	0,76	0,18	0,81
Fonte de Variação	GL	Subpopulação 2					
		PG	PROL ^a	CE	DE ^b	NFE	NGF
Regressão linear	1	20,81**	4,70**	12,16**	26,19**	0,67*	81,14**
Desvios de regressão	10	0,19 ^{ns}	0,22 ^{ns}	0,13 ^{ns}	1,15 ^{ns}	0,25 ^{ns}	0,82 ^{ns}
Resíduo ^c	216	0,15	0,23	0,17	0,66	0,14	0,92
R^2	---	0,92	0,68	0,90	0,69	0,21	0,91
Fonte de Variação	GL	Subpopulação 3					
		PG	PROL ^a	CE	DE ^b	NFE	NGF
Regressão linear	1	9,95**	0,75 ^{ns}	5,66**	8,85**	0,04 ^{ns}	40,27**
Desvios de regressão	10	0,40**	0,35 ^{ns}	0,29 ^{ns}	2,32**	0,79**	0,91 ^{ns}
Resíduo ^c	216	0,15	0,23	0,17	0,66	0,14	0,92
R^2	---	0,71	0,18	0,66	0,28	0,00	0,82
Fonte de Variação	GL	Subpopulação 4					
		PG	PROL ^a	CE	DE ^b	NFE	NGF
Regressão linear	1	18,81**	3,55**	5,84**	20,39**	0,05 ^{ns}	67,27**
Desvios de regressão	10	0,48**	0,23 ^{ns}	0,29 ^{ns}	1,71**	0,27*	1,20 ^{ns}
Resíduo ^c	216	0,15	0,23	0,17	0,66	0,14	0,92
R^2	---	0,80	0,61	0,67	0,54	0,02	0,85
Fonte de Variação	GL	Subpopulação 5					
		PG	PROL ^a	CE	DE ^b	NFE	NGF
Regressão linear	1	24,05**	4,77**	7,81**	46,57**	2,32**	70,44**
Desvios de regressão	10	0,28*	0,09 ^{ns}	0,10 ^{ns}	1,34*	0,34**	2,06*
Resíduo ^c	216	0,15	0,23	0,17	0,66	0,14	0,92
R^2	---	0,89	0,84	0,89	0,78	0,41	0,77
Fonte de Variação	GL	Subpopulação 6					
		PG	PROL ^a	CE	DE ^b	NFE	NGF
Regressão linear	1	15,00**	1,59**	10,09**	16,68**	0,07 ^{ns}	75,48**
Desvios de regressão	10	0,95**	0,13 ^{ns}	0,25 ^{ns}	2,89**	0,37**	1,94*
Resíduo ^c	216	0,15	0,23	0,17	0,66	0,14	0,92
R^2	---	0,61	0,55	0,80	0,37	0,02	0,80

ANEXO U – Quadrados médios e coeficientes de determinação (R^2) das análises de variância de regressão feitas em conjunto para as subpopulações 1 a 10 e média, nos dois níveis de endogamia, obtidas da população original BR-105, para produção de grãos e seus componentes

(conclusão)

Fonte de Variação	GL	Subpopulação 7					
		PG	PROL ^a	CE	DE ^b	NFE	NGF
Regressão linear	1	16,29**	4,70**	8,09**	8,84**	0,23 ^{ns}	76,84**
Desvios de regressão	10	0,23 ^{ns}	0,35 ^{ns}	0,75**	6,99**	1,01**	5,79**
Resíduo ^c	216	0,15	0,23	0,17	0,66	0,14	0,92
R^2	---	0,88	0,58	0,52	0,11	0,02	0,57
Fonte de Variação	GL	Subpopulação 8					
		PG	PROL ^a	CE	DE ^b	NFE	NGF
Regressão linear	1	18,27**	3,28**	5,56**	8,94**	0,01 ^{ns}	42,19**
Desvios de regressão	10	0,37**	0,27 ^{ns}	0,35*	2,03**	0,20 ^{ns}	1,82*
Resíduo ^c	216	0,15	0,23	0,17	0,66	0,14	0,92
R^2	---	0,83	0,55	0,62	0,31	0,01	0,70
Fonte de Variação	GL	Subpopulação 9					
		PG	PROL ^a	CE	DE ^b	NFE	NGF
Regressão linear	1	9,23**	0,31 ^{ns}	3,48**	13,57**	0,51 ^{ns}	34,46**
Desvios de regressão	10	1,13**	0,33 ^{ns}	0,61**	3,29**	0,16 ^{ns}	3,75**
Resíduo ^c	216	0,15	0,23	0,17	0,66	0,14	0,92
R^2	---	0,45	0,09	0,36	0,29	0,23	0,48
Fonte de Variação	GL	Subpopulação 10					
		PG	PROL ^a	CE	DE ^b	NFE	NGF
Regressão linear	1	15,21**	1,81**	4,01**	8,24**	0,71*	33,46**
Desvios de regressão	10	1,10**	0,55*	0,85**	2,47**	0,24 ^{ns}	4,41**
Resíduo ^c	216	0,15	0,23	0,17	0,66	0,14	0,92
R^2	---	0,58	0,25	0,32	0,25	0,22	0,43
Fonte de Variação	GL	Média das 10 subpopulações					
		PG	PROL ^a	CE	DE ^b	NFE	NGF
Regressão linear	1	16,11**	2,43**	6,45**	17,27**	0,21 ^{ns}	54,99**
Desvios de regressão	10	0,24 ^{ns}	0,02 ^{ns}	0,03 ^{ns}	1,24*	0,09 ^{ns}	0,22 ^{ns}
Resíduo ^c	216	0,15	0,23	0,17	0,66	0,14	0,92
R^2	---	0,87	0,91	0,96	0,58	0,19	0,96

^{ns}, * e ** não significativo, significativo a 5% e 1% de probabilidade pelo teste F , respectivamente; ^{a, b} Quadrados médios multiplicados por 10²; ^c Quadrado médio do resíduo dividido por 8; PG (produção de grãos, em t ha⁻¹), PROL (prolificidade, em esp pl⁻¹), CE (comprimento de espiga, em cm esp⁻¹), DE (diâmetro de espiga, em cm esp⁻¹), NFE (número de fileiras por espiga), NGF (número de grãos por fileira).

ANEXO V – Quadrados médios e coeficientes de determinação (R^2) das análises de variância de regressão feitas em conjunto para as subpopulações 1 a 10 e média, nos dois níveis de endogamia, obtidas da população original BR-106, para produção de grãos e seus componentes

(continua)

Fonte de Variação	GL	Subpopulação 1					
		PG	PROL ^a	CE	DE ^b	NFE	NGF
Regressão linear	1	23,67**	1,19*	8,11**	25,95**	0,20 ^{ns}	114,25**
Desvios de regressão	10	0,70**	0,29 ^{ns}	0,47**	1,08*	0,13 ^{ns}	2,37**
Resíduo ^c	216	0,17	0,20	0,15	0,52	0,07	0,94
R^2	---	0,77	0,29	0,63	0,71	0,14	0,83
Fonte de Variação	GL	Subpopulação 2					
		PG	PROL ^a	CE	DE ^b	NFE	NGF
Regressão linear	1	30,26**	3,66**	9,13**	38,19**	0,17 ^{ns}	86,74**
Desvios de regressão	10	0,20 ^{ns}	0,19 ^{ns}	0,31*	0,87 ^{ns}	0,22**	0,73 ^{ns}
Resíduo ^c	216	0,17	0,20	0,15	0,52	0,07	0,94
R^2	---	0,94	0,65	0,75	0,81	0,07	0,92
Fonte de Variação	GL	Subpopulação 3					
		PG	PROL ^a	CE	DE ^b	NFE	NGF
Regressão linear	1	19,98**	0,76 ^{ns}	3,19**	23,53**	0,42*	45,65**
Desvios de regressão	10	0,37*	0,40*	0,45**	1,54**	0,19**	4,52**
Resíduo ^c	216	0,17	0,20	0,15	0,52	0,07	0,94
R^2	---	0,84	0,16	0,42	0,60	0,18	0,50
Fonte de Variação	GL	Subpopulação 4					
		PG	PROL ^a	CE	DE ^b	NFE	NGF
Regressão linear	1	29,52**	1,48**	9,32**	57,89**	0,27*	72,12**
Desvios de regressão	10	0,74**	0,50**	0,42**	0,59 ^{ns}	0,14*	3,24**
Resíduo ^c	216	0,17	0,20	0,15	0,52	0,07	0,94
R^2	---	0,80	0,23	0,69	0,91	0,16	0,69
Fonte de Variação	GL	Subpopulação 5					
		PG	PROL ^a	CE	DE ^b	NFE	NGF
Regressão linear	1	19,00**	0,47 ^{ns}	3,83**	40,03**	0,16 ^{ns}	33,90**
Desvios de regressão	10	0,73**	0,30 ^{ns}	0,67**	0,84 ^{ns}	0,19**	6,19**
Resíduo ^c	216	0,17	0,20	0,15	0,52	0,07	0,94
R^2	---	0,72	0,13	0,37	0,83	0,08	0,35
Fonte de Variação	GL	Subpopulação 6					
		PG	PROL ^a	CE	DE ^b	NFE	NGF
Regressão linear	1	21,94**	1,53**	9,84**	54,97**	0,51**	70,68**
Desvios de regressão	10	0,37*	0,44*	1,72**	2,02**	0,20**	1,88*
Resíduo ^c	216	0,17	0,20	0,15	0,52	0,07	0,94
R^2	---	0,86	0,26	0,36	0,73	0,21	0,79

ANEXO V – Quadrados médios e coeficientes de determinação (R^2) das análises de variância de regressão feitas em conjunto para as subpopulações 1 a 10 e média, nos dois níveis de endogamia, obtidas da população original BR-106, para produção de grãos e seus componentes

(conclusão)

Fonte de Variação	GL	Subpopulação 7					
		PG	PROL ^a	CE	DE ^b	NFE	NGF
Regressão linear	1	30,13**	2,86**	10,50**	54,66**	0,02 ^{ns}	93,04**
Desvios de regressão	10	1,01**	0,43*	0,18 ^{ns}	1,39**	0,10 ^{ns}	4,12**
Resíduo ^c	216	0,17	0,20	0,15	0,52	0,07	0,94
R^2	---	0,75	0,40	0,85	0,80	0,02	0,69
Fonte de Variação	GL	Subpopulação 8					
		PG	PROL ^a	CE	DE ^b	NFE	NGF
Regressão linear	1	29,23**	2,14**	8,80**	52,64**	0,30*	87,57**
Desvios de regressão	10	0,30 ^{ns}	0,39*	0,43**	0,53 ^{ns}	0,19**	1,55 ^{ns}
Resíduo ^c	216	0,17	0,20	0,15	0,52	0,07	0,94
R^2	---	0,91	0,35	0,67	0,91	0,14	0,85
Fonte de Variação	GL	Subpopulação 9					
		PG	PROL ^a	CE	DE ^b	NFE	NGF
Regressão linear	1	25,36**	1,49**	8,20**	60,53**	1,19**	62,83**
Desvios de regressão	10	0,55**	0,51**	0,23 ^{ns}	0,68 ^{ns}	0,14*	1,47 ^{ns}
Resíduo ^c	216	0,17	0,20	0,15	0,52	0,07	0,94
R^2	---	0,82	0,22	0,78	0,90	0,46	0,81
Fonte de Variação	GL	Subpopulação 10					
		PG	PROL ^a	CE	DE ^b	NFE	NGF
Regressão linear	1	35,44**	2,72**	9,50**	58,24**	0,02 ^{ns}	76,09**
Desvios de regressão	10	0,34*	0,24 ^{ns}	0,15 ^{ns}	1,87**	0,24**	3,60**
Resíduo ^c	216	0,17	0,20	0,15	0,52	0,07	0,94
R^2	---	0,91	0,53	0,86	0,76	0,01	0,68
Fonte de Variação	GL	Média das 10 subpopulações					
		PG	PROL ^a	CE	DE ^b	NFE	NGF
Regressão linear	1	26,22**	1,71**	7,82**	45,69**	0,26*	72,53**
Desvios de regressão	10	0,12 ^{ns}	0,10 ^{ns}	0,04 ^{ns}	0,20 ^{ns}	0,01 ^{ns}	0,38 ^{ns}
Resíduo ^c	216	0,17	0,20	0,15	0,52	0,07	0,94
R^2	---	0,96	0,64	0,95	0,96	0,70	0,95

^{ns}, * e ** não significativo, significativo a 5% e 1% de probabilidade pelo teste *F*, respectivamente; ^{a, b} Quadrados médios multiplicados por 10²; ^c Quadrado médio do resíduo dividido por 8; PG (produção de grãos, em t ha⁻¹), PROL (prolificidade, em esp pl⁻¹), CE (comprimento de espiga, em cm esp⁻¹), DE (diâmetro de espiga, em cm esp⁻¹), NFE (número de fileiras por espiga), NGF (número de grãos por fileira).

ANEXO W – Quadrados médios e respectivas significâncias, médias gerais e coeficientes de variação das análises de variância individuais para as subpopulações não autofecundadas obtidas da população original BR-105, nos cinco ciclos de deriva, para os caracteres da planta, avaliados na Estação Experimental do Departamento de Genética e Estação Experimental Sertãozinho, safras 2010/11 e 2012/13

(continua)

Fonte de Variação	GL	Quadrados médios – Departamento 2010/11				
		AP	AE	FM	FF	NRP
Repetições (R)	1	170,41 ^{ns}	112,13 ^{ns}	24,30*	30,00**	1,59 ^{ns}
Ciclos (C)	5	2.179,9**	1.196,39**	30,52**	45,84**	103,28**
R x C = Res (a)	5	96,79	77,97	1,88	1,62	4,51
Subpopulações/C (S/C)	54	469,55**	345,69**	4,96**	6,43**	27,48**
S / C0	9	34,87 ^{ns}	40,34 ^{ns}	1,25 ^{ns}	2,01 ^{ns}	10,97 ^{ns}
S / C1	9	501,03**	376,56**	3,38 ^{ns}	3,20 ^{ns}	24,41**
S / C2	9	281,03 ^{ns}	252,47**	5,69**	9,64**	32,74**
S / C3	9	491,89**	227,20**	5,44**	7,56**	26,68**
S / C4	9	1.037,58**	810,01**	8,00**	9,47**	32,66**
S / C5	9	470,89**	367,56**	6,02**	6,72**	37,39**
(R x S)/C = Res (b)	54	137,17	65,07	1,80	2,18	7,85
CV (%) Res (a)		4,55	7,21	2,25	2,03	11,25
Média geral		216,34	122,42	61,05	62,75	18,87

Fonte de Variação	GL	Quadrados médios – Sertãozinho 2010/11				
		AP	AE	FM	FF	NRP
Repetições (R)	1	243,68 ^{ns}	64,53 ^{ns}	12,68 ^{ns}	7,01 ^{ns}	41,07 ^{ns}
Ciclos (C)	5	2.045,75 ^{ns}	1.175,07 ^{ns}	10,87 ^{ns}	9,59 ^{ns}	75,51 ^{ns}
R x C = Res (a)	5	1.177,02	752,57	7,26	3,87	34,92
Subpopulações/C (S/C)	54	296,63**	246,88**	2,88**	3,32**	15,03**
S / C0	9	118,69 ^{ns}	86,24 ^{ns}	1,98 ^{ns}	1,09 ^{ns}	5,81 ^{ns}
S / C1	9	251,56*	190,64 ^{ns}	3,53*	2,89**	5,45 ^{ns}
S / C2	9	276,02*	294,45**	1,91 ^{ns}	2,58*	17,57*
S / C3	9	282,78*	271,89*	5,05**	5,78**	21,29**
S / C4	9	475,98**	363,78**	2,83*	4,89**	21,76**
S / C5	9	374,72**	274,27**	2,01 ^{ns}	2,69*	18,32*
(R x S)/C = Res (b)	54	117,29	99,25	1,36	1,04	7,39
CV (%) Res (a)		18,64	27,80	4,13	2,96	42,15
Média geral		184,01	98,68	65,14	66,54	14,02

ANEXO W – Quadrados médios e respectivas significâncias, médias gerais e coeficientes de variação das análises de variância individuais para as subpopulações não autofecundadas obtidas da população original BR-105, nos cinco ciclos de deriva, para os caracteres da planta, avaliados na Estação Experimental do Departamento de Genética e Estação Experimental Sertãozinho, safras 2010/11 e 2012/13

(conclusão)

Fonte de Variação	GL	Quadrados médios – Departamento 2012/13				
		AP	AE	FM	FF	NRP
Repetições (R)	1	8,01 ^{ns}	187,50 ^{ns}	67,50**	54,68**	0,39 ^{ns}
Ciclos (C)	5	1.671,51*	923,36*	17,78*	12,18*	55,67**
R x C = Res (a)	5	252,07	103,20	2,08	2,02	2,72
Subpopulações/C (S/C)	54	371,46**	300,88**	3,66**	3,93**	30,05**
S / C0	9	157,47 ^{ns}	142,91*	1,42 ^{ns}	1,87*	7,32 ^{ns}
S / C1	9	345,13**	324,53**	2,58*	1,94*	13,14*
S / C2	9	573,78**	446,01**	4,38**	1,83*	22,84**
S / C3	9	239,78*	180,42**	5,27**	4,24**	67,48**
S / C4	9	514,44**	378,02**	2,20 ^{ns}	6,36**	28,08**
S / C5	9	398,16**	333,38**	6,13**	7,31**	41,42**
(R x S)/C = Res (b)	54	87,48	55,44	1,08	0,87	5,83
CV (%) Res (a)		7,21	7,60	2,47	2,32	8,19
Média geral		220,26	133,65	58,40	61,08	20,14

Fonte de Variação	GL	Quadrados médios – Sertãozinho 2012/13				
		AP	AE	FM	FF	NRP
Repetições (R)	1	705,68 ^{ns}	452,41 ^{ns}	20,01 ^{ns}	12,03 ^{ns}	0,43 ^{ns}
Ciclos (C)	5	123,69 ^{ns}	286,88 ^{ns}	2,11 ^{ns}	8,26 ^{ns}	17,04 ^{ns}
R x C = Res (a)	5	1.569,52	1.010,81	11,27	17,07	48,65
Subpopulações/C (S/C)	54	160,70 ^{ns}	124,02 ^{ns}	2,57 ^{ns}	3,32 ^{ns}	16,17 ^{ns}
S / C0	9	66,78 ^{ns}	51,11 ^{ns}	0,67 ^{ns}	1,02 ^{ns}	18,86 ^{ns}
S / C1	9	149,87 ^{ns}	109,87 ^{ns}	3,69 ^{ns}	1,38 ^{ns}	21,34 ^{ns}
S / C2	9	185,89 ^{ns}	144,36 ^{ns}	2,24 ^{ns}	2,94 ^{ns}	11,71 ^{ns}
S / C3	9	242,33 ^{ns}	125,42 ^{ns}	1,27 ^{ns}	0,80 ^{ns}	18,14 ^{ns}
S / C4	9	214,20 ^{ns}	211,24*	3,24 ^{ns}	10,56**	9,39 ^{ns}
S / C5	9	105,11 ^{ns}	102,11 ^{ns}	4,27 ^{ns}	3,23 ^{ns}	17,56 ^{ns}
(R x S)/C = Res (b)	54	175,23	94,85	2,73	2,96	14,96
CV (%) Res (a)		17,87	24,32	5,70	6,84	36,28
Média geral		221,69	130,73	58,94	60,45	19,22

^{ns}, * e ** não significativo, significativo a 5% e 1% de probabilidade pelo teste F, respectivamente; AP (altura de planta, em cm pl⁻¹), AE (altura de espiga, em cm pl⁻¹), FM (florescimento masculino, em dias), FF (florescimento feminino, em dias) e NRP (número de ramificações do pendão).

ANEXO X – Quadrados médios e respectivas significâncias, médias gerais e coeficientes de variação das análises de variância individuais para as subpopulações não autofecundadas obtidas da população original BR-106, nos cinco ciclos de deriva, para os caracteres da planta, avaliados na Estação Experimental do Departamento de Genética e Estação Experimental Sertãozinho, safras 2010/11 e 2012/13

(continua)

Fonte de Variação	GL	Quadrados médios – Departamento 2010/11				
		AP	AE	FM	FF	NRP
Repetições (R)	1	5.838,08**	1.387,20 ^{ns}	35,21**	42,01*	0,21 ^{ns}
Ciclos (C)	5	1.816,24**	902,17 ^{ns}	10,35*	14,03 ^{ns}	53,98*
R x C = <i>Res (a)</i>	5	151,16	212,50	1,07	3,79	10,52
Subpopulações/C (S/C)	54	406,58**	205,24**	4,62**	4,64**	12,67**
S / C0	9	129,76 ^{ns}	106,69 ^{ns}	0,27 ^{ns}	0,49 ^{ns}	5,81 ^{ns}
S / C1	9	263,25 ^{ns}	150,36 ^{ns}	3,24*	2,02 ^{ns}	9,55 ^{ns}
S / C2	9	477,89**	316,58**	7,09**	8,56**	14,86*
S / C3	9	228,94 ^{ns}	41,78 ^{ns}	7,27**	5,12**	2,72 ^{ns}
S / C4	9	713,49**	305,47**	5,24**	4,64**	11,92 ^{ns}
S / C5	9	626,16**	310,58**	4,58**	6,98**	31,19**
(R x S)/C = <i>Res (b)</i>	54	159,51	101,97	1,30	1,34	6,59
CV (%) <i>Res (a)</i>		5,33	11,13	1,67	3,08	17,67
Média geral		230,63	131,02	61,89	63,24	18,36

Fonte de Variação	GL	Quadrados médios – Sertãozinho 2010/11				
		AP	AE	FM	FF	NRP
Repetições (R)	1	745,01 ^{ns}	500,21 ^{ns}	1,88 ^{ns}	4,41 ^{ns}	3,14 ^{ns}
Ciclos (C)	5	1.499,08*	776,31*	11,35**	16,91**	35,93 ^{ns}
R x C = <i>Res (a)</i>	5	233,61	86,87	0,78	1,43	10,42
Subpopulações/C (S/C)	54	435,66**	146,64*	3,37**	4,63**	10,96**
S / C0	9	112,89 ^{ns}	45,11 ^{ns}	0,34 ^{ns}	0,94 ^{ns}	3,42 ^{ns}
S / C1	9	343,80*	150,91 ^{ns}	3,14*	2,78*	3,33 ^{ns}
S / C2	9	245,22 ^{ns}	145,05 ^{ns}	4,53**	7,14**	9,95*
S / C3	9	660,76**	168,27 ^{ns}	4,67**	4,33**	19,42**
S / C4	9	497,36**	146,25 ^{ns}	2,64*	2,76*	10,29**
S / C5	9	753,91**	224,24*	4,87**	9,80**	19,37**
(R x S)/C = <i>Res (b)</i>	54	149,49	82,63	1,20	1,13	3,62
CV (%) <i>Res (a)</i>		8,04	9,22	1,35	1,81	25,92
Média geral		190,08	101,06	65,41	65,96	12,46

ANEXO X – Quadrados médios e respectivas significâncias, médias gerais e coeficientes de variação das análises de variância individuais para as subpopulações não autofecundadas obtidas da população original BR-106, nos cinco ciclos de deriva, para os caracteres da planta, avaliados na Estação Experimental do Departamento de Genética e Estação Experimental Sertãozinho, safras 2010/11 e 2012/13

(conclusão)

Fonte de Variação	GL	Quadrados médios – Departamento 2012/13				
		AP	AE	FM	FF	NRP
Repetições (R)	1	210,68 ^{ns}	34,13 ^{ns}	1,01 ^{ns}	1,41 ^{ns}	0,51 ^{ns}
Ciclos (C)	5	723,10 ^{ns}	420,57**	10,85 ^{ns}	16,83*	18,50*
R x C = Res (a)	5	145,90	23,55	4,25	2,67	3,59
Subpopulações/C (S/C)	54	339,08**	150,21**	3,32**	4,73**	20,28**
S / C0	9	93,69 ^{ns}	66,02 ^{ns}	1,24 ^{ns}	0,98 ^{ns}	12,85**
S / C1	9	135,87 ^{ns}	51,91 ^{ns}	3,02 ^{ns}	6,45**	10,69**
S / C2	9	295,42**	253,05**	6,16**	6,80**	23,63**
S / C3	9	453,16**	138,89*	1,80 ^{ns}	3,31 ^{ns}	16,48**
S / C4	9	552,45**	198,98**	5,91**	5,47**	21,56**
S / C5	9	503,89**	192,42**	1,76 ^{ns}	5,34**	36,45**
(R x S)/C = Res (b)	54	78,90	57,89	1,58	1,79	3,75
CV (%) Res (a)		5,45	3,63	3,43	2,63	10,28
Média geral		221,68	133,78	60,04	62,04	18,44

Fonte de Variação	GL	Quadrados médios – Sertãozinho 2012/13				
		AP	AE	FM	FF	NRP
Repetições (R)	1	2.900,83 ^{ns}	216,01 ^{ns}	80,03*	75,21*	16,28 ^{ns}
Ciclos (C)	5	1.257,57 ^{ns}	445,02 ^{ns}	11,61 ^{ns}	15,03 ^{ns}	14,11 ^{ns}
R x C = Res (a)	5	591,09	295,67	6,57	5,19	6,92
Subpopulações/C (S/C)	54	189,42 ^{ns}	92,40 ^{ns}	3,86 ^{ns}	4,34 ^{ns}	10,95 ^{ns}
S / C0	9	45,72 ^{ns}	78,27 ^{ns}	0,78 ^{ns}	1,23 ^{ns}	5,69 ^{ns}
S / C1	9	201,91 ^{ns}	124,24 ^{ns}	2,56 ^{ns}	3,31 ^{ns}	12,74 ^{ns}
S / C2	9	358,24 ^{ns}	119,64 ^{ns}	9,00*	11,64**	13,14 ^{ns}
S / C3	9	217,20 ^{ns}	95,92 ^{ns}	2,33 ^{ns}	3,89 ^{ns}	11,98 ^{ns}
S / C4	9	145,64 ^{ns}	64,03 ^{ns}	5,23 ^{ns}	2,02 ^{ns}	7,48 ^{ns}
S / C5	9	167,78 ^{ns}	72,31 ^{ns}	3,24 ^{ns}	3,92 ^{ns}	14,68 ^{ns}
(R x S)/C = Res (b)	54	238,74	102,93	3,87	3,17	11,69
CV (%) Res (a)		10,44	12,68	4,26	3,69	14,86
Média geral		232,78	135,58	60,22	61,79	17,70

^{ns}, * e ** não significativo, significativo a 5% e 1% de probabilidade pelo teste *F*, respectivamente; AP (altura de planta, em cm pl⁻¹), AE (altura de espiga, em cm pl⁻¹), FM (florescimento masculino, em dias), FF (florescimento feminino, em dias) e NRP (número de ramificações do pendão).

ANEXO Y – Quadrados médios e respectivas significâncias, médias gerais e coeficientes de variação das análises de variância individuais para as subpopulações autofecundadas (⊗) obtidas da população original BR-105, nos cinco ciclos de deriva, para os caracteres da planta, avaliados na Estação Experimental do Departamento de Genética e Estação Experimental Sertãozinho, safras 2010/11 e 2012/13

(continua)

Fonte de Variação	GL	Quadrados médios – Departamento 2010/11				
		AP	AE	FM	FF	NRP
Repetições (R)	1	1.421,41 ^{ns}	520,83 ^{ns}	26,13 ^{ns}	80,03**	68,10 ^{ns}
Ciclos (C)	5	710,79 ^{ns}	695,45 ^{ns}	12,96 ^{ns}	6,15 ^{ns}	18,46 ^{ns}
R x C = <i>Res (a)</i>	5	244,35	164,11	4,27	4,25	16,28
Subpopulações/C (S/C)	54	329,32*	183,43 ^{ns}	3,36**	5,28 ^{ns}	14,09**
<i>S / C0</i>	9	296,92 ^{ns}	122,61 ^{ns}	1,16 ^{ns}	1,80 ^{ns}	6,38 ^{ns}
<i>S / C1</i>	9	336,69 ^{ns}	211,78 ^{ns}	4,72**	3,89 ^{ns}	6,68 ^{ns}
<i>S / C2</i>	9	158,12 ^{ns}	67,14 ^{ns}	4,12**	4,31 ^{ns}	18,85**
<i>S / C3</i>	9	328,69 ^{ns}	147,76 ^{ns}	3,36*	7,80 ^{ns}	18,68**
<i>S / C4</i>	9	584,47**	321,01*	4,72**	10,34*	7,11 ^{ns}
<i>S / C5</i>	9	271,05 ^{ns}	230,31 ^{ns}	2,12 ^{ns}	3,53 ^{ns}	26,82**
(R x S)/C = <i>Res (b)</i>	54	202,10	123,68	1,45	4,09	5,68
CV (%) <i>Res (a)</i>		7,90	11,12	3,24	3,15	30,21
Média geral		197,79	115,17	63,75	65,47	13,36

Fonte de Variação	GL	Quadrados médios – Sertãozinho 2010/11				
		AP	AE	FM	FF	NRP
Repetições (R)	1	745,01*	67,50 ^{ns}	13,33*	4,41*	25,03 ^{ns}
Ciclos (C)	5	138,72 ^{ns}	230,63 ^{ns}	15,76**	16,30**	33,95 ^{ns}
R x C = <i>Res (a)</i>	5	105,69	61,42	0,85	0,55	12,90
Subpopulações/C (S/C)	54	198,43*	125,41**	5,09**	6,78**	15,89**
<i>S / C0</i>	9	52,69 ^{ns}	48,03 ^{ns}	6,91**	6,56**	4,57 ^{ns}
<i>S / C1</i>	9	280,56*	161,91*	6,02**	5,89*	17,66**
<i>S / C2</i>	9	199,34 ^{ns}	135,58*	1,02 ^{ns}	3,61 ^{ns}	23,93**
<i>S / C3</i>	9	180,94 ^{ns}	133,56*	9,09**	10,03**	14,23*
<i>S / C4</i>	9	204,03 ^{ns}	96,23 ^{ns}	5,09**	9,00**	10,67 ^{ns}
<i>S / C5</i>	9	273,03*	177,16**	2,42 ^{ns}	5,58*	24,30**
(R x S)/C = <i>Res (b)</i>	54	115,39	59,97	1,62	2,34	6,29
CV (%) <i>Res (a)</i>		6,21	8,79	1,37	1,07	26,60
Média geral		165,58	89,12	67,60	69,03	13,50

ANEXO Y – Quadrados médios e respectivas significâncias, médias gerais e coeficientes de variação das análises de variância individuais para as subpopulações autofecundadas (⊗) obtidas da população original BR-105, nos cinco ciclos de deriva, para os caracteres da planta, avaliados na Estação Experimental do Departamento de Genética e Estação Experimental Sertãozinho, safras 2010/11 e 2012/13

(conclusão)

Fonte de Variação	GL	Quadrados médios – Departamento 2012/13				
		AP	AE	FM	FF	NRP
Repetições (R)	1	957,68 ^{ns}	201,57 ^{ns}	19,20*	18,41*	2,19 ^{ns}
Ciclos (C)	5	270,52 ^{ns}	419,43 ^{ns}	10,87*	1,95 ^{ns}	38,06*
R x C = Res (a)	5	269,92	176,02	2,08	2,27	5,43
Subpopulações/C (S/C)	54	281,26**	232,99**	4,73**	7,31**	20,19**
S / C0	9	131,36 ^{ns}	131,80 ^{ns}	3,83*	1,49 ^{ns}	8,79 ^{ns}
S / C1	9	253,12 ^{ns}	195,67*	2,91 ^{ns}	6,58**	13,57 ^{ns}
S / C2	9	367,24*	231,56*	3,89*	5,56**	18,84*
S / C3	9	248,45 ^{ns}	216,58*	5,94**	5,98**	38,80**
S / C4	9	429,58**	376,92**	6,67**	12,94**	15,03 ^{ns}
S / C5	9	257,81 ^{ns}	245,42*	5,16**	11,31**	26,13**
(R x S)/C = Res (b)	54	136,06	91,59	1,67	2,01	7,82
CV (%) Res (a)		7,94	10,46	2,36	2,38	12,21
Média geral		206,88	126,83	61,02	63,26	19,09

Fonte de Variação	GL	Quadrados médios – Sertãozinho 2012/13				
		AP	AE	FM	FF	NRP
Repetições (R)	1	31,01 ^{ns}	1.228,80 ^{ns}	23,41*	10,21 ^{ns}	1,73 ^{ns}
Ciclos (C)	5	181,62 ^{ns}	133,43 ^{ns}	3,12 ^{ns}	5,42 ^{ns}	3,99 ^{ns}
R x C = Res (a)	5	792,31	1.066,28	1,53	15,67	32,77
Subpopulações/C (S/C)	54	131,03 ^{ns}	103,60 ^{ns}	2,10 ^{ns}	4,51 ^{ns}	10,63 ^{ns}
S / C0	9	211,64 ^{ns}	178,36 ^{ns}	1,64 ^{ns}	2,47 ^{ns}	5,95 ^{ns}
S / C1	9	162,69 ^{ns}	93,05 ^{ns}	1,91 ^{ns}	2,69 ^{ns}	11,13 ^{ns}
S / C2	9	68,23 ^{ns}	89,12 ^{ns}	3,53 ^{ns}	8,11*	10,86 ^{ns}
S / C3	9	50,42 ^{ns}	91,94 ^{ns}	0,53 ^{ns}	1,00 ^{ns}	15,50 ^{ns}
S / C4	9	220,36 ^{ns}	101,47 ^{ns}	3,58 ^{ns}	10,02**	12,73 ^{ns}
S / C5	9	72,81 ^{ns}	67,64 ^{ns}	1,38 ^{ns}	2,78 ^{ns}	7,63 ^{ns}
(R x S)/C = Res (b)	54	111,04	116,09	1,88	3,26	9,93
CV (%) Res (a)		13,57	27,01	2,02	6,30	33,27
Média geral		207,48	120,88	61,18	62,83	17,20

^{ns}, * e ** não significativo, significativo a 5% e 1% de probabilidade pelo teste F, respectivamente; AP (altura de planta, cm pl⁻¹), AE (altura de espiga, em cm pl⁻¹), FM (florescimento masculino, em dias), FF (florescimento feminino, em dias) e NRP (número de ramificações do pendão).

ANEXO Z – Quadrados médios e respectivas significâncias, médias gerais e coeficientes de variação das análises de variância individuais para as subpopulações autofecundadas (⊗) obtidas da população original BR-106, nos cinco ciclos de deriva, para os caracteres da planta, avaliados na Estação Experimental do Departamento de Genética e Estação Experimental Sertãozinho, safras 2010/11 e 2012/13

(continua)

Fonte de Variação	GL	Quadrados médios – Departamento 2010/11				
		AP	AE	FM	FF	NRP
Repetições (R)	1	1.050,21 ^{ns}	340,03 ^{ns}	58,80**	75,21**	12,55*
Ciclos (C)	5	1.656,83*	1.399,07**	7,85 ^{ns}	15,80**	36,49**
R x C = <i>Res (a)</i>	5	197,43	111,41	1,60	1,13	1,90
Subpopulações/C (S/C)	54	320,06**	149,04*	3,30**	5,40**	14,07**
S / C0	9	229,03 ^{ns}	104,80 ^{ns}	1,58 ^{ns}	0,58 ^{ns}	3,10 ^{ns}
S / C1	9	247,89 ^{ns}	97,23 ^{ns}	1,80 ^{ns}	2,20 ^{ns}	16,06*
S / C2	9	257,72 ^{ns}	162,12 ^{ns}	5,47**	11,47**	17,75**
S / C3	9	350,58*	135,22 ^{ns}	5,23**	7,11**	11,00 ^{ns}
S / C4	9	562,92**	307,42**	3,16*	4,53*	17,15**
S / C5	9	272,22 ^{ns}	87,47 ^{ns}	2,56 ^{ns}	6,49**	19,35**
(R x S)/C = <i>Res (b)</i>	54	151,37	87,96	1,28	1,72	5,84
CV (%) <i>Res (a)</i>		6,63	8,68	1,97	1,62	7,76
Média geral		212,04	121,67	64,23	65,73	17,76

Fonte de Variação	GL	Quadrados médios – Sertãozinho 2010/11				
		AP	AE	FM	FF	NRP
Repetições (R)	1	460,21 ^{ns}	50,70 ^{ns}	0,13 ^{ns}	0,30 ^{ns}	6,63 ^{ns}
Ciclos (C)	5	1.168,55 ^{ns}	678,07 ^{ns}	26,01 ^{ns}	38,65 ^{ns}	10,50 ^{ns}
R x C = <i>Res (a)</i>	5	743,43	377,00	8,99	16,88	5,54
Subpopulações/C (S/C)	54	323,97**	146,54*	5,17**	7,22**	12,42**
S / C0	9	144,91 ^{ns}	96,20 ^{ns}	1,98 ^{ns}	2,89 ^{ns}	4,85 ^{ns}
S / C1	9	206,56 ^{ns}	79,44 ^{ns}	0,91 ^{ns}	3,00 ^{ns}	8,59*
S / C2	9	479,47**	225,31*	5,94**	8,36**	14,23**
S / C3	9	264,87 ^{ns}	109,92 ^{ns}	3,92**	7,98**	7,64*
S / C4	9	345,42*	103,69 ^{ns}	8,42**	9,89**	12,81**
S / C5	9	502,58**	264,67**	9,87**	11,20**	26,38**
(R x S)/C = <i>Res (b)</i>	54	164,37	87,60	0,96	2,73	3,44
CV (%) <i>Res (a)</i>		16,41	23,32	4,39	5,95	19,18
Média geral		166,14	83,27	68,38	69,08	12,27

ANEXO Z – Quadrados médios e respectivas significâncias, médias gerais e coeficientes de variação das análises de variância individuais para as subpopulações autofecundadas (⊗) obtidas da população original BR-106, nos cinco ciclos de deriva, para os caracteres da planta, avaliados na Estação Experimental do Departamento de Genética e Estação Experimental Sertãozinho, safras 2010/11 e 2012/13

(conclusão)

Fonte de Variação	GL	Quadrados médios – Departamento 2012/13				
		AP	AE	FM	FF	NRP
Repetições (R)	1	23,41 ^{ns}	16,13 ^{ns}	4,41 ^{ns}	11,41 ^{ns}	0,74 ^{ns}
Ciclos (C)	5	426,39*	469,83*	30,03**	46,80**	30,57**
R x C = Res (a)	5	60,55	72,73	2,47	2,33	1,53
Subpopulações/C (S/C)	54	235,89**	144,64**	9,39**	7,79**	18,05**
S / C0	9	59,05 ^{ns}	50,92 ^{ns}	4,76 ^{ns}	1,58 ^{ns}	9,36 ^{ns}
S / C1	9	186,05*	91,42 ^{ns}	4,78 ^{ns}	4,64*	17,65*
S / C2	9	240,24**	163,27*	14,22**	15,09**	17,91*
S / C3	9	218,12**	152,64*	12,09**	7,64**	13,05 ^{ns}
S / C4	9	278,87**	153,89*	12,45**	13,56**	23,74**
S / C5	9	433,02**	255,72**	8,03*	4,24 ^{ns}	26,63**
(R x S)/C = Res (b)	54	77,58	65,71	3,38	2,10	7,11
CV (%) Res (a)		3,77	6,87	2,49	2,35	7,09
Média geral		206,44	124,18	63,14	64,83	17,43

Fonte de Variação	GL	Quadrados médios – Sertãozinho 2012/13				
		AP	AE	FM	FF	NRP
Repetições (R)	1	2.557,63**	270,00 ^{ns}	258,13*	246,53*	1,32 ^{ns}
Ciclos (C)	5	291,86 ^{ns}	163,48 ^{ns}	29,43 ^{ns}	62,49 ^{ns}	7,29 ^{ns}
R x C = Res (a)	5	136,31	88,40	20,55	29,91	7,16
Subpopulações/C (S/C)	54	121,70 ^{ns}	83,51 ^{ns}	5,01 ^{ns}	7,72 ^{ns}	8,51 ^{ns}
S / C0	9	107,81 ^{ns}	94,58 ^{ns}	0,87 ^{ns}	1,87 ^{ns}	7,08 ^{ns}
S / C1	9	169,20 ^{ns}	81,01 ^{ns}	7,56 ^{ns}	16,64**	8,85 ^{ns}
S / C2	9	82,34 ^{ns}	60,24 ^{ns}	8,47 ^{ns}	12,00 ^{ns}	4,57 ^{ns}
S / C3	9	81,56 ^{ns}	82,34 ^{ns}	3,36 ^{ns}	7,81 ^{ns}	5,94 ^{ns}
S / C4	9	114,23 ^{ns}	58,23 ^{ns}	1,76 ^{ns}	2,87 ^{ns}	15,41 ^{ns}
S / C5	9	175,09 ^{ns}	124,67 ^{ns}	8,02 ^{ns}	5,14 ^{ns}	9,21 ^{ns}
(R x S)/C = Res (b)	54	221,68	123,72	4,69	5,98	9,04
CV (%) Res (a)		5,36	7,49	7,17	8,40	16,42
Média geral		217,65	125,50	63,23	65,12	16,30

^{ns}, * e ** não significativo, significativo a 5% e 1% de probabilidade pelo teste F, respectivamente; AP (altura de planta, em cm pl⁻¹), AE (altura de espiga, em cm pl⁻¹), FM (florescimento masculino, em dias), FF (florescimento feminino, em dias) e NRP (número de ramificações do pendão).

ANEXO AA – Quadrados médios e respectivas significâncias, médias gerais e coeficientes de variação das análises de variância individuais para as subpopulações nos dois níveis de endogamia, obtidas da população original BR-105, nos cinco ciclos de deriva, para os caracteres da planta, avaliados na Estação Experimental do Departamento de Genética, safra 2010/11

Fonte de Variação	GL	Quadrados médios – Departamento 2010/11				
		AP	AE	FM	FF	NRP
Repetições (R)	1	1.288,07 ^{ns}	558,15 ^{ns}	50,42*	104,02**	24,45 ^{ns}
Ciclos (C)	5	2.481,51**	1.697,01*	27,02*	36,28*	102,04**
R x C = <i>Res (a)</i>	5	214,49	201,34	4,82	4,02	8,88
Endogamia (E)	1	20.646,15 ^{ns}	3.153,75 ^{ns}	437,40**	442,82 ^{ns}	1.818,30 ^{ns}
R x E = <i>Res (b)</i>	1	303,75	74,82	0,02	6,02	45,24
C x E	5	409,27 ^{ns}	194,84 ^{ns}	16,46**	15,72*	19,69 ^{ns}
R x E x C = <i>Res (c)</i>	5	126,65	40,75	1,34	1,86	11,91
Subpopulações/C (S/C)	54	646,83**	420,27**	6,76**	9,35**	30,31**
S / C0	9	199,28 ^{ns}	61,04 ^{ns}	1,29 ^{ns}	2,64 ^{ns}	6,86 ^{ns}
S / C1	9	611,47**	422,78**	6,50*	5,40 ^{ns}	22,52**
S / C2	9	239,10 ^{ns}	158,06 ^{ns}	6,95*	9,62*	33,80**
S / C3	9	724,67**	344,78**	7,40**	13,46**	41,30**
S / C4	9	1.438,28**	985,44**	11,30**	15,78**	30,76**
S / C5	9	668,19**	549,51**	7,11*	9,19 ^{ns}	46,63**
(R x S)/C = <i>Res (d)</i>	54	214,35	110,28	2,61	4,63	7,49
(E x S) / C	54	152,04 ^{ns}	108,85 ^{ns}	1,57**	2,36 ^{ns}	11,25*
(<i>ExS</i>) / C0	9	132,50 ^{ns}	101,90 ^{ns}	1,12 ^{ns}	1,17 ^{ns}	10,49 ^{ns}
(<i>ExS</i>) / C1	9	226,25 ^{ns}	165,56*	1,60*	1,69 ^{ns}	8,57 ^{ns}
(<i>ExS</i>) / C2	9	200,04 ^{ns}	161,56*	2,86**	4,33*	17,79**
(<i>ExS</i>) / C3	9	95,91 ^{ns}	30,18 ^{ns}	1,40*	1,90 ^{ns}	4,06 ^{ns}
(<i>ExS</i>) / C4	9	183,77 ^{ns}	145,57 ^{ns}	1,41*	4,03*	9,00 ^{ns}
(<i>ExS</i>) / C5	9	73,75 ^{ns}	48,36 ^{ns}	1,03 ^{ns}	1,06 ^{ns}	17,58**
(E x S x R)/C = <i>Res (e)</i>	54	124,92	78,47	0,64	1,64	6,05
CV (%) <i>Res (a)</i>		7,07	11,94	3,52	3,13	18,50
Média geral		207,07	118,79	62,40	64,11	16,11

^{ns}, * e ** não significativo, significativo a 5% e 1% de probabilidade pelo teste *F*, respectivamente; AP (altura de planta, em cm pl⁻¹), AE (altura de espiga, em cm pl⁻¹), FM (florescimento masculino, em dias), FF (florescimento feminino, em dias) e NRP (número de ramificações do pendão).

ANEXO AB – Quadrados médios e respectivas significâncias, médias gerais e coeficientes de variação das análises de variância individuais para as subpopulações nos dois níveis de endogamia, obtidas da população original BR-106, nos cinco ciclos de deriva, para os caracteres da planta, avaliados na Estação Experimental do Departamento de Genética, safra 2010/11

Fonte de Variação	GL	Quadrados médios – Departamento 2010/11				
		AP	AE	FM	FF	NRP
Repetições (R)	1	5.920,27**	1.550,42*	92,50**	114,82**	7,99 ^{ns}
Ciclos (C)	5	3.393,47**	2.233,42**	15,08**	27,53**	85,75**
R x C = <i>Res (a)</i>	5	96,73	181,14	0,48	2,32	3,68
Endogamia (E)	1	20.720,42 ^{ns}	5.245,35 ^{ns}	329,00*	370,02 ^{ns}	21,96 ^{ns}
R x E = <i>Res (b)</i>	1	968,02	176,82	1,50	2,40	4,76
C x E	5	79,60 ^{ns}	67,83 ^{ns}	3,12 ^{ns}	2,30 ^{ns}	4,72 ^{ns}
R x E x C = <i>Res (c)</i>	5	251,86	142,78	2,18	2,60	8,74
Subpopulações/C (S/C)	54	612,30**	282,50**	6,96**	8,33**	22,59**
<i>S / C0</i>	9	229,06 ^{ns}	149,61 ^{ns}	1,12 ^{ns}	0,50 ^{ns}	5,50 ^{ns}
<i>S / C1</i>	9	484,46*	197,47 ^{ns}	4,32*	2,77 ^{ns}	21,75**
<i>S / C2</i>	9	620,43**	435,06**	11,34**	18,36**	27,69**
<i>S / C3</i>	9	459,85*	125,00 ^{ns}	11,04**	10,73**	10,86 ^{ns}
<i>S / C4</i>	9	1.103,07**	489,49**	7,56**	5,46**	26,36**
<i>S / C5</i>	9	776,91**	298,36*	6,38**	12,17**	43,37**
(R x S)/C = <i>Res (d)</i>	54	190,37	115,54	1,60	1,87	6,63
(E x S) / C	54	114,34 ^{ns}	71,79 ^{ns}	0,96 ^{ns}	1,70 ^{ns}	4,16 ^{ns}
(<i>ExS</i>) / <i>C0</i>	9	129,73 ^{ns}	61,88 ^{ns}	0,73 ^{ns}	0,57 ^{ns}	3,41 ^{ns}
(<i>ExS</i>) / <i>C1</i>	9	26,68 ^{ns}	50,11 ^{ns}	0,72 ^{ns}	1,46 ^{ns}	3,87 ^{ns}
(<i>ExS</i>) / <i>C2</i>	9	115,18 ^{ns}	43,64 ^{ns}	1,21 ^{ns}	1,67 ^{ns}	4,92 ^{ns}
(<i>ExS</i>) / <i>C3</i>	9	119,67 ^{ns}	52,00 ^{ns}	1,46 ^{ns}	1,50 ^{ns}	2,86 ^{ns}
(<i>ExS</i>) / <i>C4</i>	9	173,34 ^{ns}	123,40 ^{ns}	0,85 ^{ns}	3,72**	2,71 ^{ns}
(<i>ExS</i>) / <i>C5</i>	9	121,47 ^{ns}	99,69 ^{ns}	0,77 ^{ns}	1,30 ^{ns}	7,18 ^{ns}
(E x S x R)/C = <i>Res (e)</i>	54	120,51	74,39	0,98	1,19	5,80
CV (%) <i>Res (a)</i>		4,44	10,65	1,10	2,36	10,62
Média geral		221,33	126,34	63,06	64,48	18,06

^{ns}, * e ** não significativo, significativo a 5% e 1% de probabilidade pelo teste *F*, respectivamente; AP (altura de planta, em cm pl⁻¹), AE (altura de espiga, em cm pl⁻¹), FM (florescimento masculino, em dias), FF (florescimento feminino, em dias) e NRP (número de ramificações do pendão).

ANEXO AC – Quadrados médios e respectivas significâncias, médias gerais e coeficientes de variação das análises de variância individuais para as subpopulações nos dois níveis de endogamia, obtidas da população original BR-105, nos cinco ciclos de deriva, para os caracteres da planta, avaliados na Estação Experimental Sertãozinho, safra 2010/11

Fonte de Variação	GL	Quadrados médios – Sertãozinho 2010/11				
		AP	AE	FM	FF	NRP
Repetições (R)	1	920,42 ^{ns}	132,02 ^{ns}	26,00 ^{ns}	11,27 ^{ns}	65,10 ^{ns}
Ciclos (C)	5	1.376,57 ^{ns}	1.094,31 ^{ns}	8,99 ^{ns}	10,71 ^{ns}	104,38*
R x C = Res (a)	5	655,43	425,53	6,35	3,07	17,42
Endogamia (E)	1	20.387,27*	5.491,27**	362,60**	370,02*	16,12 ^{ns}
R x E = Res (b)	1	68,27	0,02	0,01	0,15	0,99
C x E	5	807,90 ^{ns}	311,40 ^{ns}	17,63*	15,18**	5,08 ^{ns}
R x E x C = Res (c)	5	627,28	388,47	1,75	1,35	30,41
Subpopulações/C (S/C)	54	304,75**	248,36**	6,45**	8,04**	24,85**
S / C0	9	102,44 ^{ns}	89,69 ^{ns}	7,60**	5,36**	5,40 ^{ns}
S / C1	9	287,28*	175,57 ^{ns}	8,01**	7,78**	15,98*
S / C2	9	298,78*	264,19*	1,94 ^{ns}	5,29**	34,85**
S / C3	9	322,73*	330,11**	12,23**	12,35**	29,59**
S / C4	9	529,23**	328,17**	5,45**	10,94**	27,18**
S / C5	9	288,07*	302,44**	3,47*	6,53**	36,10**
(R x S)/C = Res (d)	54	128,47	96,00	1,36	1,73	6,59
(E x S) / C	54	190,30*	123,93**	1,53 ^{ns}	2,06 ^{ns}	6,08 ^{ns}
(ExS) / C0	9	68,93 ^{ns}	44,58 ^{ns}	1,29 ^{ns}	2,29 ^{ns}	4,98 ^{ns}
(ExS) / C1	9	244,84*	176,99**	1,54 ^{ns}	1,00 ^{ns}	7,13 ^{ns}
(ExS) / C2	9	176,58 ^{ns}	165,84*	0,99 ^{ns}	0,90 ^{ns}	6,66 ^{ns}
(ExS) / C3	9	140,99 ^{ns}	75,34 ^{ns}	1,91 ^{ns}	3,46*	5,93 ^{ns}
(ExS) / C4	9	150,78 ^{ns}	131,84*	2,47 ^{ns}	2,94 ^{ns}	5,25 ^{ns}
(ExS) / C5	9	359,68**	148,99*	0,96 ^{ns}	1,75 ^{ns}	6,52 ^{ns}
(E x S x R)/C = Res (e)	54	104,21	63,23	1,62	1,65	7,09
CV (%) Res (a)		14,65	21,97	3,80	2,58	30,32
Média geral		174,79	93,90	66,37	67,78	13,76

^{ns}, * e ** não significativo, significativo a 5% e 1% de probabilidade pelo teste *F*, respectivamente; AP (altura de planta, em cm pl⁻¹), AE (altura de espiga, em cm pl⁻¹), FM (florescimento masculino, em dias), FF (florescimento feminino, em dias) e NRP (número de ramificações do pendão).

ANEXO AD – Quadrados médios e respectivas significâncias, médias gerais e coeficientes de variação das análises de variância individuais para as subpopulações nos dois níveis de endogamia, obtidas da população original BR-106, nos cinco ciclos de deriva, para os caracteres da planta, avaliados na Estação Experimental Sertãozinho, safra 2010/11

Fonte de Variação	GL	Quadrados médios – Sertãozinho 2010/11				
		AP	AE	FM	FF	NRP
Repetições (R)	1	1.188,15 ^{ns}	434,70 ^{ns}	0,50 ^{ns}	1,20 ^{ns}	0,32 ^{ns}
Ciclos (C)	5	2.493,68 ^{ns}	1.374,07 ^{ns}	33,59*	50,79 ^{ns}	38,96 ^{ns}
R x C = <i>Res (a)</i>	5	598,55	276,99	5,83	10,55	10,93
Endogamia (E)	1	34.368,27*	18.992,60*	531,04*	585,94*	2,24 ^{ns}
R x E = <i>Res (b)</i>	1	17,07	116,20	1,50	3,50	9,44
C x E	5	173,95 ^{ns}	80,31 ^{ns}	3,77 ^{ns}	4,77 ^{ns}	7,47 ^{ns}
R x E x C = <i>Res (c)</i>	5	378,49	186,87	3,93	7,75	5,03
Subpopulações/C (S/C)	54	657,68**	235,08**	6,66**	9,45**	18,02**
<i>S / C0</i>	9	194,53 ^{ns}	90,99 ^{ns}	1,30 ^{ns}	1,99 ^{ns}	5,08 ^{ns}
<i>S / C1</i>	9	444,34*	185,46 ^{ns}	3,19*	4,89 ^{ns}	10,26**
<i>S / C2</i>	9	601,13**	283,75*	7,75**	12,97**	19,28**
<i>S / C3</i>	9	746,73**	197,79 ^{ns}	7,04**	9,43**	17,67**
<i>S / C4</i>	9	794,79**	216,91*	9,22**	11,19**	19,16**
<i>S / C5</i>	9	1.164,58**	435,56**	11,46**	16,21**	36,70**
(R x S)/C = <i>Res (d)</i>	54	194,45	104,93	1,44	2,49	3,36
(E x S) / C	54	101,94 ^{ns}	58,10 ^{ns}	1,88**	2,40*	5,35 ^{ns}
(<i>ExS</i>) / <i>C0</i>	9	63,28 ^{ns}	50,32 ^{ns}	1,01 ^{ns}	1,84 ^{ns}	3,19 ^{ns}
(<i>ExS</i>) / <i>C1</i>	9	106,03 ^{ns}	44,90 ^{ns}	0,86 ^{ns}	0,89 ^{ns}	1,66 ^{ns}
(<i>ExS</i>) / <i>C2</i>	9	123,57 ^{ns}	86,61 ^{ns}	2,73**	2,53 ^{ns}	4,90 ^{ns}
(<i>ExS</i>) / <i>C3</i>	9	178,89 ^{ns}	80,40 ^{ns}	1,54*	2,88*	9,38*
(<i>ExS</i>) / <i>C4</i>	9	47,99 ^{ns}	33,03 ^{ns}	1,84*	1,46 ^{ns}	3,94 ^{ns}
(<i>ExS</i>) / <i>C5</i>	9	91,91 ^{ns}	53,36 ^{ns}	3,28**	4,79**	9,05*
(E x S x R)/C = <i>Res (e)</i>	54	119,42	65,30	0,72	1,37	3,70
CV (%) <i>Res (a)</i>		13,74	18,06	3,61	4,81	26,75
Média geral		178,11	92,16	66,90	67,52	12,36

^{ns}, * e ** não significativo, significativo a 5% e 1% de probabilidade pelo teste *F*, respectivamente; AP (altura de planta, em cm pl⁻¹), AE (altura de espiga, em cm pl⁻¹), FM (florescimento masculino, em dias), FF (florescimento feminino, em dias) e NRP (número de ramificações do pendão).

ANEXO AE – Quadrados médios e respectivas significâncias, médias gerais e coeficientes de variação das análises de variância individuais para as subpopulações nos dois níveis de endogamia, obtidas da população original BR-105, nos cinco ciclos de deriva, para os caracteres da planta, avaliados na Estação Experimental do Departamento de Genética, safra 2012/13

Fonte de Variação	GL	Quadrados médios – Departamento 2012/13				
		AP	AE	FM	FF	NRP
Repetições (R)	1	570,42 ^{ns}	93,75 ^{ns}	79,35**	68,27**	2,20 ^{ns}
Ciclos (C)	5	2.415,98*	1.225,97*	13,49 ^{ns}	9,94 ^{ns}	91,39**
R x C = <i>Res (a)</i>	5	471,25	202,40	3,92	2,50	6,47
Endogamia (E)	1	10.746,82 ^{ns}	2.788,02 ^{ns}	410,82 ^{ns}	286,02 ^{ns}	66,36*
R x E = <i>Res (b)</i>	1	395,27	93,75	7,35	4,82	0,37
C x E	5	526,05*	116,83 ^{ns}	15,17**	4,19 ^{ns}	2,34 ^{ns}
R x E x C = <i>Res (c)</i>	5	50,74	76,82	0,24	1,79	1,69
Subpopulações/C (S/C)	54	547,46**	450,84**	6,10**	9,05**	41,78**
S / C0	9	246,06 ^{ns}	252,33**	2,75 ^{ns}	1,89 ^{ns}	4,51 ^{ns}
S / C1	9	431,97**	434,82**	4,27*	6,28**	21,57**
S / C2	9	735,01**	452,40**	3,90*	4,66**	27,91**
S / C3	9	433,94**	353,38**	9,17**	9,12**	97,47**
S / C4	9	882,18**	708,58**	6,32**	16,07**	40,48**
S / C5	9	555,62**	503,50**	10,17**	16,28**	58,72**
(R x S)/C = <i>Res (d)</i>	54	119,82	74,97	1,56	1,50	5,96
(E x S) / C	54	105,26 ^{ns}	83,03 ^{ns}	2,30**	2,19*	8,46 ^{ns}
(<i>ExS</i>) / C0	9	42,78 ^{ns}	22,38 ^{ns}	2,50*	1,47 ^{ns}	11,60 ^{ns}
(<i>ExS</i>) / C1	9	166,28 ^{ns}	85,38 ^{ns}	1,22 ^{ns}	2,24 ^{ns}	5,14 ^{ns}
(<i>ExS</i>) / C2	9	206,01 ^{ns}	225,17**	4,38**	2,73 ^{ns}	13,77 ^{ns}
(<i>ExS</i>) / C3	9	54,29 ^{ns}	43,62 ^{ns}	2,04 ^{ns}	1,10 ^{ns}	8,81 ^{ns}
(<i>ExS</i>) / C4	9	61,85 ^{ns}	46,36 ^{ns}	2,54*	3,23*	2,63 ^{ns}
(<i>ExS</i>) / C5	9	100,34 ^{ns}	75,30 ^{ns}	1,13 ^{ns}	2,34 ^{ns}	8,82 ^{ns}
(E x S x R)/C = <i>Res (e)</i>	54	103,72	72,06	1,19	1,38	7,69
CV (%) <i>Res (a)</i>		10,16	10,92	3,32	2,54	12,96
Média geral		213,57	130,24	59,71	62,17	19,62

^{ns}, * e ** não significativo, significativo a 5% e 1% de probabilidade pelo teste *F*, respectivamente; AP (altura de planta, em cm pl⁻¹), AE (altura de espiga, em cm pl⁻¹), FM (florescimento masculino, em dias), FF (florescimento feminino, em dias) e NRP (número de ramificações do pendão).

ANEXO AF – Quadrados médios e respectivas significâncias, médias gerais e coeficientes de variação das análises de variância individuais para as subpopulações nos dois níveis de endogamia, obtidas da população original BR-106, nos cinco ciclos de deriva, para os caracteres da planta, avaliados na Estação Experimental do Departamento de Genética, safra 2012/13

Fonte de Variação	GL	Quadrados médios – Departamento 2012/13				
		AP	AE	FM	FF	NRP
Repetições (R)	1	187,27 ^{ns}	48,60 ^{ns}	4,82 ^{ns}	10,42 ^{ns}	0,01 ^{ns}
Ciclos (C)	5	952,60*	857,81**	37,88*	57,16**	45,44**
R x C = Res (a)	5	173,37	39,62	5,96	3,07	0,96
Endogamia (E)	1	13.923,27*	5.529,60*	576,60*	464,82*	60,80 ^{ns}
R x E = Res (b)	1	46,82	1,67	0,60	2,40	1,23
C x E	5	196,89*	32,60 ^{ns}	3,00 ^{ns}	6,47 ^{ns}	3,63 ^{ns}
R x E x C = Res (c)	5	33,08	56,67	0,76	1,93	4,16
Subpopulações/C (S/C)	54	512,84**	252,00**	9,00**	10,00**	33,60**
S / C0	9	98,29 ^{ns}	92,53 ^{ns}	2,27 ^{ns}	0,68 ^{ns}	14,74**
S / C1	9	297,91**	127,21 ^{ns}	5,39 ^{ns}	10,41**	22,66**
S / C2	9	472,68**	310,28**	16,14**	19,49**	38,85**
S / C3	9	611,66**	264,90**	10,54**	7,94**	25,47**
S / C4	9	761,51**	293,90**	14,45**	14,93**	40,01**
S / C5	9	834,97**	423,17**	5,23 ^{ns}	6,56**	59,86**
(R x S)/C = Res (d)	54	93,94	78,23	2,79	2,12	5,34
(E x S) / C	54	62,14 ^{ns}	42,86 ^{ns}	3,70*	2,52 ^{ns}	4,74 ^{ns}
(ExS) / C0	9	54,45 ^{ns}	24,41 ^{ns}	3,73 ^{ns}	1,88 ^{ns}	7,47 ^{ns}
(ExS) / C1	9	24,00 ^{ns}	16,12 ^{ns}	2,41 ^{ns}	0,68 ^{ns}	5,67 ^{ns}
(ExS) / C2	9	62,99 ^{ns}	106,04*	4,25 ^{ns}	2,40 ^{ns}	2,70 ^{ns}
(ExS) / C3	9	59,62 ^{ns}	26,64 ^{ns}	3,34 ^{ns}	3,01 ^{ns}	4,06 ^{ns}
(ExS) / C4	9	69,80 ^{ns}	58,97 ^{ns}	3,91 ^{ns}	4,10*	5,29 ^{ns}
(ExS) / C5	9	101,95 ^{ns}	24,97 ^{ns}	4,56*	3,03 ^{ns}	3,22 ^{ns}
(E x S x R)/C = Res (e)	54	62,53	45,37	2,17	1,78	5,52
CV (%) Res (a)		6,15	4,88	3,96	2,76	5,46
Média geral		214,06	128,98	61,59	63,43	17,93

^{ns}, * e ** não significativo, significativo a 5% e 1% de probabilidade pelo teste *F*, respectivamente; AP (altura de planta, em cm pl⁻¹), AE (altura de espiga, em cm pl⁻¹), FM (florescimento masculino, em dias), FF (florescimento feminino, em dias) e NRP (número de ramificações do pendão).

ANEXO AG – Quadrados médios e respectivas significâncias, médias gerais e coeficientes de variação das análises de variância individuais para as subpopulações nos dois níveis de endogamia, obtidas da população original BR-105, nos cinco ciclos de deriva, para os caracteres da planta, avaliados na Estação Experimental Sertãozinho, safra 2012/13

Fonte de Variação	GL	Quadrados médios – Sertãozinho 2012/13				
		AP	AE	FM	FF	NRP
Repetições (R)	1	516,27 ^{ns}	1.586,20 ^{ns}	43,35 ^{ns}	22,20 ^{ns}	0,22 ^{ns}
Ciclos (C)	5	197,65 ^{ns}	308,33 ^{ns}	3,11 ^{ns}	5,55 ^{ns}	15,42 ^{ns}
R x C = <i>Res (a)</i>	5	1.221,97	1.240,19	8,26	25,03	73,54
Endogamia (E)	1	12.126,82 ^{ns}	5.811,50 ^{ns}	299,27**	338,44**	244,82 ^{ns}
R x E = <i>Res (b)</i>	1	220,42	95,00	0,07	0,04	1,94
C x E	5	107,66 ^{ns}	111,97 ^{ns}	2,12 ^{ns}	8,13 ^{ns}	5,60 ^{ns}
R x E x C = <i>Res (c)</i>	5	139,86	136,89	4,54	7,71	7,88
Subpopulações/C (S/C)	54	210,31 ^{ns}	168,12 ^{ns}	3,46 ^{ns}	6,06 ^{ns}	21,13 ^{ns}
S / C0	9	216,79 ^{ns}	168,29 ^{ns}	1,29 ^{ns}	2,14 ^{ns}	17,60 ^{ns}
S / C1	9	230,88 ^{ns}	179,91 ^{ns}	4,50 ^{ns}	3,51 ^{ns}	29,28 ^{ns}
S / C2	9	143,34 ^{ns}	169,93 ^{ns}	4,66 ^{ns}	7,14 ^{ns}	15,67 ^{ns}
S / C3	9	193,88 ^{ns}	115,47 ^{ns}	1,03 ^{ns}	1,18 ^{ns}	28,67 ^{ns}
S / C4	9	359,06 ^{ns}	268,17 ^{ns}	6,43*	18,69**	17,87 ^{ns}
S / C5	9	117,90 ^{ns}	106,93 ^{ns}	2,83 ^{ns}	3,73 ^{ns}	17,69 ^{ns}
(R x S)/C = <i>Res (d)</i>	54	195,43	133,41	2,56	4,32	18,22
(E x S) / C	54	81,41 ^{ns}	59,50 ^{ns}	1,21 ^{ns}	1,77 ^{ns}	5,67 ^{ns}
(<i>ExS</i>) / C0	9	61,64 ^{ns}	61,18 ^{ns}	1,03 ^{ns}	1,36 ^{ns}	7,22 ^{ns}
(<i>ExS</i>) / C1	9	81,68 ^{ns}	23,00 ^{ns}	1,10 ^{ns}	0,57 ^{ns}	3,20 ^{ns}
(<i>ExS</i>) / C2	9	110,78 ^{ns}	63,54 ^{ns}	1,12 ^{ns}	3,91*	6,90 ^{ns}
(<i>ExS</i>) / C3	9	98,88 ^{ns}	101,89 ^{ns}	0,78 ^{ns}	0,62 ^{ns}	4,97 ^{ns}
(<i>ExS</i>) / C4	9	75,50 ^{ns}	44,54 ^{ns}	0,39 ^{ns}	1,89 ^{ns}	4,24 ^{ns}
(<i>ExS</i>) / C5	9	60,01 ^{ns}	62,82 ^{ns}	2,82 ^{ns}	2,28 ^{ns}	7,50 ^{ns}
(E x S x R)/C = <i>Res (e)</i>	54	90,83	77,53	2,04	1,89	6,67
CV (%) <i>Res (a)</i>		16,29	27,99	4,79	8,12	47,08
Média geral		214,58	125,80	60,06	61,64	18,21

^{ns}, * e ** não significativo, significativo a 5% e 1% de probabilidade pelo teste *F*, respectivamente; AP (altura de planta, em cm pl⁻¹), AE (altura de espiga, em cm pl⁻¹), FM (florescimento masculino, em dias), FF (florescimento feminino, em dias) e NRP (número de ramificações do pendão).

ANEXO AH – Quadrados médios e respectivas significâncias, médias gerais e coeficientes de variação das análises de variância individuais para as subpopulações nos dois níveis de endogamia, obtidas da população original BR-106, nos cinco ciclos de deriva, para os caracteres da planta, avaliados na Estação Experimental Sertãozinho, safra 2012/13

Fonte de Variação	GL	Quadrados médios – Sertãozinho 2012/13				
		AP	AE	FM	FF	NRP
Repetições (R)	1	5.453,07*	484,50 ^{ns}	312,82*	297,04*	13,44 ^{ns}
Ciclos (C)	5	872,03 ^{ns}	418,43 ^{ns}	36,15 ^{ns}	65,62 ^{ns}	15,72 ^{ns}
R x C = Res (a)	5	617,47	296,53	21,96	28,68	10,33
Endogamia (E)	1	13.741,07*	6.090,34*	546,02 ^{ns}	663,34 ^{ns}	116,48 ^{ns}
R x E = Res (b)	1	5,40	1,50	25,35	24,70	4,16
C x E	5	677,41*	190,07 ^{ns}	4,90 ^{ns}	11,90 ^{ns}	5,68 ^{ns}
R x E x C = Res (c)	5	109,94	87,53	5,17	6,42	3,75
Subpopulações/C (S/C)	54	211,26 ^{ns}	127,44 ^{ns}	6,59 ^{ns}	9,62 ^{ns}	14,56 ^{ns}
S / C0	9	126,23 ^{ns}	125,90 ^{ns}	0,53 ^{ns}	2,18 ^{ns}	8,22 ^{ns}
S / C1	9	245,88 ^{ns}	145,41 ^{ns}	7,89 ^{ns}	14,07*	16,39 ^{ns}
S / C2	9	302,47 ^{ns}	137,43 ^{ns}	14,74*	21,71**	13,59 ^{ns}
S / C3	9	222,79 ^{ns}	118,04 ^{ns}	3,40 ^{ns}	8,38 ^{ns}	11,82 ^{ns}
S / C4	9	132,29 ^{ns}	87,82 ^{ns}	4,90 ^{ns}	3,90 ^{ns}	16,59 ^{ns}
S / C5	9	237,90 ^{ns}	150,03 ^{ns}	8,06 ^{ns}	7,50 ^{ns}	20,75 ^{ns}
(R x S)/C = Res (d)	54	378,11	167,74	6,07	6,59	14,98
(E x S) / C	54	99,86 ^{ns}	48,47 ^{ns}	2,28 ^{ns}	2,43 ^{ns}	4,90 ^{ns}
(ExS) / C0	9	27,29 ^{ns}	46,95 ^{ns}	1,13 ^{ns}	0,91 ^{ns}	4,55 ^{ns}
(ExS) / C1	9	125,23 ^{ns}	59,84 ^{ns}	2,22 ^{ns}	5,89*	5,20 ^{ns}
(ExS) / C2	9	138,11 ^{ns}	42,46 ^{ns}	2,74 ^{ns}	1,93 ^{ns}	4,11 ^{ns}
(ExS) / C3	9	75,97 ^{ns}	60,21 ^{ns}	2,29 ^{ns}	3,32 ^{ns}	6,10 ^{ns}
(ExS) / C4	9	127,58 ^{ns}	34,43 ^{ns}	2,08 ^{ns}	0,99 ^{ns}	6,29 ^{ns}
(ExS) / C5	9	104,97 ^{ns}	46,96 ^{ns}	3,21 ^{ns}	1,56 ^{ns}	3,14 ^{ns}
(E x S x R)/C = Res (e)	54	82,30	58,91	2,49	2,56	5,76
CV (%) Res (a)		11,03	13,19	7,59	8,44	18,91
Média geral		225,22	130,54	61,73	63,45	17,00

^{ns}, * e ** não significativo, significativo a 5% e 1% de probabilidade pelo teste F, respectivamente; AP (altura de planta, em cm pl⁻¹), AE (altura de espiga, em cm pl⁻¹), FM (florescimento masculino, em dias), FF (florescimento feminino, em dias) e NRP (número de ramificações do pendão).

ANEXO AI – Quadrados médios e respectivas significâncias, médias gerais e coeficientes de variação da análise de variância conjunta para as subpopulações não autofecundadas obtidas da população original BR-105, nos cinco ciclos de deriva, para os caracteres da planta, avaliados nos quatro ambientes

Fonte de Variação	GL	Quadrados médios				
		AP	AE	FM	FF	NRP
Rep/Amb (R/A)	4	281,94 ^{ns}	204,14 ^{ns}	31,12**	25,93*	10,87 ^{ns}
Ambiente (A)	3	38.255,58**	30.163,79**	1.123,93**	898,56**	905,99**
Ciclos (C)	5	4.055,25**	2.509,27**	37,16**	33,24**	159,41**
C x A	15	884,20 ^{ns}	511,03 ^{ns}	8,65 ^{ns}	16,67*	34,03 ^{ns}
(R x C) / A = Res (a)	20	773,85	486,14	5,62	6,14	22,70
Subpopulações/C (S/C)	54	529,60**	424,56**	6,96**	7,98**	39,02**
S / C0	9	160,03 ^{ns}	150,78 ^{ns}	3,33 ^{ns}	2,86 ^{ns}	1,61 ^{ns}
S / C1	9	422,91**	487,04**	7,50**	4,51**	30,13**
S / C2	9	538,96**	483,87**	7,76**	11,51**	37,00**
S / C3	9	439,17**	291,53**	7,53**	6,98**	64,47**
S / C4	9	1.107,38**	758,41**	7,17**	11,69**	49,40**
S / C5	9	509,16**	375,76**	8,45**	10,34**	51,53**
(S x A) / C	162	219,63**	170,61**	2,26*	2,60**	15,90**
SxA / C0	27	139,91 ^{ns}	126,60 ^{ns}	0,81 ^{ns}	0,97 ^{ns}	13,23 ^{ns}
SxA / C1	27	236,49*	171,95*	2,03 ^{ns}	1,71 ^{ns}	10,18 ^{ns}
SxA / C2	27	201,30*	163,63*	2,31 ^{ns}	2,96*	14,50*
SxA / C3	27	196,49 ^{ns}	132,91*	2,61 ^{ns}	2,90*	16,30*
SxA / C4	27	315,49**	255,57**	3,26**	3,53**	15,68*
SxA / C5	27	228,08*	172,99*	2,55 ^{ns}	3,53**	25,51**
(R x S) / C/A = Res (b)	216	129,29	78,65	1,74	1,76	9,01
CV (%) Res (a)		13,21	18,17	3,89	3,95	26,38
Média geral		210,58	121,37	60,88	62,70	18,06

^{ns}, * e ** não significativo, significativo a 5% e 1% de probabilidade pelo teste *F*, respectivamente; AP (altura de planta, em cm pl⁻¹), AE (altura de espiga, em cm pl⁻¹), FM (florescimento masculino, em dias), FF (florescimento feminino, em dias) e NRP (número de ramificações do pendão).

ANEXO AJ – Quadrados médios e respectivas significâncias, médias gerais e coeficientes de variação da análise de variância conjunta para as subpopulações não autofecundadas obtidas da população original BR-106, nos cinco ciclos de deriva, para os caracteres da planta, avaliados nos quatro ambientes

Fonte de Variação	GL	Quadrados médios				
		AP	AE	FM	FF	NRP
Rep/Amb (R/A)	4	2.423,65**	534,39*	29,53**	30,76**	5,03 ^{ns}
Ambiente (A)	3	46.750,20**	31.914,71**	743,80**	436,87**	989,90**
Ciclos (C)	5	4.664,54**	2.133,11**	35,37**	55,38**	95,98**
C x A	15	210,48 ^{ns}	136,99 ^{ns}	2,93 ^{ns}	2,47 ^{ns}	8,84 ^{ns}
(R x C) / A = Res (a)	20	280,44	154,65	3,17	3,27	7,86
Subpopulações/C (S/C)	54	859,85**	354,78**	10,11**	12,02**	36,47**
S / C0	9	162,36 ^{ns}	110,65 ^{ns}	1,20 ^{ns}	0,87 ^{ns}	5,62 ^{ns}
S / C1	9	487,60**	252,97**	4,95*	7,80**	20,98**
S / C2	9	807,34**	508,05**	22,43**	29,38**	45,51**
S / C3	9	1.121,16**	271,36**	9,16**	7,22**	36,39**
S / C4	9	1.134,42**	475,73**	14,92**	8,29**	39,84**
S / C5	9	1.446,20**	509,92**	8,03**	18,53**	70,48**
(S x A) / C	162	170,30 ^{ns}	79,91 ^{ns}	1,68 ^{ns}	2,10 ^{ns}	6,13 ^{ns}
SxA / C0	27	73,23 ^{ns}	61,81 ^{ns}	0,48 ^{ns}	0,92 ^{ns}	7,38 ^{ns}
SxA / C1	27	152,41 ^{ns}	74,82 ^{ns}	2,34 ^{ns}	2,26 ^{ns}	5,11 ^{ns}
SxA / C2	27	189,81 ^{ns}	108,76 ^{ns}	1,45 ^{ns}	1,59 ^{ns}	5,36 ^{ns}
SxA / C3	27	146,30 ^{ns}	57,84 ^{ns}	2,31 ^{ns}	3,15*	4,74 ^{ns}
SxA / C4	27	258,18*	79,66 ^{ns}	1,37 ^{ns}	2,20 ^{ns}	3,80 ^{ns}
SxA / C5	27	201,85 ^{ns}	96,55 ^{ns}	2,14 ^{ns}	2,50 ^{ns}	10,40*
(R x S) / C/A = Res (b)	216	156,66	86,35	1,99	1,86	6,41
CV (%) Res (a)		7,65	9,92	2,88	2,86	16,75
Média geral		218,79	125,36	61,89	63,26	16,74

^{ns}, * e ** não significativo, significativo a 5% e 1% de probabilidade pelo teste F, respectivamente; AP (altura de planta, em cm pl⁻¹), AE (altura de espiga, em cm pl⁻¹), FM (florescimento masculino, em dias), FF (florescimento feminino, em dias) e NRP (número de ramificações do pendão).

ANEXO AK – Quadrados médios e respectivas significâncias, médias gerais e coeficientes de variação da análise de variância conjunta para as subpopulações autofecundadas (⊗) obtidas da população original BR-105, nos cinco ciclos de deriva, para os caracteres da planta, avaliados nos quatro ambientes

Fonte de Variação	GL	Quadrados médios				
		AP	AE	FM	FF	NRP
Rep/Amb (R/A)	4	788,78 ^{ns}	504,68 ^{ns}	20,52**	28,26**	24,26 ^{ns}
Ambiente (A)	3	46.758,48**	33.144,64**	1.135,70**	963,99**	961,29**
Ciclos (C)	5	424,37 ^{ns}	847,04 ^{ns}	13,69**	4,24 ^{ns}	62,30*
C x A	15	292,42 ^{ns}	210,64 ^{ns}	9,67**	8,52 ^{ns}	10,72 ^{ns}
(R x C) / A = Res (a)	20	353,07	366,96	2,18	5,68	16,85
Subpopulações/C (S/C)	54	423,35**	300,23**	5,82**	10,81**	33,84**
S / C0	9	185,52 ^{ns}	142,81 ^{ns}	0,95 ^{ns}	1,51 ^{ns}	6,17 ^{ns}
S / C1	9	422,28**	341,78**	8,86**	7,77**	21,46**
S / C2	9	197,47 ^{ns}	179,65 ^{ns}	3,02 ^{ns}	8,42**	45,69**
S / C3	9	455,20**	361,49**	10,78**	16,50**	63,03**
S / C4	9	838,32**	393,01**	6,75**	16,14**	23,86**
S / C5	9	441,31**	382,65**	4,53**	14,51**	42,83**
(S x A) / C	162	172,23 ^{ns}	115,07 ^{ns}	3,16**	4,36**	8,99 ^{ns}
SxA / C0	27	169,03 ^{ns}	112,66 ^{ns}	2,18 ^{ns}	3,61 ^{ns}	6,50 ^{ns}
SxA / C1	27	203,59 ^{ns}	106,88 ^{ns}	2,23 ^{ns}	3,76 ^{ns}	9,19 ^{ns}
SxA / C2	27	198,48 ^{ns}	114,58 ^{ns}	3,18**	4,39 ^{ns}	8,93 ^{ns}
SxA / C3	27	117,77 ^{ns}	76,11 ^{ns}	2,71*	2,77 ^{ns}	8,06 ^{ns}
SxA / C4	27	200,04 ^{ns}	167,53*	4,43**	8,72**	7,22 ^{ns}
SxA / C5	27	144,46 ^{ns}	112,63 ^{ns}	4,20**	2,90 ^{ns}	14,02**
(R x S) / C/A = Res (b)	216	141,15	97,83	1,66	2,92	7,43
CV (%) Res (a)		9,66	16,95	2,33	3,66	25,99
Média geral		194,43	113,00	63,39	65,14	15,79

^{ns}, * e ** não significativo, significativo a 5% e 1% de probabilidade pelo teste *F*, respectivamente; AP (altura de planta, em cm pl⁻¹), AE (altura de espiga, em cm pl⁻¹), FM (florescimento masculino, em dias), FF (florescimento feminino, em dias) e NRP (número de ramificações do pendão).

ANEXO AL – Quadrados médios e respectivas significâncias, médias gerais e coeficientes de variação da análise de variância conjunta para as subpopulações autofecundadas (⊗) obtidas da população original BR-106, nos cinco ciclos de deriva, para os caracteres da planta, avaliados nos quatro ambientes

Fonte de Variação	GL	Quadrados médios				
		AP	AE	FM	FF	NRP
Rep/Amb (R/A)	4	1.022,86*	169,22 ^{ns}	80,37**	83,36**	5,31 ^{ns}
Ambiente (A)	3	65.724,49**	49.551,50**	734,20**	464,11**	766,07**
Ciclos (C)	5	1.786,51**	1.779,18**	72,64**	134,38**	60,56**
C x A	15	585,70 ^{ns}	310,43 ^{ns}	6,90 ^{ns}	9,79 ^{ns}	8,10 ^{ns}
(R x C) / A = Res (a)	20	284,43	162,39	8,40	12,56	4,03
Subpopulações/C (S/C)	54	615,61**	318,48**	13,32**	17,85**	35,40**
S / C0	9	299,50*	235,64**	2,00 ^{ns}	1,47 ^{ns}	6,38 ^{ns}
S / C1	9	468,19**	171,26 ^{ns}	6,89**	11,49**	30,56**
S / C2	9	630,39**	416,12**	22,19**	36,41**	36,49**
S / C3	9	586,36**	293,98**	12,01**	16,40**	25,34**
S / C4	9	623,44**	262,61**	16,12**	20,67**	52,52**
S / C5	9	1.085,79**	531,25**	20,73**	20,66**	61,13**
(S x A) / C	162	128,67 ^{ns}	68,42 ^{ns}	3,18 ^{ns}	3,43 ^{ns}	5,88 ^{ns}
SxA / C0	27	80,43 ^{ns}	36,95 ^{ns}	2,39 ^{ns}	1,81 ^{ns}	6,00 ^{ns}
SxA / C1	27	113,84 ^{ns}	59,28 ^{ns}	2,72 ^{ns}	5,00*	6,87 ^{ns}
SxA / C2	27	143,13 ^{ns}	64,94 ^{ns}	3,97*	3,50 ^{ns}	5,99 ^{ns}
SxA / C3	27	109,59 ^{ns}	62,05 ^{ns}	4,20*	4,71 ^{ns}	4,10 ^{ns}
SxA / C4	27	226,00 ^{ns}	120,21 ^{ns}	3,22 ^{ns}	3,40 ^{ns}	5,53 ^{ns}
SxA / C5	27	99,04 ^{ns}	67,09 ^{ns}	2,58 ^{ns}	2,14 ^{ns}	6,81 ^{ns}
(R x S) / C/A = Res (b)	216	153,75	91,25	2,58	3,13	6,36
CV (%) Res (a)		8,41	11,21	4,48	5,36	12,60
Média geral		200,57	113,65	64,75	66,19	15,94

^{ns}, * e ** não significativo, significativo a 5% e 1% de probabilidade pelo teste *F*, respectivamente; AP (altura de planta, em cm pl⁻¹), AE (altura de espiga, em cm pl⁻¹), FM (florescimento masculino, em dias), FF (florescimento feminino, em dias) e NRP (número de ramificações do pendão).

ANEXO AM – Quadrados médios e coeficientes de determinação (R^2) das análises de variância de regressão para as subpopulações não autofecundadas 1 a 10 e média, obtidas da população original BR-105, para os caracteres altura de planta (AP), altura de espiga (AE), florescimento masculino (FM), florescimento feminino (FF) e número de ramificações do pendão (NRP)

(continua)

Fonte de Variação	GL	Subpopulação 1				
		AP (cm pl ⁻¹)	AE (cm pl ⁻¹)	FM (dias)	FF (dias)	NRP (nº)
Regressão linear	1	180,03**	137,06**	3,37**	0,48 ^{ns}	25,25**
Desvios de regressão	4	58,38**	44,48**	0,67*	0,55*	0,97 ^{ns}
Resíduo ^a	216	16,16	9,83	0,22	0,22	1,13
R^2	---	0,44	0,44	0,56	0,18	0,87
Fonte de Variação	GL	Subpopulação 2				
		AP (cm pl ⁻¹)	AE (cm pl ⁻¹)	FM (dias)	FF (dias)	NRP (nº)
Regressão linear	1	176,05**	428,55**	1,39*	2,43**	3,43 ^{ns}
Desvios de regressão	4	30,88 ^{ns}	21,06 ^{ns}	0,84**	1,28**	8,26**
Resíduo ^a	216	16,16	9,83	0,22	0,22	1,13
R^2	---	0,59	0,84	0,29	0,32	0,09
Fonte de Variação	GL	Subpopulação 3				
		AP (cm pl ⁻¹)	AE (cm pl ⁻¹)	FM (dias)	FF (dias)	NRP (nº)
Regressão linear	1	88,05*	32,67 ^{ns}	0,77 ^{ns}	0,09 ^{ns}	4,90*
Desvios de regressão	4	141,50**	91,59**	0,84**	1,41**	1,35 ^{ns}
Resíduo ^a	216	16,16	9,83	0,22	0,22	1,13
R^2	---	0,13	0,08	0,19	0,02	0,48
Fonte de Variação	GL	Subpopulação 4				
		AP (cm pl ⁻¹)	AE (cm pl ⁻¹)	FM (dias)	FF (dias)	NRP (nº)
Regressão linear	1	8,48 ^{ns}	4,03 ^{ns}	3,88**	4,85**	0,13 ^{ns}
Desvios de regressão	4	12,30 ^{ns}	17,07 ^{ns}	0,38 ^{ns}	0,36 ^{ns}	0,85 ^{ns}
Resíduo ^a	216	16,16	9,83	0,22	0,22	1,13
R^2	---	0,15	0,06	0,72	0,77	0,04
Fonte de Variação	GL	Subpopulação 5				
		AP (cm pl ⁻¹)	AE (cm pl ⁻¹)	FM (dias)	FF (dias)	NRP (nº)
Regressão linear	1	606,29**	164,55**	3,32**	1,91**	31,44**
Desvios de regressão	4	63,38**	52,99**	0,24 ^{ns}	0,27 ^{ns}	0,26 ^{ns}
Resíduo ^a	216	16,16	9,83	0,22	0,22	1,13
R^2	---	0,71	0,44	0,77	0,64	0,97
Fonte de Variação	GL	Subpopulação 6				
		AP (cm pl ⁻¹)	AE (cm pl ⁻¹)	FM (dias)	FF (dias)	NRP (nº)
Regressão linear	1	328,47**	188,76**	0,11 ^{ns}	0,04 ^{ns}	4,09 ^{ns}
Desvios de regressão	4	70,40**	44,37**	0,84**	0,29 ^{ns}	3,00*
Resíduo ^a	216	16,16	9,83	0,22	0,22	1,13
R^2	---	0,54	0,52	0,03	0,03	0,25

ANEXO AM – Quadrados médios e coeficientes de determinação (R^2) das análises de variância de regressão para as subpopulações não autofecundadas 1 a 10 e média, obtidas da população original BR-105, para os caracteres altura de planta (AP), altura de espiga (AE), florescimento masculino (FM), florescimento feminino (FF) e número de ramificações do pendão (NRP)

(conclusão)

Fonte de Variação	GL	Subpopulação 7				
		AP (cm pl ⁻¹)	AE (cm pl ⁻¹)	FM (dias)	FF (dias)	NRP (n°)
Regressão linear	1	1.099,18**	704,53**	5,15**	4,40**	12,93**
Desvios de regressão	4	47,38*	16,94 ^{ns}	0,75**	0,44 ^{ns}	8,16**
Resíduo ^a	216	16,16	9,83	0,22	0,22	1,13
R^2	---	0,85	0,91	0,63	0,71	0,28
Fonte de Variação	GL	Subpopulação 8				
		AP (cm pl ⁻¹)	AE (cm pl ⁻¹)	FM (dias)	FF (dias)	NRP (n°)
Regressão linear	1	308,22**	219,48**	4,56**	6,26**	5,88*
Desvios de regressão	4	20,05 ^{ns}	52,27**	0,79**	0,60*	0,72 ^{ns}
Resíduo ^a	216	16,16	9,83	0,22	0,22	1,13
R^2	---	0,79	0,51	0,59	0,72	0,67
Fonte de Variação	GL	Subpopulação 9				
		AP (cm pl ⁻¹)	AE (cm pl ⁻¹)	FM (dias)	FF (dias)	NRP (n°)
Regressão linear	1	71,02*	19,50 ^{ns}	3,15**	4,03**	3,98 ^{ns}
Desvios de regressão	4	69,67**	85,05**	0,39 ^{ns}	0,93**	1,01 ^{ns}
Resíduo ^a	216	16,16	9,83	0,22	0,22	1,13
R^2	---	0,20	0,05	0,67	0,52	0,50
Fonte de Variação	GL	Subpopulação 10				
		AP (cm pl ⁻¹)	AE (cm pl ⁻¹)	FM (dias)	FF (dias)	NRP (n°)
Regressão linear	1	321,47**	185,09**	4,69**	4,53**	49,25**
Desvios de regressão	4	71,51**	40,81**	1,39**	2,65**	2,75*
Resíduo ^a	216	16,16	9,83	0,22	0,22	1,13
R^2	---	0,53	0,53	0,46	0,30	0,82
Fonte de Variação	GL	Média das 10 subpopulações				
		AP (cm pl ⁻¹)	AE (cm pl ⁻¹)	FM (dias)	FF (dias)	NRP (n°)
Regressão linear	1	233,98**	148,95**	2,47**	2,28**	9,85**
Desvios de regressão	4	7,17 ^{ns}	3,73 ^{ns}	0,03 ^{ns}	0,02 ^{ns}	0,43 ^{ns}
Resíduo ^a	216	16,16	9,83	0,22	0,22	1,13
R^2	---	0,89	0,91	0,95	0,96	0,85

^{ns}, * e ** não significativo, significativo a 5% e 1% de probabilidade pelo teste *F*, respectivamente; ^a Quadrado médio do resíduo dividido por 8.

ANEXO AN – Quadrados médios e coeficientes de determinação (R^2) das análises de variância de regressão para as subpopulações não autofecundadas 1 a 10 e média, obtidas da população original BR-106, para os caracteres altura de planta (AP), altura de espiga (AE), florescimento masculino (FM), florescimento feminino (FF) e número de ramificações do pendão (NRP)

(continua)

Fonte de Variação	GL	Subpopulação 1				
		AP (cm pl ⁻¹)	AE (cm pl ⁻¹)	FM (dias)	FF (dias)	NRP (nº)
Regressão linear	1	237,77**	44,71*	5,06**	9,62**	20,91**
Desvios de regressão	4	59,07*	37,78**	1,10**	0,99**	4,36**
Resíduo ^a	216	19,58	10,79	0,25	0,23	0,80
R^2	---	0,50	0,23	0,53	0,71	0,55
Fonte de Variação	GL	Subpopulação 2				
		AP (cm pl ⁻¹)	AE (cm pl ⁻¹)	FM (dias)	FF (dias)	NRP (nº)
Regressão linear	1	500,95**	49,01*	1,11*	0,69 ^{ns}	2,79 ^{ns}
Desvios de regressão	4	47,89*	60,93**	0,98**	2,31**	3,38**
Resíduo ^a	216	19,58	10,79	0,25	0,23	0,80
R^2	---	0,72	0,17	0,22	0,07	0,17
Fonte de Variação	GL	Subpopulação 3				
		AP (cm pl ⁻¹)	AE (cm pl ⁻¹)	FM (dias)	FF (dias)	NRP (nº)
Regressão linear	1	1.308,40**	450,44**	0,64 ^{ns}	0,05 ^{ns}	20,80**
Desvios de regressão	4	31,41 ^{ns}	20,39 ^{ns}	0,21 ^{ns}	0,06 ^{ns}	0,57 ^{ns}
Resíduo ^a	216	19,58	10,79	0,25	0,23	0,80
R^2	---	0,91	0,85	0,43	0,19	0,90
Fonte de Variação	GL	Subpopulação 4				
		AP (cm pl ⁻¹)	AE (cm pl ⁻¹)	FM (dias)	FF (dias)	NRP (nº)
Regressão linear	1	99,93*	30,65 ^{ns}	3,86**	5,61**	3,93*
Desvios de regressão	4	54,10*	65,45**	1,20**	1,80**	4,59**
Resíduo ^a	216	19,58	10,79	0,25	0,23	0,80
R^2	---	0,32	0,10	0,45	0,44	0,18
Fonte de Variação	GL	Subpopulação 5				
		AP (cm pl ⁻¹)	AE (cm pl ⁻¹)	FM (dias)	FF (dias)	NRP (nº)
Regressão linear	1	2,37 ^{ns}	0,01 ^{ns}	0,12 ^{ns}	0,93*	18,50**
Desvios de regressão	4	63,83*	24,93 ^{ns}	0,36 ^{ns}	0,50 ^{ns}	1,20 ^{ns}
Resíduo ^a	216	19,58	10,79	0,25	0,23	0,80
R^2	---	0,01	0,00	0,08	0,32	0,79
Fonte de Variação	GL	Subpopulação 6				
		AP (cm pl ⁻¹)	AE (cm pl ⁻¹)	FM (dias)	FF (dias)	NRP (nº)
Regressão linear	1	196,43**	101,27**	1,56*	0,77 ^{ns}	6,56**
Desvios de regressão	4	19,43 ^{ns}	7,88 ^{ns}	0,61*	0,44 ^{ns}	1,66 ^{ns}
Resíduo ^a	216	19,58	10,79	0,25	0,23	0,80
R^2	---	0,72	0,76	0,39	0,30	0,50

ANEXO AN – Quadrados médios e coeficientes de determinação (R^2) das análises de variância de regressão para as subpopulações não autofecundadas 1 a 10 e média, obtidas da população original BR-106, para os caracteres altura de planta (AP), altura de espiga (AE), florescimento masculino (FM), florescimento feminino (FF) e número de ramificações do pendão (NRP)

(conclusão)

Fonte de Variação	GL	Subpopulação 7				
		AP (cm pl ⁻¹)	AE (cm pl ⁻¹)	FM (dias)	FF (dias)	NRP (nº)
Regressão linear	1	1,80 ^{ns}	1,67 ^{ns}	0,99*	2,63**	2,46 ^{ns}
Desvios de regressão	4	8,32 ^{ns}	14,43 ^{ns}	3,46**	3,76**	2,56*
Resíduo ^a	216	19,58	10,79	0,25	0,23	0,80
R^2	---	0,05	0,03	0,07	0,15	0,19
Fonte de Variação	GL	Subpopulação 8				
		AP (cm pl ⁻¹)	AE (cm pl ⁻¹)	FM (dias)	FF (dias)	NRP (nº)
Regressão linear	1	910,88**	338,01**	0,40 ^{ns}	0,64 ^{ns}	1,17 ^{ns}
Desvios de regressão	4	4,85 ^{ns}	9,50 ^{ns}	1,48**	2,14**	0,15 ^{ns}
Resíduo ^a	216	19,58	10,79	0,25	0,23	0,80
R^2	---	0,98	0,90	0,06	0,07	0,66
Fonte de Variação	GL	Subpopulação 9				
		AP (cm pl ⁻¹)	AE (cm pl ⁻¹)	FM (dias)	FF (dias)	NRP (nº)
Regressão linear	1	0,81 ^{ns}	28,70 ^{ns}	2,26**	1,71**	1,78 ^{ns}
Desvios de regressão	4	181,02**	60,26**	1,77**	1,28**	2,49*
Resíduo ^a	216	19,58	10,79	0,25	0,23	0,80
R^2	---	0,00	0,11	0,24	0,25	0,15
Fonte de Variação	GL	Subpopulação 10				
		AP (cm pl ⁻¹)	AE (cm pl ⁻¹)	FM (dias)	FF (dias)	NRP (nº)
Regressão linear	1	648,19**	307,94**	0,01 ^{ns}	0,04 ^{ns}	4,40*
Desvios de regressão	4	25,28 ^{ns}	5,91 ^{ns}	1,65**	1,68**	0,46 ^{ns}
Resíduo ^a	216	19,58	10,79	0,25	0,23	0,80
R^2	---	0,87	0,93	0,00	0,01	0,70
Fonte de Variação	GL	Média das 10 subpopulações				
		AP (cm pl ⁻¹)	AE (cm pl ⁻¹)	FM (dias)	FF (dias)	NRP (nº)
Regressão linear	1	239,31**	86,73**	0,33 ^{ns}	0,81 ^{ns}	3,38*
Desvios de regressão	4	13,05 ^{ns}	11,64 ^{ns}	0,47 ^{ns}	0,66*	0,66 ^{ns}
Resíduo ^a	216	19,58	10,79	0,25	0,23	0,80
R^2	---	0,82	0,65	0,15	0,24	0,56

^{ns}, * e ** não significativo, significativo a 5% e 1% de probabilidade pelo teste *F*, respectivamente; ^a Quadrado médio do resíduo dividido por 8.

ANEXO AO – Quadrados médios e coeficientes de determinação (R^2) das análises de variância de regressão para as subpopulações autofecundadas (⊗) 1 a 10 e média, obtidas da população original BR-105, para os caracteres altura de planta (AP), altura de espiga (AE), florescimento masculino (FM), florescimento feminino (FF) e número de ramificações do pendão (NRP)

(continua)

Fonte de Variação	GL	Subpopulação 1				
		AP (cm pl ⁻¹)	AE (cm pl ⁻¹)	FM (dias)	FF (dias)	NRP (nº)
Regressão linear	1	70,25*	157,31**	0,60 ^{ns}	1,95*	3,51 ^{ns}
Desvios de regressão	4	24,21 ^{ns}	20,01 ^{ns}	1,52**	0,66 ^{ns}	6,50**
Resíduo ^a	216	17,64	12,23	0,21	0,37	0,93
R^2	---	0,42	0,66	0,09	0,43	0,12
Fonte de Variação	GL	Subpopulação 2				
		AP (cm pl ⁻¹)	AE (cm pl ⁻¹)	FM (dias)	FF (dias)	NRP (nº)
Regressão linear	1	123,56**	226,13**	0,41 ^{ns}	0,08 ^{ns}	3,94*
Desvios de regressão	4	9,42 ^{ns}	0,95 ^{ns}	0,12 ^{ns}	1,07*	4,08**
Resíduo ^a	216	17,64	12,23	0,21	0,37	0,93
R^2	---	0,77	0,98	0,47	0,02	0,19
Fonte de Variação	GL	Subpopulação 3				
		AP (cm pl ⁻¹)	AE (cm pl ⁻¹)	FM (dias)	FF (dias)	NRP (nº)
Regressão linear	1	15,91 ^{ns}	5,06 ^{ns}	0,17 ^{ns}	1,21 ^{ns}	3,26 ^{ns}
Desvios de regressão	4	29,41 ^{ns}	16,59 ^{ns}	2,18**	2,29**	0,28 ^{ns}
Resíduo ^a	216	17,64	12,23	0,21	0,37	0,93
R^2	---	0,12	0,07	0,02	0,12	0,75
Fonte de Variação	GL	Subpopulação 4				
		AP (cm pl ⁻¹)	AE (cm pl ⁻¹)	FM (dias)	FF (dias)	NRP (nº)
Regressão linear	1	20,09 ^{ns}	19,23 ^{ns}	0,17 ^{ns}	1,59*	6,65**
Desvios de regressão	4	6,77 ^{ns}	3,46 ^{ns}	0,39 ^{ns}	0,33 ^{ns}	2,16 ^{ns}
Resíduo ^a	216	17,64	12,23	0,21	0,37	0,93
R^2	---	0,43	0,58	0,10	0,55	0,43
Fonte de Variação	GL	Subpopulação 5				
		AP (cm pl ⁻¹)	AE (cm pl ⁻¹)	FM (dias)	FF (dias)	NRP (nº)
Regressão linear	1	141,79**	92,14**	0,32 ^{ns}	0,11 ^{ns}	10,34**
Desvios de regressão	4	22,29 ^{ns}	15,61 ^{ns}	0,11 ^{ns}	0,86 ^{ns}	1,54 ^{ns}
Resíduo ^a	216	17,64	12,23	0,21	0,37	0,93
R^2	---	0,61	0,60	0,43	0,03	0,63
Fonte de Variação	GL	Subpopulação 6				
		AP (cm pl ⁻¹)	AE (cm pl ⁻¹)	FM (dias)	FF (dias)	NRP (nº)
Regressão linear	1	37,16 ^{ns}	61,64*	1,89**	0,76 ^{ns}	2,55 ^{ns}
Desvios de regressão	4	32,92 ^{ns}	3,33 ^{ns}	0,14 ^{ns}	0,50 ^{ns}	1,82 ^{ns}
Resíduo ^a	216	17,64	12,23	0,21	0,37	0,93
R^2	---	0,22	0,82	0,77	0,28	0,26

ANEXO AO – Quadrados médios e coeficientes de determinação (R^2) das análises de variância de regressão para as subpopulações autofecundadas (⊗) 1 a 10 e média, obtidas da população original BR-105, para os caracteres altura de planta (AP), altura de espiga (AE), florescimento masculino (FM), florescimento feminino (FF) e número de ramificações do pendão (NRP)

(conclusão)

Fonte de Variação	GL	Subpopulação 7				
		AP (cm pl ⁻¹)	AE (cm pl ⁻¹)	FM (dias)	FF (dias)	NRP (n°)
Regressão linear	1	67,03 ^{ns}	71,63*	0,34 ^{ns}	0,18 ^{ns}	4,55*
Desvios de regressão	4	113,38**	37,73*	1,03*	0,69 ^{ns}	6,06**
Resíduo ^a	216	17,64	12,23	0,21	0,37	0,93
R^2	---	0,13	0,32	0,08	0,06	0,16
Fonte de Variação	GL	Subpopulação 8				
		AP (cm pl ⁻¹)	AE (cm pl ⁻¹)	FM (dias)	FF (dias)	NRP (n°)
Regressão linear	1	49,94 ^{ns}	50,89*	0,29 ^{ns}	2,12*	1,42 ^{ns}
Desvios de regressão	4	43,33*	29,55*	0,49 ^{ns}	0,10 ^{ns}	1,67 ^{ns}
Resíduo ^a	216	17,64	12,23	0,21	0,37	0,93
R^2	---	0,22	0,30	0,13	0,84	0,18
Fonte de Variação	GL	Subpopulação 9				
		AP (cm pl ⁻¹)	AE (cm pl ⁻¹)	FM (dias)	FF (dias)	NRP (n°)
Regressão linear	1	13,84 ^{ns}	4,73 ^{ns}	0,07 ^{ns}	2,17*	4,40*
Desvios de regressão	4	38,40 ^{ns}	77,26**	0,42 ^{ns}	1,35**	2,49*
Resíduo ^a	216	17,64	12,23	0,21	0,37	0,93
R^2	---	0,08	0,02	0,04	0,29	0,31
Fonte de Variação	GL	Subpopulação 10				
		AP (cm pl ⁻¹)	AE (cm pl ⁻¹)	FM (dias)	FF (dias)	NRP (n°)
Regressão linear	1	12,33 ^{ns}	27,27 ^{ns}	1,06*	0,03 ^{ns}	25,62**
Desvios de regressão	4	15,10 ^{ns}	18,41 ^{ns}	0,50 ^{ns}	0,75 ^{ns}	2,03 ^{ns}
Resíduo ^a	216	17,64	12,23	0,21	0,37	0,93
R^2	---	0,17	0,27	0,35	0,01	0,76
Fonte de Variação	GL	Média das 10 subpopulações				
		AP (cm pl ⁻¹)	AE (cm pl ⁻¹)	FM (dias)	FF (dias)	NRP (n°)
Regressão linear	1	19,43 ^{ns}	32,54 ^{ns}	0,04 ^{ns}	0,01 ^{ns}	3,38*
Desvios de regressão	4	1,77 ^{ns}	5,10 ^{ns}	0,20 ^{ns}	0,07 ^{ns}	0,13 ^{ns}
Resíduo ^a	216	17,64	12,23	0,21	0,37	0,93
R^2	---	0,73	0,61	0,05	0,02	0,87

^{ns}, * e ** não significativo, significativo a 5% e 1% de probabilidade pelo teste *F*, respectivamente; ^a Quadrado médio do resíduo dividido por 8.

ANEXO AP – Quadrados médios e coeficientes de determinação (R^2) das análises de variância de regressão para as subpopulações autofecundadas ($\otimes$) 1 a 10 e média, obtidas da população original BR-106, para os caracteres altura de planta (AP), altura de espiga (AE), florescimento masculino (FM), florescimento feminino (FF) e número de ramificações do pendão (NRP)

(continua)

Fonte de Variação	GL	Subpopulação 1				
		AP (cm pl ⁻¹)	AE (cm pl ⁻¹)	FM (dias)	FF (dias)	NRP (nº)
Regressão linear	1	118,14*	80,22**	8,27**	18,32**	8,65**
Desvios de regressão	4	29,53 ^{ns}	41,22**	1,22**	1,18*	2,91**
Resíduo ^a	216	19,22	11,41	0,32	0,39	0,79
R^2	---	0,50	0,33	0,63	0,79	0,43
Fonte de Variação	GL	Subpopulação 2				
		AP (cm pl ⁻¹)	AE (cm pl ⁻¹)	FM (dias)	FF (dias)	NRP (nº)
Regressão linear	1	53,70 ^{ns}	1,91 ^{ns}	0,69 ^{ns}	1,38 ^{ns}	1,06 ^{ns}
Desvios de regressão	4	48,52*	29,91*	2,86**	3,75**	4,24**
Resíduo ^a	216	19,22	11,41	0,32	0,39	0,79
R^2	---	0,22	0,02	0,06	0,08	0,06
Fonte de Variação	GL	Subpopulação 3				
		AP (cm pl ⁻¹)	AE (cm pl ⁻¹)	FM (dias)	FF (dias)	NRP (nº)
Regressão linear	1	465,11**	291,87**	0,42 ^{ns}	0,35 ^{ns}	18,35**
Desvios de regressão	4	31,14 ^{ns}	23,18 ^{ns}	0,51 ^{ns}	0,87 ^{ns}	2,16*
Resíduo ^a	216	19,22	11,41	0,32	0,39	0,79
R^2	---	0,79	0,76	0,17	0,09	0,68
Fonte de Variação	GL	Subpopulação 4				
		AP (cm pl ⁻¹)	AE (cm pl ⁻¹)	FM (dias)	FF (dias)	NRP (nº)
Regressão linear	1	18,71 ^{ns}	40,03 ^{ns}	6,80**	11,65**	2,23 ^{ns}
Desvios de regressão	4	6,06 ^{ns}	11,43 ^{ns}	1,38**	3,44**	6,19**
Resíduo ^a	216	19,22	11,41	0,32	0,39	0,79
R^2	---	0,44	0,47	0,55	0,46	0,08
Fonte de Variação	GL	Subpopulação 5				
		AP (cm pl ⁻¹)	AE (cm pl ⁻¹)	FM (dias)	FF (dias)	NRP (nº)
Regressão linear	1	0,66 ^{ns}	0,79 ^{ns}	3,03**	4,66**	13,96**
Desvios de regressão	4	32,31 ^{ns}	32,43*	0,14 ^{ns}	0,74 ^{ns}	1,35 ^{ns}
Resíduo ^a	216	19,22	11,41	0,32	0,39	0,79
R^2	---	0,01	0,01	0,84	0,61	0,72
Fonte de Variação	GL	Subpopulação 6				
		AP (cm pl ⁻¹)	AE (cm pl ⁻¹)	FM (dias)	FF (dias)	NRP (nº)
Regressão linear	1	0,38 ^{ns}	14,69 ^{ns}	7,68**	8,02**	6,25**
Desvios de regressão	4	36,70 ^{ns}	10,19 ^{ns}	2,21**	1,89**	0,96 ^{ns}
Resíduo ^a	216	19,22	11,41	0,32	0,39	0,79
R^2	---	0,00	0,26	0,47	0,51	0,62

ANEXO AP – Quadrados médios e coeficientes de determinação (R^2) das análises de variância de regressão para as subpopulações autofecundadas (⊗) 1 a 10 e média, obtidas da população original BR-106, para os caracteres altura de planta (AP), altura de espiga (AE), florescimento masculino (FM), florescimento feminino (FF) e número de ramificações do pendão (NRP)

(conclusão)

Fonte de Variação	GL	Subpopulação 7				
		AP (cm pl ⁻¹)	AE (cm pl ⁻¹)	FM (dias)	FF (dias)	NRP (n°)
Regressão linear	1	0,22 ^{ns}	5,12 ^{ns}	2,35**	6,34**	4,88*
Desvios de regressão	4	2,91 ^{ns}	5,35 ^{ns}	2,63**	3,29**	3,18**
Resíduo ^a	216	19,22	11,41	0,32	0,39	0,79
R^2	---	0,02	0,19	0,18	0,32	0,28
Fonte de Variação	GL	Subpopulação 8				
		AP (cm pl ⁻¹)	AE (cm pl ⁻¹)	FM (dias)	FF (dias)	NRP (n°)
Regressão linear	1	482,02**	194,51**	0,06 ^{ns}	0,05 ^{ns}	0,69 ^{ns}
Desvios de regressão	4	55,75*	37,70*	1,33**	2,62**	0,98 ^{ns}
Resíduo ^a	216	19,22	11,41	0,32	0,39	0,79
R^2	---	0,68	0,56	0,01	0,00	0,15
Fonte de Variação	GL	Subpopulação 9				
		AP (cm pl ⁻¹)	AE (cm pl ⁻¹)	FM (dias)	FF (dias)	NRP (n°)
Regressão linear	1	14,80 ^{ns}	76,52*	5,68**	12,70**	9,26**
Desvios de regressão	4	136,60**	42,68**	2,42**	5,02**	0,91 ^{ns}
Resíduo ^a	216	19,22	11,41	0,32	0,39	0,79
R^2	---	0,03	0,31	0,37	0,39	0,72
Fonte de Variação	GL	Subpopulação 10				
		AP (cm pl ⁻¹)	AE (cm pl ⁻¹)	FM (dias)	FF (dias)	NRP (n°)
Regressão linear	1	402,30**	242,59**	0,37 ^{ns}	0,53 ^{ns}	3,28*
Desvios de regressão	4	7,09 ^{ns}	8,70 ^{ns}	1,73**	1,50**	0,76 ^{ns}
Resíduo ^a	216	19,22	11,41	0,32	0,39	0,79
R^2	---	0,93	0,87	0,05	0,08	0,52
Fonte de Variação	GL	Média das 10 subpopulações				
		AP (cm pl ⁻¹)	AE (cm pl ⁻¹)	FM (dias)	FF (dias)	NRP (n°)
Regressão linear	1	67,20 ^{ns}	62,42*	2,09*	4,43**	2,51 ^{ns}
Desvios de regressão	4	11,11 ^{ns}	12,20 ^{ns}	0,61 ^{ns}	0,99*	0,32 ^{ns}
Resíduo ^a	216	19,22	11,41	0,32	0,39	0,79
R^2	---	0,60	0,56	0,46	0,53	0,66

^{ns}, * e ** não significativo, significativo a 5% e 1% de probabilidade pelo teste *F*, respectivamente; ^a Quadrado médio do resíduo dividido por 8.

ANEXO AQ – Quadrados médios e coeficientes de determinação (R^2) das análises de variância de regressão feitas em conjunto para as subpopulações 1 a 10 e média, nos dois níveis de endogamia, obtidas da população original BR-105, para os caracteres altura de planta (AP), altura de espiga (AE), florescimento masculino (FM), florescimento feminino (FF) e número de ramificações do pendão (NRP)

(continua)

Fonte de Variação	GL	Subpopulação 1				
		AP (cm pl ⁻¹)	AE (cm pl ⁻¹)	FM (dias)	FF (dias)	NRP (nº)
Regressão linear	1	1.011,82**	487,49**	19,28**	14,46**	46,89**
Desvios de regressão	10	30,56 ^{ns}	31,97**	1,28**	1,25**	3,56**
Resíduo ^a	216	20,56	12,96	0,25	0,38	1,20
R^2	---	0,77	0,60	0,60	0,54	0,57
Fonte de Variação	GL	Subpopulação 2				
		AP (cm pl ⁻¹)	AE (cm pl ⁻¹)	FM (dias)	FF (dias)	NRP (nº)
Regressão linear	1	935,11**	446,92**	21,94**	18,67**	39,86**
Desvios de regressão	10	16,96 ^{ns}	39,03**	0,88**	1,20**	5,34**
Resíduo ^a	216	20,56	12,96	0,25	0,38	1,20
R^2	---	0,85	0,53	0,71	0,61	0,43
Fonte de Variação	GL	Subpopulação 3				
		AP (cm pl ⁻¹)	AE (cm pl ⁻¹)	FM (dias)	FF (dias)	NRP (nº)
Regressão linear	1	1.069,94**	314,84**	12,30**	7,42**	49,28**
Desvios de regressão	10	87,36**	48,30**	1,42**	1,91**	0,74 ^{ns}
Resíduo ^a	216	20,56	12,96	0,25	0,38	1,20
R^2	---	0,55	0,39	0,46	0,28	0,87
Fonte de Variação	GL	Subpopulação 4				
		AP (cm pl ⁻¹)	AE (cm pl ⁻¹)	FM (dias)	FF (dias)	NRP (nº)
Regressão linear	1	817,65**	354,26**	19,82**	24,80**	9,25**
Desvios de regressão	10	55,88**	31,73**	0,33 ^{ns}	0,26 ^{ns}	2,76*
Resíduo ^a	216	20,56	12,96	0,25	0,38	1,20
R^2	---	0,59	0,53	0,86	0,90	0,25
Fonte de Variação	GL	Subpopulação 5				
		AP (cm pl ⁻¹)	AE (cm pl ⁻¹)	FM (dias)	FF (dias)	NRP (nº)
Regressão linear	1	1.551,03**	561,14**	17,87**	21,62**	30,22**
Desvios de regressão	10	43,72*	30,66*	0,37 ^{ns}	0,53 ^{ns}	2,58*
Resíduo ^a	216	20,56	12,96	0,25	0,38	1,20
R^2	---	0,78	0,65	0,83	0,80	0,54
Fonte de Variação	GL	Subpopulação 6				
		AP (cm pl ⁻¹)	AE (cm pl ⁻¹)	FM (dias)	FF (dias)	NRP (nº)
Regressão linear	1	1.547,09**	612,67**	9,82**	13,04**	24,42**
Desvios de regressão	10	45,75*	22,30 ^{ns}	1,27**	0,88*	1,94 ^{ns}
Resíduo ^a	216	20,56	12,96	0,25	0,38	1,20
R^2	---	0,77	0,73	0,44	0,60	0,56

ANEXO AQ – Quadrados médios e coeficientes de determinação (R^2) das análises de variância de regressão feitas em conjunto para as subpopulações 1 a 10 e média, nos dois níveis de endogamia, obtidas da população original BR-105, para os caracteres altura de planta (AP), altura de espiga (AE), florescimento masculino (FM), florescimento feminino (FF) e número de ramificações do pendão (NRP)

(conclusão)

Fonte de Variação	GL	Subpopulação 7				
		AP (cm pl ⁻¹)	AE (cm pl ⁻¹)	FM (dias)	FF (dias)	NRP (n°)
Regressão linear	1	1.291,23**	476,95**	20,45**	17,61**	16,19**
Desvios de regressão	10	102,21**	60,75**	1,02**	0,67 ^{ns}	6,39**
Resíduo ^a	216	20,56	12,96	0,25	0,38	1,20
R^2	---	0,56	0,44	0,67	0,72	0,20
Fonte de Variação	GL	Subpopulação 8				
		AP (cm pl ⁻¹)	AE (cm pl ⁻¹)	FM (dias)	FF (dias)	NRP (n°)
Regressão linear	1	657,41**	257,94**	23,06**	30,53**	17,37**
Desvios de regressão	10	31,07 ^{ns}	42,94**	0,50*	0,24 ^{ns}	1,02 ^{ns}
Resíduo ^a	216	20,56	12,96	0,25	0,38	1,20
R^2	---	0,68	0,38	0,82	0,93	0,63
Fonte de Variação	GL	Subpopulação 9				
		AP (cm pl ⁻¹)	AE (cm pl ⁻¹)	FM (dias)	FF (dias)	NRP (n°)
Regressão linear	1	493,59**	86,78*	26,90**	27,75**	21,76**
Desvios de regressão	10	50,52**	66,13**	0,50*	1,00**	1,59 ^{ns}
Resíduo ^a	216	20,56	12,96	0,25	0,38	1,20
R^2	---	0,49	0,12	0,84	0,74	0,58
Fonte de Variação	GL	Subpopulação 10				
		AP (cm pl ⁻¹)	AE (cm pl ⁻¹)	FM (dias)	FF (dias)	NRP (n°)
Regressão linear	1	1.157,47**	301,24**	26,96**	19,72**	29,38**
Desvios de regressão	10	37,75 ^{ns}	28,25*	0,73**	1,40**	6,63**
Resíduo ^a	216	20,56	12,96	0,25	0,38	1,20
R^2	---	0,75	0,52	0,79	0,59	0,31
Fonte de Variação	GL	Média das 10 subpopulações				
		AP (cm pl ⁻¹)	AE (cm pl ⁻¹)	FM (dias)	FF (dias)	NRP (n°)
Regressão linear	1	1.025,56**	371,80**	19,43**	18,92**	27,00**
Desvios de regressão	10	4,59 ^{ns}	5,52 ^{ns}	0,28 ^{ns}	0,15 ^{ns}	0,40 ^{ns}
Resíduo ^a	216	20,56	12,96	0,25	0,38	1,20
R^2	---	0,96	0,87	0,88	0,92	0,87

^{ns}, * e ** não significativo, significativo a 5% e 1% de probabilidade pelo teste *F*, respectivamente; ^a Quadrado médio do resíduo dividido por 8.

ANEXO AR – Quadrados médios e coeficientes de determinação (R^2) das análises de variância de regressão feitas em conjunto para as subpopulações 1 a 10 e média, nos dois níveis de endogamia, obtidas da população original BR-106, para os caracteres altura de planta (AP), altura de espiga (AE), florescimento masculino (FM), florescimento feminino (FF) e número de ramificações do pendão (NRP)

(continua)

Fonte de Variação	GL	Subpopulação 1				
		AP (cm pl ⁻¹)	AE (cm pl ⁻¹)	FM (dias)	FF (dias)	NRP (nº)
Regressão linear	1	1.624,95**	629,04**	6,47**	3,91**	19,25**
Desvios de regressão	10	34,54 ^{ns}	33,00*	3,88**	5,67**	4,39**
Resíduo ^a	216	26,78	14,58	0,37	0,41	0,95
R^2	---	0,82	0,66	0,14	0,06	0,30
Fonte de Variação	GL	Subpopulação 2				
		AP (cm pl ⁻¹)	AE (cm pl ⁻¹)	FM (dias)	FF (dias)	NRP (nº)
Regressão linear	1	1.222,82**	309,71**	25,99**	24,58**	0,33 ^{ns}
Desvios de regressão	10	44,35 ^{ns}	37,39**	2,12**	3,21**	3,41**
Resíduo ^a	216	26,78	14,58	0,37	0,41	0,95
R^2	---	0,73	0,45	0,55	0,43	0,01
Fonte de Variação	GL	Subpopulação 3				
		AP (cm pl ⁻¹)	AE (cm pl ⁻¹)	FM (dias)	FF (dias)	NRP (nº)
Regressão linear	1	1.826,11**	1.036,40**	25,85**	16,78**	15,68**
Desvios de regressão	10	82,60**	36,12**	0,58 ^{ns}	1,24**	3,58**
Resíduo ^a	216	26,78	14,58	0,37	0,41	0,95
R^2	---	0,69	0,74	0,82	0,57	0,30
Fonte de Variação	GL	Subpopulação 4				
		AP (cm pl ⁻¹)	AE (cm pl ⁻¹)	FM (dias)	FF (dias)	NRP (nº)
Regressão linear	1	1.074,83**	612,63**	6,42**	7,49**	3,46 ^{ns}
Desvios de regressão	10	28,98 ^{ns}	34,28*	3,56**	5,73**	4,61**
Resíduo ^a	216	26,78	14,58	0,37	0,41	0,95
R^2	---	0,79	0,64	0,15	0,12	0,07
Fonte de Variação	GL	Subpopulação 5				
		AP (cm pl ⁻¹)	AE (cm pl ⁻¹)	FM (dias)	FF (dias)	NRP (nº)
Regressão linear	1	925,36**	361,50**	9,98**	9,07**	14,45**
Desvios de regressão	10	58,77*	31,71*	1,36**	2,24**	2,96**
Resíduo ^a	216	26,78	14,58	0,37	0,41	0,95
R^2	---	0,61	0,53	0,42	0,29	0,33
Fonte de Variação	GL	Subpopulação 6				
		AP (cm pl ⁻¹)	AE (cm pl ⁻¹)	FM (dias)	FF (dias)	NRP (nº)
Regressão linear	1	871,22**	421,85**	10,35**	11,16**	5,02*
Desvios de regressão	10	28,78 ^{ns}	7,88 ^{ns}	3,49**	3,17**	1,86*
Resíduo ^a	216	26,78	14,58	0,37	0,41	0,95
R^2	---	0,75	0,84	0,23	0,26	0,21

ANEXO AR – Quadrados médios e coeficientes de determinação (R^2) das análises de variância de regressão feitas em conjunto para as subpopulações 1 a 10 e média, nos dois níveis de endogamia, obtidas da população original BR-106, para os caracteres altura de planta (AP), altura de espiga (AE), florescimento masculino (FM), florescimento feminino (FF) e número de ramificações do pendão (NRP)

(conclusão)

Fonte de Variação	GL	Subpopulação 7				
		AP (cm pl ⁻¹)	AE (cm pl ⁻¹)	FM (dias)	FF (dias)	NRP (n°)
Regressão linear	1	1.064,59**	403,35**	12,80**	10,59**	0,76 ^{ns}
Desvios de regressão	10	44,19 ^{ns}	15,10 ^{ns}	3,90**	5,24**	3,51**
Resíduo ^a	216	26,78	14,58	0,37	0,41	0,95
R^2	---	0,71	0,73	0,25	0,17	0,02
Fonte de Variação	GL	Subpopulação 8				
		AP (cm pl ⁻¹)	AE (cm pl ⁻¹)	FM (dias)	FF (dias)	NRP (n°)
Regressão linear	1	1.999,76**	688,23**	26,29**	27,18**	1,52 ^{ns}
Desvios de regressão	10	56,25*	32,29*	1,71**	2,49**	0,53 ^{ns}
Resíduo ^a	216	26,78	14,58	0,37	0,41	0,95
R^2	---	0,78	0,68	0,61	0,52	0,22
Fonte de Variação	GL	Subpopulação 9				
		AP (cm pl ⁻¹)	AE (cm pl ⁻¹)	FM (dias)	FF (dias)	NRP (n°)
Regressão linear	1	764,00**	510,24**	6,86**	7,61**	15,24**
Desvios de regressão	10	148,67**	42,36**	3,69**	5,46**	1,91*
Resíduo ^a	216	26,78	14,58	0,37	0,41	0,95
R^2	---	0,34	0,55	0,16	0,12	0,44
Fonte de Variação	GL	Subpopulação 10				
		AP (cm pl ⁻¹)	AE (cm pl ⁻¹)	FM (dias)	FF (dias)	NRP (n°)
Regressão linear	1	2.160,51**	794,97**	19,17**	16,91**	0,60 ^{ns}
Desvios de regressão	10	31,30 ^{ns}	20,05 ^{ns}	2,21**	2,22**	1,76 ^{ns}
Resíduo ^a	216	26,78	14,58	0,37	0,41	0,95
R^2	---	0,87	0,80	0,47	0,43	0,03
Fonte de Variação	GL	Média das 10 subpopulações				
		AP (cm pl ⁻¹)	AE (cm pl ⁻¹)	FM (dias)	FF (dias)	NRP (n°)
Regressão linear	1	1.312,09**	558,39**	13,93**	12,57**	5,58*
Desvios de regressão	10	8,74 ^{ns}	9,72 ^{ns}	1,73**	2,50**	0,61 ^{ns}
Resíduo ^a	216	26,78	14,58	0,37	0,41	0,95
R^2	---	0,94	0,85	0,45	0,33	0,48

^{ns}, * e ** não significativo, significativo a 5% e 1% de probabilidade pelo teste *F*, respectivamente; ^a Quadrado médio do resíduo dividido por 8.