

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

**Uso da seleção genômica e fenotípica em linhagens para a predição de
testecrosses em milho**

Gustavo Vitti Môro

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

**Piracicaba
2011**

Gustavo Vitti Mõro
Engenheiro Agrõnomo

Uso da seleçõ genõmica e fenotõpica em linhagens para a prediçõ de testecrosses em milho

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

**Tese apresentada para obtençõ do tõtulo de Doutor em
Ciências. Área de concentraçõ: Genética e
Melhoramento de Plantas**

Piracicaba
2011

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

Môro, Gustavo Vitti

Uso da seleção genômica e fenotípica em linhagens para a predição de testecrosses em milho / Gustavo Vitti Môro. - - Piracicaba, 2011.
116 p. : il.

Tese (Doutorado) - - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", 2011.

1. Correlação genética e ambiental 2. Linhagens vegetais 3. Mapeamento genético
4. Marcador molecular 5. Melhoramento genético vegetal 6. Milho 7. Seleção genética
Título

CDD 633.15
M867u

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

*Aos meus pais, José Roberto e Fabíola, pelo exemplo de luta e dedicação,
pelos princípios e ensinamentos.*

*Aos meus avós, Lino, Dora, Romeu e Antônia,
pela maravilhosa convivência*

À Roberta, pelo amor, carinho, paciência e compreensão

Dedico

AGRADECIMENTOS

À Deus.

À todos os meus familiares pelo constante apoio, incentivo e ensinamentos, em especial aos meus pais José Roberto Môro e Fabíola Vitti Môro, meus irmãos Giovanni Vitti Môro e Juliana Vitti Môro, meus avós Antônia Môro, Romeu Môro, Dorairthes Vitti e Lino Vitti, e à Roberta Salazar, pelo exemplo de ser humano que essas pessoas são e pela gigantesca contribuição na minha formação como homem.

Ao CNPq pelo apoio financeiro e pela concessão da bolsa de estudos para a realização desse projeto.

À “Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz” pela formação acadêmica e, em especial, ao “Departamento de Genética” dessa Escola, pelo acolhimento e suporte acadêmico.

Ao Prof. Dr. Cláudio Lopes de Souza Jr. pela orientação dedicada ao longo desses 8 anos de convívio, pelos ensinamentos, amizade, paciência e pela dedicação aos seus orientados e à pesquisa e melhoramento de milho.

À todos os professores e funcionários do Departamento de Genética pelos ensinamentos e amizades conquistadas ao longo da convivência.

À todos os estudantes do Departamento de Genética, de Graduação e Pós-Graduação, pela amizade e pelos ensinamentos compartilhados.

Aos funcionários e colegas de convívio do laboratório de Melhoramento de Milho II: Ariberto, Almir, Juscelino, Márcio, Décio, Diego, Dyeme, Bira, Tassiano, Luciana Garcia, Geovani, Mateus, Pedro Belicuas, Sidney, Sanzio, Emiliano, Vitor Hugo, Roberto, “Passatempo”, Pedro Garcia, Ruben, Alexandre, Luciana e Antônio, pelo companheirismo e amizade.

À todos os amigos que convivi durante minha jornada nessa escola e nessa cidade.

À todos que não foram mencionados, mas que de forma direta ou indireta contribuíram para a concretização desse trabalho.

Muito obrigado, vocês são parte disso.

SUMÁRIO

RESUMO.....	9
ABSTRACT.....	11
1 INTRODUÇÃO.....	13
Referências.....	17
2 USO DA SELEÇÃO GENÔMICA E FENOTÍPICA EM LINHAGENS PARA A PREDIÇÃO DE TESTECROSSES EM MILHO I: PRODUÇÃO DE GRÃOS E CARACTERES DA PLANTA.....	23
Resumo.....	23
Abstract.....	24
2.1 Introdução.....	24
2.2 Desenvolvimento.....	26
2.2.1 Material e Métodos.....	26
2.2.1.1 Material genético.....	26
2.2.1.2 Procedimento experimental.....	27
2.2.1.3 Análises de variância e covariância.....	27
2.2.1.4 Mapa genético.....	29
2.2.1.5 Mapeamento de QTL.....	29
2.2.1.6 Congruência dos QTL mapeados nas linhagens e nos testecrosses.....	31
2.2.1.7 Obtenção das médias preditas das linhagens.....	32
2.2.1.8 Correlações e coincidências de testecrosses superiores selecionados.....	33
2.2.2 Resultados e Discussão.....	33
2.2.2.1 Análises de variância e covariância.....	33
2.2.2.2 Mapeamento de QTL e congruência dos QTL mapeados.....	38
2.2.2.3 Correlações entre as médias das linhagens e dos testecrosses e coincidência de testecrosses superiores selecionados.....	41
2.3 Considerações Finais e Implicações para o Melhoramento.....	46
Referências.....	47

3 USO DA SELEÇÃO GENÔMICA E FENOTÍPICA EM LINHAGENS PARA A PREDIÇÃO DE TESTECROSSES EM MILHO II: PRODUÇÃO DE GRÃOS E SEUS COMPONENTES.....	53
Resumo.....	53
Abstract.....	54
3.1 Introdução.....	54
3.2 Desenvolvimento.....	57
3.2.1 Material e Métodos.....	57
3.2.1.1 Material genético.....	57
3.2.1.2 Procedimento experimental.....	57
3.2.1.3 Análises de variância e covariância.....	58
3.2.1.4 Mapa genético.....	59
3.2.1.5 Mapeamento de QTL.....	60
3.2.1.6 Congruência dos QTL mapeados nas linhagens e nos testecrosses.....	62
3.2.1.7 Obtenção das médias preditas das linhagens.....	62
3.2.1.8 Correlações e coincidências de testecrosses superiores selecionados.....	64
3.2.2 Resultados e Discussão.....	64
3.2.2.1 Análises de variância e covariância.....	64
3.2.2.2 Mapeamento de QTL e congruência dos QTL mapeados.....	68
3.2.2.3 Correlações entre as médias das linhagens e dos testecrosses e coincidência de testecrosses superiores selecionados.....	70
3.3 Considerações Finais e Implicações para o Melhoramento.....	74
Referências.....	76
APÊNDICES.....	81

RESUMO

Uso da seleção genômica e fenotípica em linhagens para predição de testecrosses em milho

Há tempos os melhoristas tentam prever as performances de híbridos a partir de informações das suas linhagens parentais. A aplicação mais promissora dos marcadores moleculares no melhoramento de plantas é sua utilização na seleção. A produção de grãos é o caráter de maior interesse para os melhoristas e caracteriza-se por ser controlado por grande número de locos, sofrendo acentuado efeito ambiental. Ela é função direta dos seus componentes e, como esses caracteres são correlacionados com a produção, eles podem ser utilizados na seleção indireta para aumentar a produção. Os objetivos desse estudo foram: estimar coeficientes de correlação entre linhagens S_1 de milho e seus testecrosses; mapear QTL e verificar a congruência destes nas linhagens e nos testecrosses; obter médias preditas das linhagens com base em informações de marcadores moleculares; e verificar a possibilidade de selecionar testecrosses com base nas médias preditas das linhagens, para diversos caracteres. Foram avaliadas 256 linhagens S_1 e 512 testecrosses dessas linhagens com dois testadores, em experimentos em látices simples 16x16 em seis ambientes. Foram avaliados os caracteres produção de grãos, acamamento e quebramento, florescimento masculino e feminino, intervalo entre florescimentos, altura da planta e da espiga, posição relativa da espiga, e os componentes da produção nas linhagens. Para o mapeamento de QTL nas linhagens e nos testecrosses foi utilizado um mapa genético com 177 marcadores microssatélites e o modelo de mapeamento por intervalo composto expandido para múltiplos ambientes. Além das médias fenotípicas das duas gerações, foram obtidas médias preditas das linhagens com base nos efeitos dos QTL e também com base em todos os marcadores do genoma. Os coeficientes de correlação entre as médias fenotípicas das linhagens e dos testecrosses variaram de reduzidos para produção de grãos até moderados para os caracteres de ciclo e estatura. Considerando os componentes da produção das linhagens e a produção dos testecrosses, a maioria das correlações não foram significativas e, quando foram, as magnitudes destas foram baixas. A congruência de QTL detectados nas linhagens e nos testecrosses foi pequena para todos os caracteres considerados. As correlações entre as médias preditas das linhagens e as médias fenotípicas dos testecrosses apresentaram resultados semelhantes àqueles obtidos considerando as médias fenotípicas das linhagens. As maiores coincidências de linhagens S_1 e testecrosses superiores selecionados foram observadas para os caracteres de ciclo e estatura e, as menores, ocorreram para produção de grãos e seus componentes. Portanto, mesmo utilizando-se informações de marcadores moleculares, só é possível prever a performance de testecrosses a partir de informações das linhagens para os caracteres menos complexos e com reduzido efeito de dominância, além de não ser possível praticar seleção indireta para a produção dos testecrosses baseada nos componentes das linhagens. Nestes casos, as informações dos marcadores devem ser obtidas diretamente nos testecrosses. Mesmo utilizando informações de marcadores, a seleção pode ser iniciada durante a obtenção das linhagens para alguns caracteres mas, para outros, a seleção deve ser realizada pela avaliação das linhagens em cruzamentos.

Palavras-chave: Milho; Linhagem; Testecrosses; Correlação; QTL; Seleção assistida por marcadores moleculares

ABSTRACT

Use of genomic and phenotypic selection in lines to predict maize testcrosses

For a long time breeders have been trying to predict the performance of hybrids based on the performance from their parental lines. The most promising application of molecular markers in plant breeding is their use in selection. Grain yield is the most important trait to breeders and it is controlled by a large number of loci undergoing accentuated environmental effect. It is a direct function of its components and as these traits are correlated with yield, they can be used for indirect selection to increase grain yield. The objectives of this research were to estimate correlations between S_1 maize lines and their testcrosses; map QTL and verify its congruence in lines and testcrosses; predict means of the lines by using information from molecular markers; and verify the possibility to select testcrosses from the predict means of the lines for several traits. Two-hundred and fifty six S_1 lines and five-hundred and twelve testcrosses of these lines with two testers were evaluated in simple lattice 16x16 design in six environments. The traits analyzed were grain yield, plant lodging, days to anthesis, days to silking, anthesis-silking interval, plant and ear height, ear placement, and the yield components in the lines. A genetic map with 177 microsatellite markers and the multiple-environmental composite interval mapping model were used to map QTL in the lines and in their testcrosses. In addition to the phenotypic means of the two generations, the predicted means of the lines based on QTL effects and based in all markers were obtained. The correlation coefficients between the phenotypic means of the lines and of the testcrosses ranged from low to grain yield to moderate for cycle and stature traits. Considering the grain yield components of the lines and yield of the testcrosses, most of the correlations were not significant and, when they were, their magnitudes were low. The congruence of QTL detected in the lines and testcrosses were small for all traits. The correlations between the predict means of the lines and the phenotypic means of the testcrosses showed similar results with those obtained by the lines phenotypic means. The highest coincidences of selected superior S_1 lines and testcrosses were observed for cycle and stature traits and the lowest for grain yield and its components. Therefore, even by using molecular markers information, it is only possible to predict the testcrosses performance from the lines information to less complex traits and with small dominance effects, as well as not being possible to carry out indirect selection to testcrosses yield based on the components of the lines. For these cases, the markers information must be obtained directly from the testcrosses. Even by using markers information, selection may be initiated during lines development for some traits, but to others, the selection must be made by evaluation of the lines in crosses.

Keywords: Maize; Lines; Testcrosses; Correlation; QTL; Marker assisted selection

1 INTRODUÇÃO

A cultura do milho apresenta posição de destaque dentre as atividades agrícolas mundiais, sendo uma das mais importantes também no Brasil, que é o 3º maior produtor desse grão, ficando atrás apenas dos Estados Unidos e China (GARCIA et al., 2006). A cultura do milho no Brasil ocupa o segundo lugar em área e produção, sendo superada apenas pela soja (IBGE, 2009) e vêm aumentando significativamente nos últimos anos, sendo que a produção total passou de 24 para 42 milhões de toneladas nos últimos 15 anos (COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO - CONAB, 2008). Grande parte desse aumento se deve ao intenso melhoramento genético dedicado a essa cultura, o que pode ser verificado pelo aumento da produtividade média no país que subiu de 1800 Kg ha⁻¹ para 3000 Kg ha⁻¹ nesse período (CONAB, 2008).

O sistema de endogamia-hibridação, idealizado por Shull (1908, 1909, 1910), East (1908, 1909) e Jones (1918), ainda permanece como o esquema de melhoramento mais importante para a produção comercial de sementes de milho. Nesses estudos, os pesquisadores observaram os efeitos da heterose e também que, por meio da técnica de extração de linhagens endogâmicas via autofecundações sucessivas e o cruzamento dessas linhagens, era possível selecionar os melhores genótipos e reproduzi-los indefinidamente. Apesar da importância dos resultados apresentados pelos autores, a introdução do milho híbrido só ocorreu por volta da década de 1920, mas representou um dos maiores impulsos à agricultura moderna pois, embora as técnicas e condições de cultivo tenham melhorado significativamente, ocorreu grande aumento na produtividade da cultura (PATERNIANI, 1993).

No melhoramento de híbridos de milho, linhagens endogâmicas são produzidas e selecionadas tanto por suas performances *per se* como pelo desempenho de seus híbridos, sendo que a seleção de linhagens superiores é baseada na sua capacidade geral e específica de combinação. Geralmente essas linhagens são avaliadas em testecrosses, utilizando-se para tanto uma linhagem endogâmica como testadora, oriunda de germoplasma distinto daquele do qual as linhagens, que serão avaliadas, foram obtidas. Como o cruzamento das linhagens com o testador e a condução de experimentos para avaliação das progênies de testecrosses apresentam custo elevado, além de requerer grande quantidade de tempo e recursos humanos, informações das linhagens que possam ser indicativas da performance de seus testecrosses são desejáveis

(MIHALJEVIC et al., 2005). Relações de produtividade e de outros caracteres de importância agrônômica em linhagens e esses mesmos caracteres nos híbridos, têm sido estudados desde o início dos programas de melhoramento de híbridos até os dias atuais (HALLAUER; MIRANDA FILHO, 1988; MIHALJEVIC et al., 2005). Dessa maneira, o entendimento de como a expressão de caracteres em linhagens é transmitida aos seus híbridos é de grande interesse para os melhoristas de plantas.

Estimativas experimentais de correlação genética entre linhagens *per se* e a performance de seus híbridos variam consideravelmente para diferentes culturas, caracteres e geração de endogamia. Em milho, para caracteres que apresentam reduzido efeito de dominância e alta herdabilidade, como teor de umidade nos grãos, comprimento de espigas ou dias para o florescimento, as estimativas de correlação genética são de medianas a elevadas. No entanto, as estimativas são reduzidas para caracteres que apresentam efeito pronunciado de dominância e/ou para caracteres mais complexos, como produção de grãos (HALLAUER; MIRANDA FILHO, 1988). Desse modo, a seleção das linhagens por meio das suas performances *per se* pode ser eficiente para aqueles caracteres que apresentam elevada herdabilidade e pequeno efeito heterótico, mas não para os caracteres mais complexos, de menor herdabilidade e que apresentam acentuada heterose, os quais, geralmente, são de grande interesse no melhoramento. Para esses caracteres, recomenda-se a seleção das linhagens por meio da avaliação dos seus cruzamentos em testecrosses.

A produção de grãos em milho é o principal caráter de interesse, tanto para os melhoristas como para os agricultores. Sua principal característica é que trata-se de um caráter quantitativo, controlado por um grande número de locos (JUGENHEIMER, 1976; PATERNIANI, 1993), que possuem pequeno efeito individual sobre o fenótipo (GELDERMANN, 1975; COMSTOCK, 1978), fazendo com que sua expressão sofra acentuado efeito do ambiente. Na literatura existem diversos estudos mostrando que a produção de grãos apresenta estimativas baixas de coeficiente de herdabilidade e, também, que existem muitos caracteres no milho que são correlacionados. Dessa forma, uma alternativa para se contornar a dificuldade de aumento da produção de grãos utilizando a seleção direta é a utilização da seleção indireta, realizada com base em caracteres que sejam altamente correlacionados com a produção de grãos, possuam magnitudes mais elevadas de coeficientes de herdabilidade e sejam de avaliação mais fácil que a produção de grãos *per se* (FALCONER; MACKAY, 1996).

Em milho a produção de grãos é função direta dos seus componentes (JUGENHEIMER, 1976), que são a prolificidade ou número de espigas por planta, peso médio do grão, número de fileiras de grãos na espiga, número de grãos por fileira, comprimento da espiga, diâmetro da espiga e profundidade de grão. Como esses caracteres são menos complexos que a própria produção, apresentando geralmente maiores coeficientes de herdabilidade e sofrendo menor efeito do ambiente, além de serem altamente correlacionados com a produção, eles podem ser utilizados para se praticar seleção indireta para produção de grãos, resultando em maior resposta à seleção do que a seleção praticada diretamente para a produção (HALLAUER; MIRANDA FILHO, 1988; ARIAS; SOUZA JÚNIOR; TAKEDA, 1999; ALVES; RAMALHO; SOUZA, 2002; AGUIAR, 2003; BENTO, 2006; BELICUAS, 2009).

Antes do advento dos marcadores moleculares, os caracteres quantitativos eram estudados, principalmente, utilizando-se modelos genético-estatísticos, que consideravam os efeitos médios de todos os locos afetando os caracteres. O desenvolvimento de marcadores genéticos cada vez mais informativos, culminando com o aparecimento dos marcadores moleculares, possibilitou enorme avanço no estudo desses caracteres (FERREIRA; GRATTAPAGLIA, 1998). Os marcadores moleculares aproveitam o polimorfismo da própria molécula de DNA, ocorrendo, portanto, em número suficiente para que seja possível a marcação de qualquer alelo presente em uma dada espécie (RAMALHO; SANTOS; PINTO, 2000). Com isso, foi possível a elaboração de mapas genéticos que apresentam grande número desses marcadores, etapa fundamental para o início dos trabalhos de mapeamento de QTL, ou seja, o mapeamento de regiões contendo locos que controlam caracteres quantitativos, permitindo obter estimativas de efeito e posição para cada um dos locos que afetam esses caracteres.

Dessa forma, a realização de mapeamento de QTL em linhagens e nos seus híbridos pode fornecer informações importantes, que podem ser úteis para o melhor entendimento da herança dos caracteres de natureza quantitativa, bem como da correlação entre a expressão de caracteres nas linhagens e nos híbridos produzidos a partir delas. Essas informações também podem ser utilizadas na escolha de linhagens parentais para a obtenção de híbridos, o que pode diminuir significativamente a quantidade de cruzamentos a serem avaliados, tornando esse processo mais rápido e barato. Assim como uma alta correlação entre as linhagens e os seus híbridos é desejável, uma alta congruência de QTL identificados em linhagens e nos híbridos dessas linhagens, também o é.

Algumas pesquisas vêm sendo realizadas com o intuito de comparar QTL mapeados em linhagens e nos seus respectivos híbridos ou testecrosses e, com isso, entender a relação molecular entre essas duas gerações, para um grande número de caracteres, utilizando diferentes estratégias e tipos de populações (GUFFY; STUBER; HELENTJARIS, 1988; MELCHINGER et al., 1993; BEAVIS et al., 1994; SCHON et al., 1994; AUSTIN; LEE, 1996; GROH et al., 1998; MIHALJEVIC et al., 2005; PRESTERL et al., 2007). É esperado que, para aqueles caracteres que apresentam alta correlação entre linhagens e híbridos, exista também um maior número de QTL congruentes entre essas gerações. No entanto, esses trabalhos mostram que, mesmo para caracteres que apresentam alta correlação entre as linhagens e os cruzamentos dessas linhagens, o número de QTL coincidentes apresenta grande variação, dependendo principalmente do tipo de população experimental, do caráter estudado, do tamanho da amostra populacional considerado e do número de marcadores moleculares utilizado. Todos os trabalhos encontrados referem-se a germoplasma de milho temperado, inexistindo resultados utilizando germoplasma de milho tropical. Outro ponto que deve ser destacado é que, senão todos, pelo menos para a maioria dos trabalhos existentes, as populações parentais e a descendência foram avaliadas em ambientes diferentes (geralmente na mesma área, mas em anos agrícolas diferentes) e, por essa razão, a baixa congruência de QTL pode ser devida à ocorrência de interação QTL por ambiente.

Inicialmente, os trabalhos de mapeamento de QTL foram realizados para estudos de herança de caracteres de importância agrônômica/econômica. Uma outra aplicação desses estudos é o entendimento de fenômenos genéticos, como por exemplo as correlações entre caracteres. A aplicação mais promissora dos QTL, no entanto, é a utilização dessas informações para realização de seleção, o que é conhecido como seleção assistida por marcadores moleculares (SAM). A SAM pode aumentar a eficiência de programas de melhoramento, pois genótipos contendo alelos favoráveis para o caráter podem ser identificados antes do florescimento, diminuindo o tempo de cada ciclo de seleção. Os QTL com alelos favoráveis podem ser identificados em linhagens não elites ou em germoplasma exótico, para serem utilizados nos programas de melhoramento, transferindo-se QTL para as linhagens elites por meio de retrocruzamentos assistidos por marcadores (STUBER; SISCO, 1992; HOSPITAL et al., 1997; BOUCHEZ et al., 2002). Para caracteres correlacionados negativamente, a partir dos estudos de mapeamento de QTL é possível identificar QTL sem ou com reduzido efeito pleiotrópico, aumentando-se ou diminuindo-se simultaneamente esses caracteres (BERKE; ROCHEFORD, 1995).

Uma nova abordagem para utilização de marcadores moleculares para seleção assistida, conhecida como Genome-Wide Selection ou Seleção Genômica (SG), foi proposta por Meuwissen, Hayes e Goddard (2001). Devido ao desenvolvimento de marcadores cada vez mais abundantes no genoma e a custos cada vez menores, essa metodologia tornou-se muito atrativa, sendo utilizada por muitos pesquisadores no melhoramento animal. Na SG, consideram-se informações de todos os marcadores do genoma e não apenas aqueles associados ao caráter por meio da análise de QTL, eliminando-se a etapa de construção de mapa genético e mapeamento de QTL, o que torna o processo mais rápido e barato. Apesar dos excelentes resultados obtidos na área de melhoramento animal (KOLBEHDARI; SCHAEFFER; ROBINSON, 2007; GODDARD; HAYES, 2007; LONG et al., 2007; LEGARRA; MISZTAL, 2008), essa técnica ainda não tem sido utilizada na área de melhoramento vegetal, sendo a quase totalidade dos trabalhos existentes resultantes de estudos de simulação (BERNARDO; YU, 2007; BERNARDO, 2008; LIU et al., 2008; RESENDE et al., 2008; BERNARDO, 2009; HEFFNER; SORRELS; JANNINK, 2009).

A realização de estudos de mapeamento de QTL em linhagens e nos seus testecrosses, quando as duas gerações são avaliadas no mesmo ambiente, pode ser uma ferramenta de grande utilidade, gerando informações para um melhor entendimento de como caracteres de interesse agrônomico são expressos nas linhagens e nos testecrosses, além de auxiliar o entendimento da base genética das correlações dos caracteres entre essas duas gerações em nível molecular. Além disso, essas informações podem ser utilizadas para selecionar testecrosses superiores com base em informações moleculares de linhagens por meio da seleção assistida por marcadores moleculares. Com isso, o presente estudo teve como objetivos: (i) estudar as correlações e as congruências de QTL mapeados em linhagens S_1 e nos seus testecrosses; (ii) verificar a possibilidade de utilizar informações de marcadores moleculares das linhagens para inferir sobre a performance de testecrosses obtidos a partir destas e (iii) realizar seleção de testecrosses baseando-se nas informações moleculares das linhagens.

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. 127 p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", Universidade de São Paulo, Piracicaba, 2003.

ALVES, G.F.; RAMALHO, M.A.P.; SOUZA, J.C. Alterações nas propriedades genéticas da população CMS-39 submetida à seleção massal para a prolificidade. **Revista Brasileira de Milho e Sorgo**, Sete Lagoas, v. 1, n. 3, p. 89-101, 2002.

ARIAS, C.A.A.; SOUZA JÚNIOR, C.L. de; TAKEDA, C. Path coefficient analyses of ear weight in different types of progeny in maize. **Maydica**, Bergamo, v. 44, n. 3, p. 251-262, 1999.

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

BEAVIS, W.D.; SMITH, O.S.; GRANT, D.; FINCHER, R.R. Identification of quantitative trait loci using a small sample of topcrossed and F4 progeny from maize. **Crop Science**, Madison, v. 34, n. 4, p. 882-896, July/Aug. 1994.

BELICUAS, P.R. **Estudo da herança dos caracteres stay-green, produção e seus componentes em milho utilizando o delineamento III e mapeamento de QTL**. 2009. 98 p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 2009.

BENTO, D.A.V. **Mapeamento de QTLs para produção de grãos e seus componentes em uma população de milho tropical**. 2006. 133 p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 2006.

BERKE, T.G.; ROCHEFORD, T.R. Quantitative trait loci for flowering, plant and ear height, and kernel traits in maize. **Crop Science**, Madison, v. 35, p. 1542-1549, 1995.

BERNARDO, R. Molecular markers and selection for complex traits in plants: learning from the last 20 years. **Crop Science**, Madison, v. 48, p. 1649-1664, 2008.

_____. Genomewide selection for rapid introgression of exotic germplasm in Maize. **Crop Science**, Madison, v. 49, p. 419-425, 2009.

BERNARDO, R.; YU, J. Prospects for genome wide selection for quantitative traits in maize. **Crop Science**, Madison, v. 47, p. 1082-1090, 2007.

BOUCHEZ, A.; HOSPITAL, F; CAUSSE, M; GALLAIS, A.; CHARCOSSET, A. Marker-assisted introgression of favorable alleles at quantitative trait loci between maize elite lines. **Genetics**, Austin, v. 162, p. 1945-1959, 2002.

COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO. **Acompanhamento da safra brasileira: grãos: intenção de plantio, primeiro levantamento, outubro 2008**. Brasília, 2008. 37 p.

COMSTOCK, R.E. Quantitative genetics in maize breeding. **Maize Breeding and Genetics**, New York, v. 13, p. 191-206, 1978.

EAST, E.M. Inbreeding in corn. **Connecticut Agricultural Experiment Station Report for 1907**, New Haven, p. 419-428, 1908.

_____. The distinction between development and heredity in inbreeding. **The American Naturalist**, Chicago, v. 43, p. 173-181, 1909.

FALCONER, D.S.; MACKAY, T.F.C. **Introduction to quantitative genetics**. 4th ed. London: Longman Scientific e Technical, 1996. 464 p.

FERREIRA, M.E.; GRATTAPAGLIA, D. **Introdução ao uso de marcadores moleculares em análise genética**. 3^{ed}. Brasília: EMBRAPA, CENARGEN, 1998. 220 p.

GARCIA, J.C.; MATTOSO, M.J.; DUARTE, J.O.; CRUZ, J.C. **Aspectos econômicos da produção e utilização do milho**. Sete Lagoas, 2006. 12 p. (EMBRAPA. Circular Técnica, 74).

GELDERMANN, H. Investigations of inheritance of quantitative characters in animals by gene markers. I. Methods. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v. 46, n. 7, p. 319-330, 1975.

GODDARD, M.E.; HAYES, B.J. Genomic selection. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, Oxford, v. 124, p. 323-330, 2007.

GROH, S.; KHAIRALLAH, M.M.; GONZÁLEZ-DE-LEON, D.; WILLCOX, M.; JIANG, C.; HOISINGTON, D.A.; MELCHINGER, A.E. Comparison of QTLs mapped in RILs and their test-cross progenies of tropical maize for insect resistance and agronomic traits. **Plant Breeding**, Oxford, v. 117, p. 193-202, 1998.

GUFFY, R.D.; STUBER, C.W.; HELENTJARIS, T. Molecular markers for evaluating quantitative traits across varying genetic backgrounds and environments in maize. In: **Agronomy Abstracts**, Madison, p. 82, 1988.

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

HEFFNER, E.L.; SORRELS, M.E.; JANNINK, J-L. Genomic selection for crop improvement. **Crop Science**, Madison, v. 49, p. 1-12, 2009.

HOSPITAL, F.; MOREAU, L.; CHARCOSSET, A.; GALLAIS, A. More the efficiency of marker assisted selection. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v. 95, p. 1181-1189, 1997.

INSTITUTO BRASILEIRO DE GEOGRAFIA E ESTATÍSTICA. Disponível em: <<http://web.ibge.gov.br/estatistica/indicadores/agropecuaria/lspa/default.shtm>>. Acesso em: 12 abr. 2009.

JONES, D.F. The effects of inbreeding and crossbreeding upon development. **Connecticut Agricultural Experiment Station Bulletin**, New Haven, v. 207, p. 5-100, 1918.

JUGENHEIMER, R.W. **Corn improvement, seed production and uses**. New York: Wiley-Interscience, 1976. 670 p.

KOLBEHDARI, D.; SCHAEFFER, L.R.; ROBINSON, J.A.B. Estimation of genome-wide haplotype effects in half-sib designs. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, Oxford, v. 124, p. 356-361, 2007.

LEGARRA, A.; MISZTAL, I. Computing strategies in genome-wide selection. **Journal of Dairy Science**, Champaign, v. 91, n.1, p. 360-366, 2008.

LIU, X.; FU, J.; GU, D.; LIU, W.; LIU, T.; PENG, Y.; WANG, J.; WANG, G. Genome wide analysis of gene expression profiles during the kernel development of maize (*Zea mays* L.). **Genomics**, San Diego, v. 91, p. 378-387, 2008.

LONG, N.; GIANOLA, D.; ROSA, G.J.M.; WEIGEL, K.A.; AVENDAÑO, S. Machine learning classification procedure for selecting SNPs in genomic selection: application to early mortality in broilers. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, Oxford, v. 124, p. 377-389, 2007.

MELCHINGER, A.E.; SCHON, C.C.; BRUNKLAUS-JUNG, E.; BOPPENMAIER, J.; HERRMANN, R.G. Investigations of quantitative trait loci in maize using RFLP markers. In: CONGRESS OF THE MAIZE AND SORGHUM SECTION, 16., 1993, Bergamo. **Proceedings...** p. 6-9.

MEUWISSEN, T.H.E.; HAYES, B.J.; GODDARD, M.E. Prediction of total genetic value using genome-wide dense marker maps. **Genetics**, Austin, v. 157, p. 1819-1829, 2001.

MIHALJEVIC, R.; SCHON, C.C.; UTZ, H.F.; MELCHINGER, A.E. Correlations and QTL correspondence between line per se and testcross performance for agronomic traits in four populations of European maize. **Crop Science**, Madison, v. 45, p. 114-122, Jan./Feb. 2005.

PATERNIANI, E. Métodos tradicionais de melhoramento do milho. In: BULL, L.T.; CANTARELLA, H. **Cultura do milho: fatores que afetam a produtividade**. Piracicaba: POTAFOS, 1993. p. 23-43.

PRESTERL, T.; OUZUNOVA, M.; SCHMIDT, W.; MOLLER, E.M.; ROBER, F.K.; KNAAK, C.; ERNST, K.; WETHOFF, P.; GEIGER, H.H. Quantitative trait loci for early plant vigour of maize grown in chilly environments. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v. 114, p. 1059-1070, 2007.

RAMALHO, M.A.P.; SANTOS, J.B.; PINTO, C.A.B.P. **Genética na agropecuária**. Lavras: UFLA, 2000. 472 p.

RESENDE, M.D.V.; LOPES, P.S.; SILVA, R.L.; PIRES, I.E. Seleção genômica ampla (GWS) e maximização da eficiência do melhoramento genético. **Pesquisa Florestal Brasileira**, Colombo, n. 56, p. 63-77, 2008.

SCHON, C.C.; MELCHINGER, A.E.; BOPPENMAIER, J.; BRUNKLAUS-JUNG, E.; HERRMANN, R.G.; SEITZER, J.F. RFLP mapping in maize: quantitative trait loci affecting testcross performance of elite European flint lines. **Crop Science**, Madison, v. 34, p. 378-389, Mar./Apr. 1994.

SHULL, G.H. The composition of a field of maize. **American Breeders Association Reports**, Washington, v. 4, p. 296-301, 1908.

_____. A pure line method of corn breeding. **American Breeders Association Reports**, Washington, v. 5, p. 51-59, 1909.

_____. Hybridization methods in corn breeding. **American Breeders Association Reports**, Washington, v. 6, p. 63-72, 1910.

STUBER, C.W.; SISCO, P. Marker-facilitated transfer of QTL alleles between elite inbred lines and responses in hybrids. In: ANNUAL CORN AND SHORGHUM RESEARCH CONFERENCE, 46., 1992, Washington. **Proceedings...** Washington: Am. Seed Trade Assoc., 1992. p. 104-113.

2 USO DA SELEÇÃO GENÔMICA E FENOTÍPICA EM LINHAGENS PARA PREDIÇÃO DE TESTECROSSES EM MILHO I: PRODUÇÃO DE GRÃOS E CARACTERES DA PLANTA

Resumo

Desde a descoberta das vantagens de utilização de híbridos de milho, os melhoristas buscam maneiras de prever as performances destes a partir de informações das suas respectivas linhagens parentais. Uma das aplicações mais promissoras dos marcadores moleculares no melhoramento é a sua utilização na seleção de genótipos. Os objetivos desse estudo foram: mapear QTL e verificar a congruência destes em linhagens S_1 de milho e nos seus testecrosses; obter médias preditas das linhagens com base em informações dos marcadores moleculares e estimar coeficientes de correlação entre as linhagens e os testecrosses; e verificar a coincidência de linhagens e de testecrosses selecionados com base nas médias preditas das linhagens. Foram avaliadas 256 linhagens S_1 e 512 testecrosses dessas linhagens com dois testadores distintos, em experimentos em látices simples 16x16 em seis ambientes. Foram avaliados os caracteres produção de grãos, acamamento e quebramento de plantas, florescimento masculino e feminino, intervalo entre florescimentos, altura da planta e da espiga e posição relativa da espiga. Para o mapeamento de QTL nas linhagens e nos testecrosses foi utilizado um mapa genético com 177 marcadores microssatélites e o modelo de mapeamento por intervalo composto expandido para análise em múltiplos ambientes. Foram obtidas as médias fenotípicas das linhagens e dos testecrosses e, também, as médias preditas das linhagens com base nos efeitos dos QTL e com base em todos os marcadores do genoma. Os coeficientes de correlação entre as médias fenotípicas das linhagens e dos testecrosses variaram de reduzidos para produção de grãos até moderados para os caracteres de ciclo e estatura. A congruência de QTL detectados nas linhagens e nos testecrosses foi baixa para todos os caracteres. As correlações entre as médias preditas das linhagens e as médias fenotípicas dos seus testecrosses apresentaram resultados semelhantes àqueles obtidos considerando as médias fenotípicas das linhagens. As porcentagens mais elevadas de coincidências de linhagens S_1 e testecrosses superiores selecionados foram observadas para os caracteres de ciclo e estatura da planta e as menores coincidências ocorreram para produção de grãos, independente de se considerar informações fenotípicas ou de marcadores moleculares das linhagens. Para todos os resultados obtidos não foi observado efeito acentuado do testador, ou seja, os resultados foram próximos para ambos os testecrosses. Com os resultados obtidos, pode-se concluir que, mesmo utilizando-se informações de marcadores moleculares, só é possível prever as performances de testecrosses a partir de informações das linhagens para os caracteres menos complexos e com reduzido efeito de dominância. Para os caracteres mais complexos e com pronunciado efeito de dominância, as informações dos marcadores devem ser obtidas diretamente nos testecrosses, para que possam ser utilizadas na seleção.

Palavras-chave: Milho; Linhagem; Testecrosses; Correlação; QTL; Seleção assistida por marcadores moleculares

Abstract

Since the discovery of the advantages of using corn hybrids, plant breeders have been trying to predict the performance of hybrids based on information from their respective parental lines. The most promising application of molecular markers, in breeding, is its use in selection. The objectives of this research were to map QTL and verify its congruence in maize lines and in their testcrosses; predict means of the lines by using information from molecular markers and estimate correlations between S_1 maize lines and their testcrosses; and verify the possibility to select testcrosses from the predict means of the lines. Two-hundred and fifty six S_1 lines and five-hundred and twelve testcrosses of these lines with two testers were evaluated in simple lattice 16×16 design in six environments. The analyzed traits were grain yield, plant lodging, days to anthesis, days to silking, anthesis-silking interval, plant and ear height and ear placement. A genetic map with 177 microsatellite markers and the multiple-environmental composite interval mapping model were used to map QTL in the lines and in their testcrosses. In addition to the phenotypic means of the two generations, the predicted means of the lines were computed based on QTL effects and based in all markers of the genome. The correlation coefficients between the phenotypic means of the lines and the testcrosses ranged from low for grain yield to moderate for cycle and stature traits. The congruence of QTL detected in the lines and testcrosses were small for all traits. The correlations between the predict means of the lines and the phenotypic means of the testcrosses showed similar results to those obtained by the lines phenotypic means of lines. The highest coincidences of the S_1 lines and selected testcrosses, for the selection intensities of 10% and 20%, were observed for cycle and stature traits and the lowest for grain yield, regardless of molecular or phenotypic information of the lines. Tester effect was not observed, i. e., the results were similar for both testcrosses. With these results one can conclude that, even by using molecular markers information, it is only possible to predict the testcrosses performance from the lines information to less complex traits and with reduced dominance effect. For complex traits and with pronounced dominance effect, information of markers must be obtained directly in the testcrosses, so they can be used for selection.

Keywords: Maize; Lines; Testcrosses; Correlation; QTL; Marker assisted selection

2.1 Introdução

Desde a idealização da utilização de híbridos por meio do cruzamento entre linhagens endogâmicas no melhoramento de milho (SHULL, 1908, 1909, 1910; EAST, 1908, 1909; JONES, 1918), essa técnica vem sendo intensamente aplicada nos programas de melhoramento. Com as descobertas das vantagens da utilização do milho híbrido, inúmeros trabalhos foram e continuam sendo desenvolvidos para tentar encontrar uma maneira eficaz de predizer a performance do híbrido por meio da performance das suas linhagens parentais, o que tornaria o processo de obtenção e, principalmente, de seleção das linhagens, muito mais rápido e barato (MIHALJEVIC et al., 2005). Dessa maneira, diferentes estudos foram realizados buscando

relações entre linhagens e híbridos, para os mais diversos caracteres, sendo encontrados resultados muito variáveis (HALLAUER; MIRANDA FILHO, 1988).

O mapeamento de QTL em linhagens e nos seus híbridos pode fornecer informações úteis para o melhor entendimento da herança dos caracteres de natureza quantitativa, bem como da correlação entre a expressão de caracteres nas linhagens e nos híbridos produzidos a partir delas, em nível molecular. Essas informações podem, também, auxiliar na escolha de linhagens parentais a serem utilizadas na obtenção de híbridos, por meio da seleção assistida por marcadores moleculares, o que pode diminuir significativamente a quantidade de cruzamentos a serem avaliados e o tempo necessário para a obtenção dos híbridos, tornando esse processo mais rápido e barato (STUBER; SISCO, 1992; BERKE; ROCHEFORD, 1995; HOSPITAL et al., 1997; BOUCHEZ et al., 2002).

Uma nova abordagem para utilização de marcadores moleculares para seleção assistida, conhecida como Genome-Wide Selection ou Seleção Genômica (SG), foi proposta por Meuwissen, Hayes e Goddard (2001). Essa metodologia vem sendo aplicada intensamente no melhoramento animal, apresentando resultados satisfatórios (KOLBEHDARI; SCHAEFFER; ROBINSON, 2007; GODDARD; HAYES, 2007; LONG et al., 2007; LEGARRA; MISZTAL, 2008). No entanto, ela ainda não tem sido utilizada no melhoramento vegetal, sendo que a maioria dos estudos para avaliar esta metodologia utilizou-se de simulação (BERNARDO; YU, 2007; BERNARDO, 2008, 2009; LIU et al., 2008; RESENDE et al., 2008; HEFFNER; SORRELS; JANNINK, 2009).

Alguns estudos foram realizados com o intuito de verificar a congruência de QTL mapeados em linhagens e nos híbridos e/ou testecrosses dessas linhagens, considerando diferentes caracteres e tipos de população (BEAVIS et al., 1994; GROH et al., 1998; AUSTIN et al., 2000; MIHALJEVIC et al., 2005). De maneira geral, foram encontrados poucos QTL coincidentes para todos os caracteres. Nestes estudos, no entanto, as gerações parentais e os cruzamentos foram avaliados em ambientes diferentes, geralmente na mesma área mas em diferentes anos e, por isso, a baixa congruência de QTL pode ter ocorrido devido à elevada interação QTL x Ambiente.

A comparação da coincidência de QTL em linhagens e nos seus testecrosses, quando as duas gerações são avaliadas no mesmo ambiente, elimina a interação QTL x Ambiente das análises, permitindo uma comparação mais precisa da congruência de QTL entre essas duas

gerações. Assim, os objetivos desse estudo foram: (i) mapear QTL para diversos caracteres em linhagens S_1 de milho e nos seus testecrosses e verificar a congruência destes QTL; (ii) estimar correlações entre as médias fenotípicas e preditas das linhagens com base em informações dos marcadores moleculares e as médias fenotípicas dos testecrosses; e (iii) verificar a coincidência de linhagens S_1 e de testecrosses superiores selecionados usando informações dos marcadores moleculares das linhagens.

2.2 Desenvolvimento

2.2.1 Material e Métodos

2.2.1.1 Material genético

As linhagens S_1 utilizadas neste trabalho foram obtidas do cruzamento entre as linhagens endogâmicas de milho L-14-04B e L-08-05F. A linhagem L-14-04B foi extraída da população BR-106 e apresenta grãos amarelo dentados e a linhagem L-08-05F foi extraída da população IG-1 e apresenta grãos alaranjado duros. Essas linhagens pertencem a grupos heteróticos distintos e apresentam divergência para vários caracteres (SIBOV et al., 2003). Estas linhagens foram cruzadas obtendo-se a geração F_1 , da qual foram escolhidas 4 plantas para serem autofecundadas obtendo-se a população F_2 . Essas 4 plantas foram selecionadas por meio de marcadores microssatélites para a presença dos alelos parentais. A seguir, 256 plantas foram autofecundadas, obtendo-se as linhagens S_1 (progênies $F_{2:3}$). Estas foram cruzadas com duas linhagens testadoras, as linhagens L-04-05F e L-02-03D. A linhagem L-04-05F foi derivada da população IG-1 e a linhagem L-02-03D foi obtida da população IG-2. Esses testadores pertencem a grupos heteróticos distintos e apresentam divergências para vários caracteres. Para a obtenção dos testecrosses, as linhagens S_1 foram utilizadas como genitor feminino, em lotes isolados de despendoamento com cada testador, obtendo-se dois testecrosses para cada uma das linhagens S_1 , totalizando 256 testecrosses com a L-04-05F (TC1) e 256 testecrosses com a L-02-03D (TC2). As linhagens foram obtidas no programa de Melhoramento de Milho do Departamento de Genética da ESALQ/USP. Assim, para este trabalho, foram utilizadas as 256 linhagens S_1 e seus respectivos testecrosses.

2.2.1.2 Procedimento experimental

A avaliação das linhagens S_1 e dos testecrosses foi realizada em seis ambientes, sendo cada combinação local x ano considerada como um ambiente distinto. As 256 linhagens e seus respectivos testecrosses foram avaliados nas Estações Experimentais Departamento de Genética (ESALQ/USP) e Anhembi, sendo os experimentos conduzidos durante três anos agrícolas, com duas repetições por ambiente, instalando-se os experimentos das linhagens e dos testecrosses em áreas adjacentes e, portanto, no mesmo ambiente. Tanto no experimento das linhagens como nos dois experimentos dos testecrosses, o delineamento experimental utilizado foi o látice simples 16x16. Para os testecrosses, cada experimento foi composto por 128 testecrosses de cada uma das linhagens testadoras, sendo alocado, no outro experimento, os outros 128 testecrosses restantes para cada testador, e as repetições de cada experimento foram casualizadas na área experimental. Cada parcela foi constituída de uma linha de 4 m semeadas com 50 sementes restando, após o desbaste, 20 plantas em cada parcela. O espaçamento entre plantas foi de 0,20 m e, entre parcelas de 0,80 m, correspondendo a uma população de 62.500 plantas ha^{-1} . Foram analisados os caracteres: produção de grãos (PG, em $t\ ha^{-1}$) ajustada para 15% de umidade e corrigida para estande médio; altura da planta e da espiga (AP e AE, em $cm\ planta^{-1}$), obtidas da média de cinco plantas da parcela; posição relativa da espiga ($PRE = AE/AP$); florescimento masculino e feminino (FM e FF, em dias), obtidos pelo número de dias do plantio à 50% das plantas por parcela em antese e com estilo estigma, respectivamente; intervalo entre florescimentos ($IF = FF - FM$); e acamamento e quebramento (ACQ, em % de plantas), obtido pelo número de plantas acamadas e quebradas na parcela na época da colheita e corrigido para estande médio.

2.2.1.3 Análises de variância e covariância

Todas as análises estatístico-genéticas foram realizadas utilizando-se o programa computacional SAS (SAS INSTITUTE, 1999). Para cada experimento das linhagens e dos testecrosses foram realizadas análises de variância individuais, seguindo-se o modelo matemático para experimento em látice (COCHRAN; COX, 1966). Com as médias ajustadas obtidas das análises individuais foram realizadas análises de variância conjunta dos experimentos, utilizando um modelo aleatório. Para os testecrosses, além das análises conjuntas, foram realizadas análises

de variância conjunta agrupada, sendo agrupados os dois experimentos realizados para os testecrosses. A partir das esperanças dos quadrados médios das análises de variância conjunta e agrupada, foram estimadas as variâncias fenotípicas em nível de médias ($\hat{\sigma}_{\bar{F}}^2$), variâncias genéticas ($\hat{\sigma}_G^2$), variâncias da interação genótipo x ambiente ($\hat{\sigma}_{GxA}^2$), variâncias do resíduo ($\hat{\sigma}_R^2$) e herdabilidades ao nível de médias (\hat{h}_x^2), pelas seguintes expressões: $\hat{\sigma}_{\bar{F}}^2 = (QM_G) / kl$, $\hat{\sigma}_G^2 = (QM_G - QM_{GxA}) / kl$, $\hat{\sigma}_{GxA}^2 = (QM_{GxA} - QM_R) / k$, $\hat{\sigma}_R^2 = QM_R$ e $\hat{h}_x^2 = \hat{\sigma}_G^2 / \hat{\sigma}_{\bar{F}}^2$, em que QM_G é o quadrado médio de genótipos; QM_{GxA} é o quadrado médio da interação genótipos x ambientes; QM_R é o quadrado médio do resíduo e k e l são o número de repetições e locais, respectivamente. As estimativas dos intervalos de confiança para os componentes da variância, com 95% de probabilidade, foram estimados segundo Burdick e Graybill (1992) e, para a estimativa do intervalo de confiança do coeficiente de herdabilidade, também com 95% de probabilidade, foi utilizada a metodologia proposta por Knapp, Stroup e Ross (1985).

Foram realizadas as análises de covariância entre as linhagens S_1 e os testecrosses de cada testador, e utilizando-se dos mesmos procedimentos das análises de variância, foram estimadas as covariâncias genéticas entre as linhagens e os testecrosses (\hat{COV}_{Gxy}) e as covariâncias fenotípicas médias entre as linhagens e os testecrosses ($\hat{COV}_{\bar{F}xy}$) por: $\hat{COV}_{Gxy} = (PM_{TLxy} - PM_{(TL)Axy}) / kl$ e $\hat{COV}_{\bar{F}xy} = PM_{TLxy} / kl$, em que PM_{TLxy} é o produto médio do caráter para as linhagens e para os testecrosses, $PM_{(TL)Axy}$ é o produto médio da interação do caráter das linhagens e dos testecrosses com o ambiente e k e l são o número de repetições e locais, respectivamente. A seguir foram estimados os coeficientes de correlação genética (\hat{r}_{Gxy}) e fenotípica ($\hat{r}_{\bar{F}xy}$) dos caracteres entre as linhagens e os testecrosses por: $\hat{r}_{Gxy} = \hat{COV}_{Gxy} / \sqrt{\hat{\sigma}_{Gx}^2 \hat{\sigma}_{Gy}^2}$ e $\hat{r}_{\bar{F}xy} = \hat{COV}_{\bar{F}xy} / \sqrt{\hat{\sigma}_{\bar{F}x}^2 \hat{\sigma}_{\bar{F}y}^2}$, em que $\hat{\sigma}_{Gx}^2$ e $\hat{\sigma}_{Gy}^2$ referem-se às variâncias genéticas do caráter para as linhagens e para os testecrosses, respectivamente e $\hat{\sigma}_{\bar{F}x}^2$ e $\hat{\sigma}_{\bar{F}y}^2$ são as variâncias fenotípicas do caráter para as linhagens e para os testecrosses, respectivamente. O teste t ($t = \hat{r}_{xy} / s(\hat{r}_{xy})$) foi utilizado para avaliar as significâncias destas, sendo as metodologias de Steel e Torrie (1980) e de Falconer e Mackay (1996) utilizadas para estimar os erros padrões ($s(\hat{r}_{xy})$) das correlações fenotípicas e genéticas, respectivamente.

2.2.1.4 Mapa genético

Para a construção do mapa genético foram utilizados 177 marcadores microssatélites e o programa Mapmaker versão 3.0 (LINCOLN et al., 1992), no qual foi considerado o valor de $LOD=3$ e 50,0 cM de distância máxima entre marcadores adjacentes, sendo as frequências de recombinação convertidas em distância (cM) utilizando a função de Kosambi (KOSAMBI, 1944). Detalhes sobre o desenvolvimento deste mapa foi descrito por Sibov et al. (2003), ao qual foram acrescentados 60 novos marcadores. Este mapa possui 10 grupos de ligação (10 cromossomos), com comprimento total de 2.055,8 cM, e intervalo médio entre marcadores adjacentes de 12,31 cM.

2.2.1.5 Mapeamento de QTL

Utilizou-se o programa QTL Cartographer versão 1.17 (BASTEN; WEIR; ZENG, 2003), considerando “*window size*” de 10 cM e “*walking speed*” de 1 cM e o módulo *Jzmapqtl*, que realiza o mapeamento por intervalo composto (CIM) (ZENG, 1994) expandido para análise em múltiplos ambientes (JIANG; ZENG, 1995). Para o mapeamento nas linhagens (eq. 1) e nos testecrosses (eq. 2) foram utilizados os modelos:

$$y_{jm} = b_{0m} + b_m^* x_j^* + d_m^* z_j^* + \sum_l^t (b_{lm} x_{jl} + d_{lm} z_{jl}) + e_{jm} \quad (1)$$

$$y_{jm} = b_{0m} + \alpha_m^* x_j^* + \sum_l^t (b_{lm} x_{jl}) + e_{jm} \quad (2)$$

em que, em ambos os modelos, y_{jm} é o valor fenotípico do j -ésimo genótipo avaliado no m -ésimo ambiente; b_{0m} é o efeito médio do modelo para o ambiente m ; x_j^* é a variável identificadora do genótipo do provável QTL que assume valores 0, 1 e 2 para os genótipos qq , Qq e QQ , respectivamente, segundo probabilidades que dependem da fração de recombinação entre o marcador i e o QTL, condicionais aos genótipos dos marcadores flanqueadores i e $i+1$; b_{lm} é o coeficiente de regressão parcial entre os valores fenotípicos e os valores atribuídos a x_{jl} ; x_{jl} são as variáveis identificadoras associadas ao cofator l , assumindo t marcadores selecionados como cofatores e e_{jm} é o efeito residual associado ao j -ésimo genótipo no

m -ésimo ambiente. Além desses, no modelo das linhagens (eq. 1), b_m^* é o efeito aditivo do provável QTL referente ao ambiente m ; d_m^* é o efeito de dominância do provável QTL referente ao ambiente m ; z_j^* é a variável identificadora do genótipo do provável QTL, que assume valores 0 e 1 para os genótipos homozigotos (qq ou QQ) e heterozigoto (Qq), respectivamente, segundo probabilidades que dependem da fração de recombinação entre o marcador i e o QTL, condicionais aos genótipos dos marcadores flanqueadores i e $i+1$; d_{im} é o coeficiente de regressão parcial entre os valores fenotípicos e os valores atribuídos a z_{jl} ; e z_{jl} são as variáveis identificadoras associadas ao cofator l , assumindo t marcadores selecionados como cofatores; e, no modelo dos testecrosses (eq. 2), α_m^* é o efeito de substituição alélica do provável QTL referente ao ambiente m .

Os cofatores considerados nas análises foram selecionados por ambiente, utilizando-se o procedimento de regressão “stepwise” (*forward/backward*), com $\alpha = 0,05$ para inclusão e exclusão dos marcadores no modelo. Após a obtenção dos cofatores, foi realizada uma nova seleção dentre os cofatores selecionados, deixando-se no máximo os cinco cofatores mais informativos em cada ambiente. Isso foi feito para evitar a superparametrização do modelo, o que pode resultar em viéses nas estimativas obtidas (BASTEN; WEIR; ZENG, 2001).

O programa utiliza-se do teste da razão de verossimilhança (TRV) para testar a presença de QTL nos diversos ambientes, com H_0 sendo $a_1 = a_2 = \dots = a_m = 0$ e/ou $d_1 = d_2 = \dots = d_m = 0$ para as linhagens e $\alpha_1 = \alpha_2 = \dots = \alpha_m = 0$ para os testecrosses. Para a interação QTL x Ambiente, a H_0 testada refere-se a $a_1 = a_2 = \dots = a_m$ e/ou $d_1 = d_2 = \dots = d_m$ para as linhagens e $\alpha_1 = \alpha_2 = \dots = \alpha_m$ para os testecrosses. Os valores dos limites críticos para declarar a presença de QTL e interação QTL x Ambiente foram obtidos calculando-se o número de testes independentes

(NT) como: $NT = \sum_1^l [(T_l/32) + 1]$, em que T_l é o comprimento, em centimorgans, do l -ésimo grupo de ligação e 32 corresponde à soma entre o *window size* e o comprimento médio dos intervalos do mapa. Os limites críticos apresentam distribuição de χ^2 com $m+1$ graus de liberdade para a presença de QTL e $m-1$ graus de liberdade para a interação QTL x Ambiente (VIEIRA et al., 2000). Estes valores, para este estudo, foram de 25,3 e de 21,4 e que

correspondem a *LOD scores* de 5,5, e 4,7, respectivamente. Estes valores são superiores à maioria daqueles utilizados em milho (MIHALJEVIC et al., 2005; LIMA et al., 2006).

Para os testecrosses os efeitos aditivos para os QTL são: $a^* = (a - d)/2$ e $a^* = (a + d)/2$, para os alelos favoráveis e desfavoráveis dos testadores, respectivamente. Assim, obtêm-se os efeitos de uma substituição alélica (α), multiplicando-se os efeitos aditivos (a^*) por 2. Os sinais dos efeitos aditivos e de substituições alélicas foram utilizados para identificar a origem (direção) dos alelos que contribuem para aumentar o caráter. A linhagem parental L-14-04B apresenta performance superior a L-08-05F para a maioria dos caracteres e, portanto, sinais positivos dos efeitos mencionados indicam que os alelos que contribuem para aumentar o caráter originaram da L-14-04B, e sinais negativos indicam que estes originaram da L-08-05F.

O grau de dominância (GD) de cada QTL foi estimado por: $GD = |d|/|a|$, e o grau médio de dominância (GMD), considerando todos os QTL, foi estimado ponderando-se os valores de

GD pelos respectivos $R_{gen_i}^2$, isto é, $GMD = \sum_1^i R_{gen_i}^2 GD_i / \sum_1^i R_{gen_i}^2$, em que $R_{gen_i}^2$ refere-se à porcentagem da variação genética explicada pelo i -ésimo QTL. As estimativas da porcentagem da variação fenotípica (R_{fen}^2) explicada por cada QTL foram obtidas por meio das expressões:

$R_{fen}^2 = (\hat{\sigma}_g^2 QTL / \hat{\sigma}_F^2) \times 100$, em que $\hat{\sigma}_g^2 QTL = (1/2)a^2 + (1/4)d^2$ para as linhagens e $\hat{\sigma}_g^2 QTL = (1/8)\alpha^2$ para os testecrosses e, a estimativa de R_{gen}^2 , foi obtida por $R_{gen}^2 = R_{fen}^2 / \hat{h}_x^2$.

2.2.1.6 Congruência dos QTL mapeados nas linhagens e nos testecrosses

Para identificar a congruência de posições entre os QTL detectados nas linhagens S_1 e nos seus testecrosses foram estimados os intervalos de confiança para cada QTL mapeado, denominado “*one-LOD support interval*” (LANDER; BOTSTEIN, 1989), em que na posição do QTL mapeado subtrai-se ao TRV o valor de 1 *LOD score*, ou seja, o valor de 4,61 (LYNCH; WALSH, 1998). Os intervalos de confiança dos QTL detectados em regiões congruentes nas linhagens e nos testecrosses foram comparados, sendo que, quando ocorreu sobreposição desses intervalos, foi considerado que se trata, provavelmente, do mesmo QTL.

2.2.1.7 Obtenção das médias preditas das linhagens

As médias preditas das linhagens S_1 com base nos efeitos dos QTL (\bar{X}_{QS_1}), desconsiderando-se os efeitos epistáticos entre estes, foram obtidas pela seguinte equação (eq. 3):

$$\hat{y} = \hat{\mu}\mathbf{1} + \mathbf{X}\hat{\beta} \quad (3)$$

em que \hat{y} é o vetor com as médias preditas das linhagens S_1 ; $\hat{\mu}$ é a média geral das linhagens S_1 ; $\mathbf{1}$ é um vetor de uns; \mathbf{X} é a matriz dos preditores genéticos dos efeitos aditivos e de dominância dos QTL mapeados, com dimensão $N_{S_1} \times (2 \times N_{QTL})$, sendo $N_{S_1} = 256$ e N_{QTL} o número de QTL mapeados; e $\hat{\beta}$ é o vetor dos valores genéticos dos QTL mapeados, ou seja, os efeitos aditivos e de dominância dos QTL mapeados. Os preditores dos efeitos aditivos (a) foram obtidos pela diferença das probabilidades condicionais dos QTL apresentarem os genótipos QQ e qq, dados os genótipos dos marcadores flanqueadores desse QTL, e os preditores dos efeitos de dominância (d) foram obtidos com base nas probabilidades condicionais dos QTL apresentarem o genótipo Qq, dados os genótipos dos marcadores flanqueadores, isto é, Preditor (a) = $P(QQ/Mi_Mj_)$ – $P(qq/Mi_Mj_)$; e Preditor (d) = $P(Qq/Mi_Mj_)$. As probabilidades foram obtidas utilizando-se o pacote R/QTL do software R.

Os valores genotípicos (genéticos) dos marcadores moleculares foram obtidos utilizando o modelo misto (eq. 4):

$$\mathbf{y} = \boldsymbol{\mu}\mathbf{1} + \mathbf{X}\mathbf{g} + \mathbf{e} \quad (4)$$

em que: \mathbf{y} é o vetor de dimensão $N_{S_1} \times 1$ ($N_{S_1} = 256$) com as médias fenotípicas das linhagens S_1 ; $\boldsymbol{\mu}$ corresponde à média fenotípica geral das linhagens S_1 ; $\mathbf{1}$ é o vetor de uns de dimensão $N_{S_1} \times 1$ que relaciona a média ao vetor \mathbf{y} ; \mathbf{X} é a matriz de dimensões $N_{S_1} \times N_M$ ($N_M=177$), com elementos 1 se a planta S_1 é homocigota para o marcador originado da linhagem L14-04B, e -1 se a planta S_1 é homocigota para o marcador originado da linhagem L08-05F e 0 se for heterocigoto; \mathbf{g} é o vetor $N_M \times 1$ dos valores genéticos dos marcadores (VGM/BLUP), considerado aleatório, a serem estimados; e \mathbf{e} é o vetor $N_M \times 1$ dos resíduos.

Os valores genéticos dos marcadores foram estimados utilizando a metodologia de modelos mistos (HENDERSON, 1984), obtendo-se os BLUP's destes, considerando constantes as variâncias genéticas dos marcadores e iguais a σ_G^2 / Nm , em que σ_G^2 é a variância genética das

linhagens S_1 e Nm o número de marcadores (MEUWISSEN; HAYES; GODDARD, 2001). Com os genótipos dos marcadores das linhagens S_1 e as estimativas dos valores genéticos destes, foram obtidas as médias preditas das linhagens com base em todos os marcadores do genoma (\bar{X}_{GS_1}), pela equação (5):

$$\hat{y} = \hat{\mu}\mathbf{1} + \mathbf{X}\hat{g} \quad (5)$$

cujos parâmetros correspondem àqueles descritos na equação 4, apresentando mesma dimensão, diferenciando-se apenas por: \hat{y} ser o vetor com as estimativas das médias preditas das linhagens S_1 ; $\hat{\mu}$ a estimativa da média geral das linhagens S_1 ; e \hat{g} o vetor com as estimativas dos valores genéticos dos marcadores.

2.2.1.8 Correlações e coincidências dos testecrosses superiores selecionados

Foram estimados coeficientes de correlações entre as médias fenotípicas e preditas das linhagens e as médias fenotípicas dos testecrosses para os dois testadores. Foram selecionadas as linhagens S_1 com base nas médias fenotípicas, nas \bar{X}_{QS_1} e nas \bar{X}_{GS_1} , e os dois testecrosses com base nas médias fenotípicas, com intensidades de seleção de 10% (26 genótipos) e 20% (52 genótipos). A seguir contou-se o número de genótipos superiores das linhagens e dos testecrosses que coincidiram nestas seleções.

2.2.2 Resultados e Discussão

2.2.2.1 Análises de variância e covariância

Detectaram-se diferenças altamente significativas ($p \leq 0,01$) para linhagens e para a interação linhagens x ambientes para todos os caracteres analisados, mostrando a presença de variabilidade genética e performance diferencial das linhagens nos diversos ambientes. Para os testecrosses foram, também, detectadas diferenças altamente significativas, mas não detectaram-se significâncias para a interação destes com o ambiente para todos os caracteres em ambos testecrosses. As médias das linhagens diferiram das médias de ambos os testecrosses para PG, FM e AP; para FF diferiu apenas da média dos TC2 e, para os demais caracteres, não houve

diferença significativa entre as médias. Com relação às médias entre os testecrosses, não ocorreram diferenças significativas entre as médias dos TC1 e dos TC2 para nenhum dos caracteres considerados. Comparando os intervalos de variação das médias nas linhagens e nos testecrosses, verifica-se que para todos os caracteres as linhagens apresentaram maior amplitude de variação e, considerando os intervalos entre os dois testecrosses, verifica-se que os TC2 apresentaram maior variação para todos os caracteres. Os coeficientes de variação experimental nas linhagens apresentaram maior valor que o dos testecrosses, provavelmente devido a maior média destes e, embora para alguns caracteres esse tenha sido um pouco elevado (Tabela 2.1), os valores observados são semelhantes àqueles existentes na literatura, para todos os caracteres considerados, tanto nas linhagens como nos testecrosses, indicando que os dados foram obtidos com boa precisão experimental (HALLAUER; MIRANDA FILHO, 1988; MIHALJEVIC et al., 2005; LIMA et al., 2006).

As estimativas dos componentes de variância foram todas positivas e significativas ($p \leq 0,05$), com exceção da interação Testecrosses x Ambiente para os dois testadores, que foi nula, para todos os caracteres. Para todos os caracteres as magnitudes das estimativas das variâncias genéticas das linhagens foram superiores às dos testecrosses, o que era esperado, já que as linhagens apresentaram maior amplitude de variação das médias para todos os caracteres. Ocorreu diferença significativa ($p \leq 0,05$) entre os dois testecrosses, apenas para a variância genética de PG, FM e FF, sendo que, para esses caracteres, os TC2 apresentaram as maiores estimativas. A variância genética dos testecrosses é função do efeito de substituição alélica do testador nos locos que controlam o caráter, o qual depende do seu grau de dominância (BERNARDO, 2002). Observando os intervalos de variação das médias dos dois testecrosses, observa-se que nos TC2 a variação foi maior para todos os caracteres, resultando em maior variabilidade e, além disso, a L-04-05F, usada como testadora, apresenta origem comum com um dos parentais da população de linhagens, resultando em menor divergência desse testador com a população de linhagens em relação à do outro testador (Tabela 2.2).

Para todos os caracteres tanto nas linhagens como nos testecrosses, os coeficientes de herdabilidade com base em médias foram significativamente diferentes de zero ($p \leq 0,05$) sendo obtidas, para produção de grãos, estimativas de 0,90, 0,68 e 0,72 nas linhagens, nos TC1 e TC2, respectivamente. Para os demais caracteres foram encontradas estimativas variando de mediana para ACQ nos testecrosses (0,37), até elevada para FF nas linhagens (0,91). Os coeficientes

obtidos para as linhagens foram, em geral, superiores aos obtidos para os testecrosses, o que pode ter ocorrido devido à maior variância genética nessa geração em relação aos testecrosses. Entre os dois testecrosses ocorreu diferença significativa ($p \leq 0,05$) apenas para FM, sendo as maiores estimativas obtidas nos TC2 (Tabela 2.2). Considerando os caracteres analisados e o número de ambientes de avaliação, esses valores estão de acordo com os reportados por Hallauer e Miranda Filho (1988).

Os coeficientes de correlação genética entre as linhagens e os testecrosses variaram de reduzidas para produção de grãos (0,35) até elevadas para intervalo entre florescimentos (0,90), ambos nos TC2. Considerando as correlações fenotípicas, foram encontrados valores variando de reduzidos para produção de grãos (0,29) até elevados para florescimento feminino (0,73), também obtidos para os TC2 (Tabela 2.3). Não houve diferença nas magnitudes das estimativas em função do testador utilizado, ou seja, as estimativas foram próximas nos dois testecrosses. Com exceção de ACQ, não houve diferença acentuada entre as correlações genéticas e fenotípicas para ambos testecrosses. De maneira geral, assim como ocorre para a maioria dos resultados da literatura, os valores desses coeficientes mostram que para aqueles caracteres menos complexos, com predominância de efeitos aditivos e maior coeficiente de herdabilidade, as estimativas geralmente são mais elevadas (HALLAUER; MIRANDA FILHO, 1988; GROH et al., 1998; MIHALJEVIC et al., 2005).

Tabela 2.1 - Quadrados médios do genótipo, da interação genótipo x ambiente, média, intervalo de variação (IV) e coeficiente de variação (CV%) para os caracteres analisados nas linhagens S₁ e nos testecrosses (TC)

Geração ^a	Parâmetro ^b	Caráter ^c							
		PG (t ha ⁻¹)	ACQ (%)	FM (dias)	FF (dias)	IF (dias)	AP (cm)	AE (cm)	PRE ^d
S ₁	QML	22,93 ^{**}	9,96 ^{**}	54,44 ^{**}	77,13 ^{**}	10,98 ^{**}	1.170,06 ^{**}	637,20 ^{**}	0,77 ^{**}
	QMLxA	2,20 ^{**}	3,48 ^{**}	6,22 ^{**}	6,90 ^{**}	3,32 ^{**}	204,40 ^{**}	111,71 ^{**}	0,12 ^{**}
	Média (IV)	5,27 (2,01;10,67)	7,20 (0,00;43,95)	68,70 (62,35;74,05)	69,85 (61,49;76,53)	1,15 (-2,21;3,81)	192,00 (161,15;229,92)	101,86 (79,66;123,46)	0,53 (0,45;0,59)
TC1	QMT ₁	1,76 ^{**}	1,30 ^{**}	3,34 ^{**}	4,78 ^{**}	2,12 ^{**}	159,32 ^{**}	167,28 ^{**}	0,15 ^{**}
	QMT ₁ xA	0,57 ^{ns}	0,82 ^{ns}	0,89 ^{ns}	0,81 ^{ns}	0,89 ^{ns}	37,24 ^{ns}	31,21 ^{ns}	0,03 ^{ns}
	Média (IV)	9,81 (8,44;11,31)	3,40 (0,16;12,90)	61,23 (58,81;63,43)	63,94 (61,68;66,50)	2,71 (0,49;4,42)	237,39 (222,37;253,03)	131,61 (118,07;147,25)	0,55 (0,51;0,59)
TC2	QMT ₂	3,04 ^{**}	1,79 ^{**}	5,29 ^{**}	7,63 ^{**}	1,63 ^{**}	183,31 ^{**}	156,98 ^{**}	0,15 ^{**}
	QMT ₂ xA	0,85 ^{ns}	1,13 ^{ns}	0,92 ^{ns}	0,90 ^{ns}	0,70 ^{ns}	40,59 ^{ns}	34,16 ^{ns}	0,03 ^{ns}
	Média (IV)	10,53 (7,33;12,55)	5,74 (0,38;17,20)	62,41 (59,93;66,03)	63,52 (60,34;67,19)	1,10 (-0,34;2,84)	243,54 (224,56;259,15)	129,34 (112,97;143,06)	0,53 (0,49;0,57)
S ₁	CV%	19,91	50,32	2,57	2,66	111,65	5,27	7,34	4,68
TC	CV%	9,93	58,81	2,12	1,94	60,51	3,52	5,92	4,25

^{ns}, ^{**} Não significativo e significativo a 0,01 de probabilidade pelo teste F, respectivamente.

^a S₁, TC1 e TC2 referem-se as linhagens S₁, aos testecrosses do testador L-04-05F e aos testecrosses do testador L-02-03D, respectivamente.

^b QML, QMLxA, QMT e QMTxA refere-se aos quadrados médios das linhagens, da interação das linhagens com o ambiente, dos testecrosses e da interação dos testecrosses com o ambiente, respectivamente.

^c PG (Produção de grãos em toneladas por hectare); ACQ (acamamento e quebramento de plantas em porcentagem de plantas acamadas e quebradas por parcela); FM (florecimento masculino em dias); FF (florecimento feminino em dias); IF (intervalo entre florescimentos em dias); AP (altura da planta em cm); AE (altura da espiga em cm); PRE (posição relativa da espiga).

^d O quadrado médio do genótipo e da interação genótipo x ambiente de PRE foi multiplicado por 100.

Tabela 2.2 – Variâncias genéticas ($\hat{\sigma}_G^2$), interações genótipos x ambientes ($\hat{\sigma}_{G \times A}^2$), fenotípicas em nível de médias ($\hat{\sigma}_F^2$) e coeficientes de herdabilidade em nível de médias (\hat{h}_x^2), com os respectivos intervalos de confiança^a (entre colchetes), para os caracteres analisados nas linhagens S₁ e nos testecrosses (TC)

Geração ^b	Parâmetro	Caráter ^c							
		PG (t ha ⁻¹)	ACQ (%)	FM (dias)	FF (dias)	IF (dias)	AP (cm)	AE (cm)	PRE ^d
S ₁	$\hat{\sigma}_G^2$	1,73 [1,44;2,12]	0,54 [0,42;0,72]	4,02 [3,34;4,95]	5,85 [4,88;7,16]	0,64 [0,51;0,84]	80,47 [66,09;100,98]	43,79 [35,91;54,86]	0,54 [0,44;0,67]
	$\hat{\sigma}_{G \times A}^2$	0,69 [0,61;0,79]	0,72 [0,58;0,91]	1,33 [1,09;1,67]	1,62 [1,35;1,98]	0,50 [0,37;0,71]	49,58 [41,78;60,26]	26,68 [22,37;32,47]	0,29 [0,24;0,35]
	$\hat{\sigma}_F^2$	1,91 [1,62;2,29]	0,83 [0,70;0,99]	4,54 [3,84;5,44]	6,43 [5,44;7,71]	0,91 [0,77;1,10]	97,51 [82,57;116,92]	53,10 [44,97;63,67]	0,64 [0,54;0,77]
	\hat{h}_x^2	0,90 [0,88;0,92]	0,65 [0,58;0,71]	0,89 [0,86;0,91]	0,91 [0,89;0,93]	0,70 [0,64;0,75]	0,83 [0,79;0,86]	0,82 [0,79;0,86]	0,84 [0,81;0,87]
	$\hat{\sigma}_G^2$	0,10 [0,08;0,13]	0,04 [0,03;0,07]	0,20 [0,16;0,26]	0,33 [0,27;0,41]	0,10 [0,08;0,14]	10,17 [8,23;13,01]	11,34 [9,30;14,31]	0,10 [0,08;0,13]
TC1	$\hat{\sigma}_{G \times A}^2$	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
	$\hat{\sigma}_F^2$	0,15 [0,12;0,18]	0,11 [0,09;0,13]	0,28 [0,24;0,33]	0,40 [0,34;0,48]	0,18 [0,15;0,21]	13,28 [11,24;15,93]	13,94 [11,80;16,72]	0,12 [0,10;0,15]
	\hat{h}_x^2	0,68 [0,61;0,74]	0,37 [0,24;0,48]	0,73 [0,68;0,78]	0,83 [0,80;0,86]	0,58 [0,50;0,66]	0,77 [0,72;0,81]	0,81 [0,78;0,85]	0,81 [0,78;0,85]
	$\hat{\sigma}_G^2$	0,18 [0,15;0,24]	0,06 [0,04;0,10]	0,36 [0,30;0,46]	0,56 [0,47;0,69]	0,08 [0,06;0,11]	11,89 [9,64;15,14]	10,24 [8,29;12,97]	0,10 [0,08;0,13]
	$\hat{\sigma}_{G \times A}^2$	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
TC2	$\hat{\sigma}_F^2$	0,25 [0,21;0,30]	0,15 [0,13;0,18]	0,44 [0,37;0,53]	0,64 [0,54;0,76]	0,14 [0,11;0,16]	15,28 [12,93;18,32]	13,08 [11,07;15,69]	0,13 [0,11;0,15]
	\hat{h}_x^2	0,72 [0,66;0,77]	0,37 [0,24;0,48]	0,83 [0,79;0,86]	0,88 [0,86;0,90]	0,57 [0,48;0,65]	0,78 [0,73;0,82]	0,78 [0,74;0,82]	0,80 [0,77;0,84]
	$\hat{\sigma}_G^2$	0,18 [0,15;0,24]	0,06 [0,04;0,10]	0,36 [0,30;0,46]	0,56 [0,47;0,69]	0,08 [0,06;0,11]	11,89 [9,64;15,14]	10,24 [8,29;12,97]	0,10 [0,08;0,13]

^a Intervalos de confiança obtidos com 0,95 de probabilidade.

^b S₁, TC1 e TC2 referem-se às linhagens S₁, aos testecrosses do testador L-04-05F e aos testecrosses do testador L-02-03D, respectivamente.

^c PG (Produção de grãos em toneladas por hectare); ACQ (acumulado e quebraimento de plantas em porcentagem de plantas acamadas e quebradas por parcela); FM (florecimento masculino em dias);

FF (florecimento feminino em dias); IF (intervalo entre florescimentos em dias); AP (altura da planta em cm); AE (altura da espiga em cm); PRE (posição relativa da espiga).

^d Para as variâncias genética, da interação genótipo x ambiente e fenotípica foram multiplicados por 1000.

Tabela 2.3 - Coeficientes de correlação fenotípica (\hat{r}_F) e genética (\hat{r}_G) entre as linhagens S₁ e os seus testecrosses (TC) para diversos caracteres

Caráter ^a	Testador L-0405F (TC1)		Testador L-0203D (TC2)	
	\hat{r}_F	\hat{r}_G	\hat{r}_F	\hat{r}_G
PG (t ha ⁻¹)	0,11 ^{ns}	0,12 ^{ns}	0,29 ^{**}	0,35 ^{**}
ACQ (%)	0,35 ^{**}	0,68 ^{**}	0,37 ^{**}	0,72 ^{**}
FM (dias)	0,54 ^{**}	0,68 ^{**}	0,65 ^{**}	0,74 ^{**}
FF (dias)	0,67 ^{**}	0,76 ^{**}	0,73 ^{**}	0,81 ^{**}
IF (dias)	0,53 ^{**}	0,82 ^{**}	0,58 ^{**}	0,90 ^{**}
AP (cm)	0,44 ^{**}	0,58 ^{**}	0,40 ^{**}	0,51 ^{**}
AE (cm)	0,57 ^{**}	0,71 ^{**}	0,55 ^{**}	0,69 ^{**}
PRE	0,66 ^{**}	0,81 ^{**}	0,65 ^{**}	0,78 ^{**}

^{ns}, ^{**} Não significativo e significativo a 0,01 de probabilidade pelo teste t, respectivamente.

^a PG (Produção de grãos em toneladas por hectare); ACQ (acamamento e quebramento de plantas em porcentagem de plantas acamadas e quebradas por parcela); FM (florescimento masculino em dias); FF (florescimento feminino em dias); IF (intervalo entre florescimentos em dias); AP (altura da planta em cm); AE (altura da espiga em cm); PRE (posição relativa da espiga).

2.2.2.2 Mapeamento de QTL e congruência dos QTL mapeados

O número de QTL mapeados para PG nas linhagens S₁ foi de 16, dos quais 88% apresentaram interação significativa com o ambiente. Para os demais caracteres, o número de QTL mapeados variou de 9 para FM a 21 para ACQ e AP, sendo a menor porcentagem de QTL apresentando interação significativa com ambiente observada para FM (56%) e a maior para IF (83%). Para a PG dos TC1 e TC2 foram mapeados 16 e 17 QTL, dos quais 50% e 65% apresentaram interação significativa com o ambiente. Para os demais caracteres, nos TC1, o número de QTL mapeados variou de 7 para FF a 19 para PRE, sendo a menor porcentagem de QTL apresentando interação significativa com ambiente observada para FF (43%) e a maior para ACQ (82%). Nos TC2, o número de QTL mapeados variou de 9 para FM a 19 para FF, a menor porcentagem de QTL apresentando interação significativa com ambiente foi de 50%, observada para AP, e a maior porcentagem foi de 73% e ocorreu para AE (Tabela 2.4). De maneira geral, foram mapeados grande número de QTL para todos os caracteres e grande quantidade destes QTL apresentaram interação significativa com o ambiente. Resultados semelhantes foram obtidos em outros estudos de mapeamento de QTL em milho (GROH et al., 1998; AUSTIN et al., 2000; MIHALJEVIC et al., 2005; LIMA et al., 2006).

Apenas 1 QTL de PG foi coincidente entre as linhagens e os TC1 e os TC2. Para os demais caracteres avaliados, o número de QTL coincidentes entre as linhagens e os testecrosses foram muito baixos. Considerando os TC1, o número de QTL coincidentes variou de zero para ACQ, FM, AP e AE, até 3 para PRE e, para os TC2, a coincidência de QTL variou de zero para IF e AP, até 2 para FF e PRE. Não houve coincidência entre QTL das linhagens com ambos os testecrosses simultaneamente, ou seja, nenhum QTL mapeado nas linhagens foi detectado na mesma região nos TC1 e TC2. (Tabela 2.4). Entre os dois testecrosses o número de QTL coincidentes também foi muito baixo, variando de zero QTL coincidentes para FF até 4 para PG, AE e IF (dados não apresentados). Isso sugere, portanto, que o mapeamento de QTL é diretamente influenciado pelo background genético da população e, ainda, que o testador utilizado influencia nas análises de mapeamento, indicando a ocorrência de interação QTL x Testador, provavelmente, devido aos efeitos dos alelos específicos do testador utilizado (BEAVIS et al., 1994; GROH et al., 1998; LU; ROMERO; BERNARDO, 2003; MIHALJEVIC et al., 2005). Os resultados obtidos neste trabalho são coerentes com os reportados na literatura (BEAVIS et al., 1994; GROH et al., 1998; AUSTIN et al., 2000; MIHALJEVIC et al., 2005), uma vez que, embora os coeficientes de correlação tenham variado de reduzidos a elevados, poucos QTL foram coincidentes entre as linhagens e os testecrosses. Nesses estudos, no entanto, as gerações parentais e os cruzamentos foram avaliados em ambientes diferentes, geralmente na mesma área mas em diferentes anos e, por isso, a interação QTL x Ambiente interferiu no número de QTL coincidentes. Como no presente estudo as linhagens e os testecrosses foram avaliados no mesmo ambiente, a baixa congruência pode ter ocorrido devido aos efeitos de dominância ou epistáticos dos QTL e/ou pelos efeitos dos alelos do testador, e, portanto, nos trabalhos reportados, a falta de congruência não pode ser explicada apenas pela interação QTL x Ambiente.

Tabela 2.4 - Número de QTL mapeados, número de QTL com interação significativa com o ambiente, número e porcentagem de QTL coincidentes entre as linhagens S₁ e os testecrosses (TC)

Geração ^a	Nº QTL	Nº QTL x Ambiente	nº QTL Coincidentes ^b	% QTL Coincidentes ^b
<u>PRODUÇÃO DE GRÃOS (t ha⁻¹)</u>				
S ₁	16	14	-	-
TC1	16	8	1	6,25
TC2	17	11	1	6,25
S ₁ e TC	-	-	0	0,00
<u>ACAMAMENTO E QUEBRAMENTO (%)</u>				
S ₁	21	13	-	-
TC1	11	9	0	0,00
TC2	14	11	1	4,76
S ₁ e TC	-	-	0	0,00
<u>FLORESCIMENTO MASCULINO (dias)</u>				
S ₁	9	5	-	-
TC1	11	7	0	0,00
TC2	9	6	1	11,11
S ₁ e TC	-	-	0	0,00
<u>FLORESCIMENTO FEMININO (dias)</u>				
S ₁	16	13	1	-
TC1	7	3	2	6,25
TC2	19	11	0	12,50
S ₁ e TC	-	-	-	0,00
<u>INTERVALO ENTRE FLORESCIMENTOS (dias)</u>				
S ₁	12	10	-	-
TC1	16	10	1	8,33
TC2	11	7	0	0,00
S ₁ e TC	-	-	0	0,00
<u>ALTURA DA PLANTA (cm)</u>				
S ₁	21	16	-	-
TC1	11	6	0	0,00
TC2	12	6	0	0,00
S ₁ e TC	-	-	0	0,00
<u>ALTURA DA ESPIGA(cm)</u>				
S ₁	13	9	-	-
TC1	16	8	0	0,00
TC2	15	11	1	7,69
S ₁ e TC	-	-	0	0,00
<u>POSIÇÃO RELATIVA DA ESPIGA</u>				
S ₁	19	14	-	-
TC1	19	9	3	15,79
TC2	10	7	2	10,53
S ₁ e TC	-	-	0	0,00

^a S₁, TC1, TC2 e S₁ e TC referem-se as linhagens S₁, aos testecrosses do testador L-04-05F, aos testecrosses do testador L-02-03D e considerando os dois testecrosses, respectivamente.

^b número e porcentagem de QTL que foram mapeados nas linhagens e que foram mapeados em regiões congruentes nos testecrosses (sobreposição dos intervalos de confiança).

2.2.2.3 Correlações entre as médias das linhagens e dos testecrosses e coincidência dos testecrosses superiores selecionados

As correlações entre as médias preditas com base nos efeitos dos QTL das linhagens (\bar{X}_{QS_1}) e as médias fenotípicas dos testecrosses (\bar{X}_{FT}) para PG foram de 0,13 e 0,23 para os TC1 e para os TC2, respectivamente e, para os demais caracteres, foram encontradas estimativas variando de 0,23 para IF nos TC2 a 0,44 para PROL nos TC1. Considerando as médias das linhagens preditas com base em todos os marcadores (\bar{X}_{GS_1}) e as \bar{X}_{FT} , as correlações para PG foram de 0,13 e 0,26 para os TC1 e TC2, respectivamente. Para os demais caracteres, a menor estimativa ocorreu para ACQ nos TC1 (0,27) e, a maior, para FF em ambos os testecrosses (0,62) (Tabela 2.5). As correlações considerando as \bar{X}_{QS_1} apresentaram estimativas inferiores àquelas considerando as \bar{X}_{GS_1} , indicando que possivelmente muitos locos que afetam os caracteres não foram detectados no mapeamento de QTL. Estes resultados são coerentes com aqueles reportados (MEUWISSEN; HAYES; GODDARD, 2001; BERNARDO; YU, 2007; LORENZANA; BERNARDO, 2009), que mostram que as \bar{X}_{GS_1} são mais precisas que as \bar{X}_{QS_1} , fornecendo valores mais próximos das médias fenotípicas (\bar{X}_{FS_1}). Assim como foi observado considerando as \bar{X}_{FS_1} , quando utilizou-se informações de marcadores moleculares, os menores coeficientes de correlação foram obtidos para PG e ACQ, e os maiores para os caracteres de ciclo e estatura da planta. Embora os testadores utilizados sejam de origens diferentes, não houve efeito destes nos coeficientes de correlação tanto considerando as \bar{X}_{QS_1} como as \bar{X}_{GS_1} . Mesmo aplicando informações de marcadores moleculares, só é possível prever o desempenho dos testecrosses a partir de informações das linhagens para os caracteres de ciclo e estatura da planta mas, para os caracteres com acentuado efeito de dominância e mais complexos, como a produção de grãos e o acamamento, a seleção deve ser realizada a partir da avaliação dessas linhagens em cruzamentos. Portanto, para PG e ACQ, não é possível utilizar a seleção genômica nas linhagens para prever as médias de seus testecrosses.

Tabela 2.5 – Coeficientes de correlação entre as médias fenotípicas (\bar{X}_{FS_1}), preditas com base nos efeitos dos QTL (\bar{X}_{QS_1}) e preditas com base em todos os marcadores (\bar{X}_{GS_1}) das linhagens S₁ com as médias fenotípicas dos testecrosses (TC) para diversos caracteres

Testecross ^a	Caráter ^b	\bar{X}_{FS_1}	\bar{X}_{QS_1}	\bar{X}_{GS_1}
TC1	PG (t ha ⁻¹)	0,11 ^{ns}	0,13 [*]	0,13 [*]
	ACQ (%)	0,35 ^{**}	0,32 ^{**}	0,27 ^{**}
	FM (dias)	0,54 ^{**}	0,28 ^{**}	0,49 ^{**}
	FF (dias)	0,67 ^{**}	0,38 ^{**}	0,62 ^{**}
	IF (dias)	0,53 ^{**}	0,32 ^{**}	0,49 ^{**}
	AP (cm)	0,44 ^{**}	0,25 ^{**}	0,37 ^{**}
	AE (cm)	0,57 ^{**}	0,28 ^{**}	0,46 ^{**}
	PRE	0,66 ^{**}	0,44 ^{**}	0,57 ^{**}
TC2	PG (t ha ⁻¹)	0,29 ^{**}	0,23 ^{**}	0,26 ^{**}
	ACQ (%)	0,37 ^{**}	0,26 ^{**}	0,35 ^{**}
	FM (dias)	0,65 ^{**}	0,30 ^{**}	0,53 ^{**}
	FF (dias)	0,73 ^{**}	0,36 ^{**}	0,62 ^{**}
	IF (dias)	0,58 ^{**}	0,23 ^{**}	0,52 ^{**}
	AP (cm)	0,40 ^{**}	0,31 ^{**}	0,36 ^{**}
	AE (cm)	0,55 ^{**}	0,24 ^{**}	0,44 ^{**}
	PRE	0,65 ^{**}	0,41 ^{**}	0,56 ^{**}

^{ns}, ^{*}, ^{**} Não significativo, significativo a 0,05 e significativo a 0,01 de probabilidade pelo teste t, respectivamente.

^a TC1 e TC2 refere-se aos testecrosses com o testador L-04-05F e com o testador L-02-03D, respectivamente.

^b PG (Produção de grãos em toneladas por hectare); ACQ (acamamento e quebramento de plantas em porcentagem de plantas acamadas e quebradas por parcela); FM (florescimento masculino em dias); FF (florescimento feminino em dias); IF (intervalo entre florescimentos em dias); AP (altura da planta em cm); AE (altura da espiga em cm); PRE (posição relativa da espiga).

A seleção de testecrosses com base nas \bar{X}_{FS_1} , nas \bar{X}_{QS_1} e nas \bar{X}_{GS_1} das linhagens foi ineficiente, pois o número de coincidência de linhagens S₁ e testecrosses selecionados foi muito baixa, principalmente para PG e ACQ. Para a intensidade de seleção de 10%, para PG, nos TC1 ocorreram 2, 2 e 3 testecrosses coincidentes, e para os TC2 houve 6, 5 e 6 coincidências, considerando as \bar{X}_{FS_1} , \bar{X}_{QS_1} e \bar{X}_{GS_1} , respectivamente. Para os demais caracteres, foram encontradas coincidências variando de 2 para ACQ considerando a \bar{X}_{QS_1} nos TC1, até 16 para FF considerando a \bar{X}_{FS_1} nos TC2. Considerando uma intensidade de seleção de 20%, para PG, nos TC1 ocorreram 12, 13 e 12 testecrosses coincidentes e, nos TC2 houve coincidência de 15, 12 e

16 testecrosses, considerando as \bar{X}_{FS_1} , \bar{X}_{QS_1} e \bar{X}_{GS_1} , respectivamente. Nos demais caracteres foram obtidas coincidências variando de 12 para ACQ nos TC2 considerando a \bar{X}_{QS_1} , até 35 considerando as \bar{X}_{FS_1} de FM e FF nos TC2 (Tabela 2.6). Assim como foi observado para os coeficientes de correlação, não ocorreu efeito acentuado do testador na coincidência de testecrosses selecionados, ou seja, a coincidência foi baixa nos dois testecrosses. Para as duas intensidades de seleção utilizadas, as maiores coincidências de testecrosses geralmente ocorreram para os caracteres de ciclo e estatura da planta, ou seja, para os caracteres menos complexos e com predominância de efeitos aditivos. Já para os caracteres mais complexos e com predominância de efeitos de dominância, como a produção de grãos, a coincidência de testecrosses foi muito reduzida, independente da intensidade de seleção considerada, indicando que para esses caracteres essa coincidência, provavelmente, ocorreu ao acaso. Esses resultados podem ser explicados considerando-se as informações das correlações estimadas pois, independente de se considerar informação fenotípica ou dos marcadores moleculares das linhagens, as correlações mais elevadas foram obtidas justamente para os caracteres de ciclo e estatura da planta.

Assim como proposto quando se consideram informações fenotípicas, mesmo utilizando-se a seleção genômica, para os caracteres de ciclo e estatura da planta esta pode ser iniciada, de forma branda, durante a fase de obtenção das linhagens mas, para os caracteres mais complexos, como a produção de grãos, a seleção deve ser realizada a partir da avaliação dos cruzamentos das linhagens (MIHALJEVIC et al., 2005). Portanto, quando se pretende utilizar informações de marcadores moleculares para se praticar seleção genômica em testecrosses para esses caracteres, tanto quando se utilizam informações dos efeitos dos QTL como de todos os marcadores do genoma, estas informações devem ser obtidas, obrigatoriamente, em populações de testecrosses e não em populações de linhagens.

Comparando os três tipos de seleção, verifica-se que, para as duas intensidades de seleção consideradas e em ambos os testecrosses, a quantidade de testecrosses superiores coincidentes não diferiu de forma acentuada quando se considerou os dados fenotípicos, de QTL e de todos os marcadores das linhagens, sendo que quando ocorreu diferença, as maiores porcentagens de coincidência foram observadas para as médias fenotípicas e as previstas considerando todos os marcadores das linhagens. Portanto, a seleção genômica pode ser realizada nas linhagens, para os

caracteres de ciclo e estatura da planta, o que irá aumentar a eficiência dos programas de melhoramento, já que a seleção pode ser realizada por meio da genotipagem da semente ou plântula, acelerando o tempo necessário para completar um ciclo de seleção (LORENZANA; BERNARDO, 2009), permitindo aumentar o tamanho das amostras e direcionar os recursos disponíveis para os melhores genótipos. A aplicação da seleção genômica em caracteres como tolerância à doenças, que geralmente apresentam herança menos complexa, pode ser uma ferramenta fundamental para os programas de melhoramento, já que permite selecionar genótipos tolerantes/resistentes nas fases iniciais da cultura e sem que o patógeno esteja presente na área, permitindo um screening inicial e a eliminação dos genótipos susceptíveis à esses patógenos (MOREIRA et al., 2009).

Tabela 2.6 – Coincidência de linhagens S_1 e testecrosses superiores selecionados, em porcentagem e número (entre parênteses), considerando a seleção baseada na média fenotípica (\bar{X}_{FS_1}), predita com base nos efeitos dos QTL (\bar{X}_{QS_1}) e predita com base em todos os marcadores (\bar{X}_{GS_1}) das linhagens S_1 e as médias fenotípicas dos testecrosses (TC), com 10% (26 genótipos selecionados) e 20% (52 genótipos selecionados) de intensidade de seleção

Testecross ^a	Caráter ^b	IS = 10% (26)			IS = 20% (52)		
		\bar{X}_{FS_1}	\bar{X}_{QS_1}	\bar{X}_{GS_1}	\bar{X}_{FS_1}	\bar{X}_{QS_1}	\bar{X}_{GS_1}
TC1	PG	7,69 (2)	7,69 (2)	11,54 (3)	23,08 (12)	25,00 (13)	23,08 (12)
	ACQ	15,38 (4)	7,69 (2)	15,38 (4)	38,46 (20)	26,92 (14)	28,85 (15)
	FM	19,23 (5)	15,38 (4)	26,92 (7)	46,15 (24)	34,62 (18)	46,15 (24)
	FF	42,31 (11)	30,77 (8)	34,62 (9)	59,62 (31)	42,31 (22)	57,69 (30)
	IF	42,31 (11)	19,23 (5)	30,77 (8)	46,15 (24)	38,46 (20)	51,92 (27)
	AP	30,77 (8)	26,92 (7)	23,08 (6)	42,31 (22)	32,69 (17)	34,62 (18)
	AE	34,62 (9)	34,62 (9)	30,77 (8)	46,15 (24)	38,46 (20)	42,31 (22)
	PRE	46,15 (12)	30,77 (8)	50,00 (13)	51,92 (27)	42,31 (22)	48,08 (25)
TC2	PG	23,08 (6)	19,23 (5)	23,08 (6)	28,85 (15)	23,08 (12)	30,77 (16)
	ACQ	19,23 (5)	19,23 (5)	23,08 (6)	30,77 (16)	23,08 (12)	25,00 (13)
	FM	34,62 (9)	30,77 (8)	34,62 (9)	67,31 (35)	38,46 (20)	57,69 (30)
	FF	61,54 (16)	38,46 (10)	50,00 (13)	67,31 (35)	40,38 (21)	65,38 (34)
	IF	26,92 (7)	23,08 (6)	34,62 (9)	50,00 (26)	34,62 (18)	55,77 (29)
	AP	26,92 (7)	23,08 (6)	11,54 (3)	36,54 (19)	40,38 (21)	34,62 (18)
	AE	19,23 (5)	11,54 (3)	7,69 (2)	44,23 (23)	32,69 (17)	44,23 (23)
	PRE	53,85 (14)	34,62 (9)	46,15 (12)	51,92 (27)	40,38 (21)	48,08 (25)

^a TC1 e TC2 refere-se aos testecrosses com o testador L-04-05F e com o testador L-02-03D, respectivamente.

^b PG (Produção de grãos em toneladas por hectare); ACQ (acamamento e quebramento de plantas em porcentagem de plantas acamadas e quebradas por parcela); FM (florescimento masculino em dias); FF (florescimento feminino em dias); IF (intervalo entre florescimentos em dias); AP (altura da planta em cm); AE (altura da espiga em cm); PRE (posição relativa da espiga).

2.3 Considerações Finais e Implicações para o Melhoramento

Os resultados mostram que as correlações entre os caracteres nas linhagens e nos seus testecrosses são reduzidas para os caracteres com predominância de efeitos de dominância e medianos para os caracteres com predominância de efeitos aditivos. Mesmo para os caracteres que apresentam correlação mediana, as coincidências de QTL mapeados nas linhagens e nos testecrosses é muito baixa, o que pode ser devido aos efeitos de dominância ou epistáticos dos QTL e/ou pelos efeitos dos alelos específicos dos testadores (GROH et al., 1998; AUSTIN et al., 2000; MIHALJEVIC et al., 2005). Dessa forma, a grande maioria dos QTL responsáveis pela expressão de um caráter nas linhagens não estão se expressando ou sua expressão é muito diferente nos testecrosses obtidos a partir dessas linhagens, provavelmente porque a expressão dos QTL é influenciada pelo background genético da população. Além disso, devido à condição homocigota das linhagens, que não é uma condição normal em milho, o fenótipo de uma linhagem pode ser “mascarado” por um ou poucos pares de locos com genes deletérios em homocigose e, com o cruzamento dessas linhagens homocigotas em testecrosses, restaura-se a heterocigose destes locos e, portanto, a condição natural para essa espécie, eliminando a expressão da maioria dos genes deletérios que estavam em homocigose (SOUZA JR., 2001).

A partir disso, verifica-se que mesmo utilizando-se informações dos marcadores para selecionar testecrosses superiores a partir de informações das linhagens, os resultados são semelhantes aqueles obtidos quando se consideram informações fenotípicas das linhagens, independente do testador utilizado. Dessa forma, mesmo utilizando a seleção genômica, esta pode ser iniciada durante a fase de obtenção das linhagens, de forma branda e apenas para os caracteres menos complexos e com reduzido efeito de dominância. Para os caracteres mais complexos e que apresentam acentuado efeito de dominância, a seleção deve ser realizada, obrigatoriamente, a partir da avaliação das linhagens em cruzamentos e, portanto, para esse grupo de caracteres, as informações dos marcadores para uso na seleção devem ser obtidas e utilizadas diretamente na população de testecrosses.

Outro ponto interessante, é que a heterose ocorre devido à complementação e, sobretudo, pelo acúmulo de blocos gênicos favoráveis nos parentais, durante os seguidos ciclos de melhoramento recorrente de linhagens (obtenção de linhagens elites, formação de sintéticos de base estreita, novo ciclo de seleção e, assim, sucessivamente). Assim, a heterose é fruto de um

trabalho de melhoramento contínuo, em que se constroem blocos gênicos favoráveis de forma complementar nos sintéticos dos diferentes grupos heteróticos (HALLAUER; MIRANDA FILHO, 1988). Nesse contexto, a segregação/variabilidade necessárias para estudos de mapeamento de QTL pode ser desfavorável, já que, com ela, devido às recombinações na meiose, esses blocos podem ser quebrados. No caso deste trabalho, isso pode ter sido especialmente importante, porque as duas linhagens parentais da população pertencem a grupos heteróticos diferentes e um dos testadores é derivado do mesmo sintético de uma das linhagens parentais da população.

Embora para alguns caracteres a utilização dos marcadores não possibilite prever o comportamento dos testecrosses a partir de informações das linhagens, para outros, sua utilização como ferramenta para auxiliar a seleção de genótipos superiores nos programas de melhoramento pode aumentar a eficiência do processo seletivo, diminuindo o tempo necessário para completar cada ciclo de seleção (JOHNSON, 2004). Dessa forma, aumenta-se o ganho obtido por ano em relação à seleção fenotípica (LORENZANA; BERNARDO, 2009), o que pode ser muito vantajoso, principalmente quando a avaliação do fenótipo é difícil, cara, consome muito tempo, exige mão de obra especializada, é subjetiva, ou ainda, quando exige ambientes específicos. Por não depender do ambiente, a seleção genômica pode ser realizada na fase de plântula ou até diretamente na semente, possibilitando o descarte inicial de grande quantidade de genótipos, permitindo o aumento da amostra e, também, o direcionamento dos recursos para os genótipos mais promissores (EATHINGTON et al., 2007). A escolha do melhorista de utilizar ou não os marcadores moleculares como ferramenta nos programas de melhoramento vai depender da relação custo/benefício de sua aplicação, sendo a decisão de adotar essa estratégia uma particularidade de cada programa.

Referências

- AUSTIN, D.F.; LEE, M.; VELDBOOM, L.R.; HALLAUER, A.R. Genetic mapping in maize with hybrid progeny across testers and generations: grain yield and grain moisture. **Crop Science**, Madison, v. 40, p. 30-39, Jan./Feb. 2000.
- BASTEN, C.J.; WEIR, B.S.; ZENG, Z-B. **QTL cartographer**. Raleigh: North Carolina State University, Department of Statistics, 2001. 161 p.

_____. **QTL cartographer**: version 1.17. Raleigh: North Carolina State University, Department of Statistics, 2003.

BEAVIS, W.D.; SMITH, O.S.; GRANT, D.; FINCHER, R.R. Identification of quantitative trait loci using a small sample of topcrossed and F4 progeny from maize. **Crop Science**, Madison, v. 34, n. 4, p. 882-896, July/Aug. 1994.

BERKE, T.G.; ROCHEFORD, T.R. Quantitative trait loci for flowering, plant and ear height, and kernel traits in maize. . **Crop Science**, Madison, v. 35, p. 1542-1549, 1995.

BERNARDO, R. **Breeding for quantitative traits in plants**. Woodbury: Stemma Press, 2002. 369 p.

_____. Molecular markers and selection for complex traits in plants: learning from the last 20 years. **Crop Science**, Madison, v. 48, p. 1649-1664, 2008.

_____. Genome wide selection for rapid introgression of exotic germplasm in maize. **Crop Science**, Madison, v. 49, p. 419-425, 2009.

BERNARDO, R.; YU, J. Prospects for genome wide selection for quantitative traits in maize. **Crop Science**, Madison, v. 47, p. 1082-1090, 2007.

BOUCHEZ, A.; HOSPITAL, F.; CAUSSE, M.; GALLAIS, A.; CHARCOSSET, A. Marker-assisted introgression of favorable alleles at quantitative trait loci between maize elite lines. **Genetics**, Austin, v. 162, p. 1945-1959, 2002.

BURDICK, R.K.; GRAYBILL, F.A. **Confidence intervals on variance components**. New York: Marcel Dekker, v.127, 1992. 211 p.

COCHRAN, W.G.; COX, G.M. **Experimental design**. 2nd ed. New York: John Wiley, 1966. 611 p.

EAST, E.M. Inbreeding in corn. **Connecticut Agricultural Experiment Station Report for 1907**, New Haven, p. 419-428, 1908.

_____. The distinction between development and heredity in inbreeding. **The American Naturalist**, Chicago, v. 43, p. 173-181, 1909.

EATHINGTON, S.R.; CROSBIE, T.M.; EDWARDS, M.D.; REITER, R.S.; BULL, J.K. Molecular markers in a commercial breeding program. **Crop Science**, Madison, v. 47, n. 3, p. S154-S163, 2007.

FALCONER, D.S.; MACKAY, T.F.C. **Introduction to quantitative genetics**. 4th ed. London: Longman Scientific e Technical, 1996. 464 p.

GODDARD, M.E.; HAYES, B.J. Genomic selection. **Journal Animal Breeding Genetics**, Berlin, v. 124, p. 323-330, 2007.

- GROH, S.; KHAIRALLAH, M.M.; GONZÁLEZ-DE-LEON, D.; WILLCOX, M.; JIANG, C.; HOISINGTON, D.A.; MELCHINGER, A.E. Comparison of QTLs mapped in RILs and their test-cross progenies of tropical maize for insect resistance and agronomic traits. **Plant Breeding**, Berlin, v. 117, p. 193-202, 1998.
- HALLAUER, A.R.; MIRANDA FILHO, J.B. **Quantitative genetics in maize breeding**. 2nd ed. Ames: Iowa States University Press, 1988. 468 p.
- HEFFNER, E.L.; SORRELLS, M.E.; JANNINK, J.L. Genomic selection for crop improvement. **Crop Science**, Madison, v. 49, p. 1-12, 2009.
- HENDERSON, C.R. **Applications of linear models in animal breeding**. Ontario: University of Guelph, 1984.
- HOSPITAL, F.; MOREAU, L.; CHARCOSSET, A.; GALLAIS, A. More the efficiency of marker assisted selection. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v. 95, p. 1181-1189, 1997.
- JIANG, C.; ZENG, Z. Multiple trait analysis of genetic mapping for quantitative trait loci. **Genetics**, Austin, v. 140, n. 3, p. 1111-1127, July 1995.
- JOHNSON, R. Marker-assisted selection. **Plant Breeding**, Berlin, v. 24, p. 293-309, 2004.
- JONES, D.F. The effects of inbreeding and crossbreeding upon development. **Connecticut Agricultural Experiment Station Bulletin**, New Haven, v. 207, p. 5-100, 1918.
- KNAPP, S.J.; STROUP, W.W.; ROSS, W.M. Exact confidence intervals for heritability on a progeny means basis. **Crop Science**, Madison, v. 25, n. 1, p. 192-194, 1985.
- KOLBEHDARI, D.; SCHAEFFER, L.R.; ROBINSON, J.A.B. Estimation of genome-wide haplotype effect in half-sib designs. **Journal Animal Breeding Genetics**, Berlin, v. 124, p. 356-361, 2007.
- KOSAMBI, D.D. The estimation of map distances from recombination values. **Annual Eugenics**, London, v. 12, p. 172-175, 1944.
- LANDER, E.S.; BOTSTEIN, D. Mapping Mendelian factors underlying quantitative traits using RFLP linkage maps. **Genetics**, Austin, v. 121, n. 1, p. 185-199, Jan. 1989.
- LEGARRA, A.; MISZTAL, I. Computing strategies in genome-wide selection. **Journal of Dairy Science**, Lancaster, v. 91, n. 1, p. 360-366, 2008.
- LIMA, M.L.A.; SOUZA JR., C.L. de; VIEIRA, D.A.; de SOUZA, A.P.; GARCIA, L.C. Mapping QTL for grain yield and plant traits in a tropical maize population. **Molecular Breeding**, Dordrecht, v. 17, n. 3, p. 227-239, 2006.

LINCOLN, S.E.; DALY, M.J.; LANDER, E.S. **Constructing genetic maps with Mapmaker Exp 3.0**. 3rd ed. Cambridge: Whitehead Institute for Biometrical Research, 1992. 230 p.

LIU, X.; FU, J.; GU, D.; LIU, W.; LIU, T.; PENG, Y.; WANG, J.; WANG, G. Genome-wide analysis of gene expression profiles during the kernel development of maize (*Zea mays* L.). **Genomics**, San Diego, v.91, p.378-387, 2008.

LONG, N.; GIANOLA, D.; ROSA, G.J.M.; WEIGEL, K.A.; AVENDAÑO, S. Machine learning classification procedure for selecting SNPs in genomic selection: application to early mortality in broilers. **Journal Animal Breeding Genetics**, Berlin, v. 124, p. 377-389, 2007.

LORENZANA, R.E.; BERNARDO, R. Accuracy of genotypic value predictions for marker-based selection in biparental plant populations. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v. 120, p. 151-161, 2009.

LU, H.; ROMERO-SEVERSON, J.; BERNARDO, R. Genetic basis of heterosis explored by simple sequence repeat markers in a random-mated maize population. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v. 107, p. 494–502, 2003.

LYNCH, M.; WALSH, B. **Genetics and analysis of quantitative traits**. Massachusetts: Sinauer Sunderland, 1998. 980 p.

MEUWISSEN, T.H.E.; HAYES, B.J.; GODDARD, M.E. Prediction of total genetic value using genome-wide dense marker maps. **Genetics**, Austin, v. 157, p. 1819-1829, 2001.

MIHALJEVIC, R.; SCHON, C.C.; UTZ, H.F.; MELCHINGER, A.E. Correlations and QTL correspondence between line per se and testcross performance for agronomic traits in four populations of European maize. **Crop Science**, Madison, v. 45, p. 114-122, Jan./Feb. 2005.

MOREIRA, J.U.V.; BENTO, D.A.V.; SOUZA, A.P.; SOUZA JR., C.L. QTL mapping for reaction to *Phaeosphaeria* leaf spot in a tropical maize population. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v. 119, p. 1361-1369, 2009.

RESENDE, M.D.V; LOPES, P.S.; SILVA, R.L. da; PIRES, I.E. Seleção Genômica Ampla (GWS) e maximização da eficiência do melhoramento genético. **Pesquisa Florestal Brasileira**, Colombo, n. 56, p. 63-77, jan./jun. 2008.

SAS INSTITUTE. **SAS OnlineDoc®**: version 8. Cary, 1999.

SHULL, G.H. The composition of a field of maize. **American Breeders Association Reports**, Washington, v. 4, p. 296-301, 1908.

_____. A pure line method of corn breeding. **American Breeders Association Reports**, Washington, v. 5, p. 51-59, 1909.

_____. Hybridization methods in corn breeding. **American Breeders Association Reports**, Washington, v. 6, p. 63-72, 1910.

SIBOV, S.T.; SOUZA JÚNIOR, C.L.; GARCIA, A.A.F.; GARCIA, A.F.; SILVA, A.R.; MANGOLIN, C.A.; BENCHIMOL, L.L.; SOUZA, A.P. Molecular mapping in tropical maize (*Zea mays* L.) using microsatellite markers. 1. Map construction and localization of loci showing distorted segregation. **Hereditas**, Lund, v. 139, n. 2, p. 96-106, 2003.

SOUZA JÚNIOR, C.L. Melhoramento de espécies alógamas. In: NASS, L.L.; VALOIS, A.C.C.; MELO, I.S.; VALADARES-INGLIS, M.C. (Ed.). **Recursos genéticos e melhoramento de plantas**. Rondonópolis: Fundação MT, 2001. cap. 8, p. 159-199.

STEEL, R.G.D.; TORRIE, J.H. **Principles and procedures of statistics**. New York: McGraw-Hill, 1980. 633 p.

STUBER, C.W.; SISCO, P. Marker-facilitated transfer of QTL alleles between elite inbred lines and responses in hybrids. In: ANNUAL CORN AND SHORGHUM RESEARCH CONFERENCE, 46., 1992, Washington. **Proceedings...** Washington: Am. Seed Trade Assoc., 1992. p. 104-113.

VIEIRA, C.; PASYUKOVA, E.G.; ZENG, Z.B.; HACKETTE, J.B.; LYMAN, R.F.; MACKAY, T.F.C. Genotype-environment interaction for quantitative trait loci affecting life span in *Drosophila melanogaster*. **Genetics**, Austin, v. 154, p. 213-227, 2000.

ZENG, Z-B. Precision mapping of quantitative trait loci. **Genetics**, Austin, v. 136, n. 4, p. 1457-1466, Apr. 1994.

3 USO DA SELEÇÃO GENÔMICA E FENOTÍPICA EM LINHAGENS PARA PREDIÇÃO DE TESTECROSSES EM MILHO II: PRODUÇÃO DE GRÃOS E SEUS COMPONENTES

Resumo

A produção de grãos do milho é o principal caráter de interesse no melhoramento genético e se caracteriza por ser controlado por um grande número de locos e a sua expressão sofrer acentuado efeito do ambiente. A produção de grãos é função direta dos seus componentes e, como esses são menos complexos que a própria produção, sofrem menor efeito do ambiente, além de serem altamente correlacionados com a produção. Por causa disso, os componentes podem ser utilizados para se praticar seleção indireta com o intuito de aumentar a produção. Há tempos os melhoristas buscam maneiras de prever as performances de híbridos a partir de informações das linhagens utilizadas na sua obtenção. Uma das aplicações mais promissoras dos marcadores moleculares é a sua utilização na seleção de genótipos superiores. Os objetivos desse estudo foram: mapear QTL para a produção de grãos e os seus componentes nas linhagens e para a produção de grãos nos testecrosses e verificar a congruência destes; obter médias preditas para a produção e para os componentes da produção nas linhagens com base em informações dos marcadores moleculares e estimar coeficientes de correlação entre a produção e os componentes das linhagens e a produção dos seus testecrosses; e verificar a coincidência de linhagens S_1 e testecrosses superiores selecionados com base nas médias preditas das linhagens. Foram avaliadas 256 linhagens S_1 e 512 testecrosses dessas linhagens com dois testadores distintos, em experimentos em látices simples 16x16 em seis ambientes. Nas linhagens foram analisados os caracteres produção de grãos, prolificidade, comprimento de espiga, diâmetro de espiga, número de fileiras de grãos, número de grãos por fileira, profundidade do grão e peso médio de grãos e, nos testecrosses, a produção de grãos. Para o mapeamento de QTL nas linhagens e nos testecrosses foi utilizado um mapa genético com 177 marcadores microssatélites e o modelo de mapeamento por intervalo composto expandido para análise em múltiplos ambientes. Foram obtidas as médias fenotípicas das linhagens e dos testecrosses e, também, as médias preditas das linhagens com base nos efeitos dos QTL e com base em todos os marcadores do genoma. Os coeficientes de correlações considerando as médias fenotípicas das linhagens e dos testecrosses não foram significativos para a maioria dos componentes e, nos casos em que houve significância, as magnitudes destas foram baixas. Poucos QTL detectados para a produção de grãos e os componentes nas linhagens foram congruentes com QTL detectados para produção de grãos nos testecrosses. As correlações entre as médias preditas das linhagens e as médias fenotípicas dos testecrosses apresentaram resultados semelhantes àqueles obtidos considerando as médias fenotípicas das linhagens. As porcentagens de coincidências de linhagens S_1 e de testecrosses superiores selecionados foi muito reduzida para todos os caracteres. Para todos os resultados obtidos não foi observado efeito acentuado do testador. Com os resultados obtidos pode-se concluir que não é possível praticar seleção para produção de grãos nos testecrosses a partir de informações da produção de grãos ou de seus componentes nas linhagens, mesmo utilizando-se informações de marcadores moleculares.

Palavras-chave: Produção de grãos; Componentes da produção; Linhagem; Testecrosses; Correlação; QTL; Seleção assistida por marcadores moleculares

Abstract

Grain yield is the most important trait in the plant breeding and is characterized by being controlled by large number of loci, undergoing accentuated environmental effect. Grain yield is a direct function of its components and these traits are less complex than the yield itself, with less environmental effect than yield, and are highly correlated with the yield. Thus, the components can be used for indirect selection to increase grain yield. Breeders have been trying to predict the performance of hybrids from information of their parental lines. One of the most promising application of molecular markers in plant breeding is their potential use to select superior genotypes. The objectives of this research were to map QTL for grain yield and yield components of S_1 maize lines and for grain yield of their testcrosses and verify its congruence; predict means for grain yield and their components of the lines by using information of molecular markers and to estimate correlations between the predict lines means and testcrosses means; verify the possibility to select testcrosses from the predict means of the lines. Two-hundred and fifty six S_1 lines and five-hundred and twelve testcrosses of these lines with two testers were evaluated in simple lattice 16x16 design in six environments. The traits analyzed in lines were: grain yield, prolificacy, ear length, ear diameter, row number per ear, kernels per row number, kernel depth and average weight of grain and, in the testcrosses, grain yield. A genetic map with 177 microsatellite markers and the multiple-environmental composite interval mapping model were used to map QTL in the lines and in their testcrosses. In addition to the phenotypic means of the two generations, the predicted means of the lines were computed based on QTL effects and based in all markers of the genome. The correlation coefficients considering the phenotypic means of the lines and the testcrosses were not significant for most of the grain yield components and, when they were, the magnitudes of these were low. Few QTL detected for grain yield and its components in the lines were coincident with the QTL mapped for yield in testcrosses. The correlations between the predict means of the lines and the phenotypic means of the testcrosses showed similar results to those obtained considering the phenotypic means of lines. The coincidence of the selected S_1 lines and testcrosses was very low for all traits, regardless of the selection intensity used. Tester effect was not observed, i. e., the results were similar for both testcrosses. With these results one can conclude that it is not possible to select grain yield in the testcrosses by using grain yield or its components information from the lines, even with the aid of molecular markers.

Keywords: Grain yield; Yield components; Lines; Testcrosses; Correlation; QTL; Marker assisted selection

3.1 Introdução

O sistema de endogamia-hibridação, idealizado por Shull (1908, 1909, 1910), East (1908, 1909) e Jones (1918), ainda permanece como o esquema de melhoramento mais importante para a produção comercial de híbridos de milho. Nesse esquema, linhagens endogâmicas são produzidas e selecionadas tanto por suas performances *per se* como pelo desempenho de seus

híbridos, sendo que a seleção de linhagens superiores é baseada na sua capacidade geral e específica de combinação. Geralmente, essas linhagens são avaliadas em testecrosses, utilizando-se para tanto um testador, oriundo de germoplasma distinto daquele do qual as linhagens foram obtidas. Como o cruzamento das linhagens com o testador e a condução de experimentos para avaliação dos testecrosses apresentam custo elevado, além de requerer grande quantidade de tempo e recursos humanos, informações das linhagens que possam ser indicativas da performance de seus testecrosses são desejáveis (MIHALJEVIC et al., 2005).

A produção de grãos em milho é o principal caráter de interesse para os melhoristas e para os agricultores. Sua principal característica é que ele é um caráter quantitativo, controlado por um grande número de locos (JUGENHEIMER, 1976; PATERNIANI, 1993) que possuem pequeno efeito individual sobre o fenótipo (GELDERMANN, 1975; COMSTOCK, 1978), apresentando baixas estimativas de coeficiente de herdabilidade (ROBINSON; COMSTOCK; HARVEY, 1949; HALLAUER; MIRANDA FILHO, 1988; MALVAR et al., 1996; AUSTIN; LEE, 1998). A produção de grãos é função direta dos seus componentes (JUGENHEIMER, 1976), que são a prolificidade ou número de espigas por planta, peso médio do grão, número de fileiras de grãos na espiga, número de grãos por fileira, comprimento da espiga, diâmetro da espiga e profundidade de grão e, como esses caracteres são menos complexos que a própria produção, apresentando maiores coeficientes de herdabilidade e sofrendo menor efeito do ambiente, além de serem correlacionados com a produção, eles podem ser utilizados para se praticar seleção indireta para produção de grãos (HALLAUER; MIRANDA FILHO, 1988; ARIAS; SOUZA JÚNIOR; TAKEDA, 1999; ALVES; RAMALHO; SOUZA, 2002).

Trabalhos de mapeamento de QTL são úteis para estudos de herança de caracteres de importância agrônômica/econômica, para o entendimento de fenômenos como a correlação entre caracteres e, ainda, para a aplicação dessas informações na realização de seleção, o que é conhecido como seleção assistida por marcadores moleculares (STUBER; SISCO, 1992; BERKE; ROCHEFORD, 1995; HOSPITAL et al., 1997; BOUCHEZ et al., 2002). Uma nova abordagem para utilização de marcadores moleculares para seleção assistida, conhecida como Genome-Wide Selection ou Seleção Genômica (SG), foi proposta por Meuwissen, Hayes e Goddard (2001). Essa metodologia vem sendo aplicada intensamente no melhoramento animal, apresentando resultados satisfatórios (KOLBEHDARI; SCHAEFFER; ROBINSON, 2007; GODDARD; HAYES, 2007; LONG et al., 2007; LEGARRA; MISZTAL, 2008) mas, no

melhoramento vegetal, a maioria dos estudos para avaliar esta metodologia utilizou-se de simulações (BERNARDO; YU, 2007; BERNARDO, 2008, 2009; LIU et al., 2008; RESENDE et al., 2008; HEFFNER; SORRELS; JANNINK, 2009).

Alguns estudos foram realizados com o intuito de verificar a coincidência de QTL mapeados em linhagens e nos híbridos e/ou testecrosses dessas linhagens, considerando diferentes caracteres e tipos de população (BEAVIS et al., 1994; GROH et al., 1998; AUSTIN et al., 2000; MIHALJEVIC et al., 2005). De maneira geral, foram encontrados poucos QTL coincidentes para todos os caracteres mas, no entanto, além de terem sido considerados os mesmos caracteres nas duas gerações, estas foram avaliadas em ambientes diferentes e, por isso, a baixa congruência de QTL pode ter ocorrido devido à elevada interação QTL x Ambiente. A realização de estudos de mapeamento de QTL em linhagens e nos seus testecrosses, para produção de grãos e seus componentes, quando as duas gerações são avaliadas no mesmo ambiente elimina a interação QTL x Ambiente das análises, permitindo uma comparação mais precisa da congruência de QTL entre essas duas gerações e, além disso, as informações obtidas podem ser utilizadas para selecionar testecrosses superiores com base em informações moleculares dos componentes das linhagens por meio da seleção indireta assistida por marcadores moleculares. Assim, os objetivos desse estudo foram: (i) mapear QTL para a produção de grãos e os componentes da produção em linhagens S_1 de milho e para a produção de grãos nos seus testecrosses e verificar a congruência entre esses QTL nessas duas gerações; (ii) estimar correlações entre as médias fenotípicas e preditas das linhagens com base em informações dos marcadores moleculares para a produção e os componentes da produção e as médias fenotípicas dos testecrosses para produção de grãos; e (iii) verificar a coincidência de linhagens S_1 e de testecrosses superiores selecionados usando informações de marcadores moleculares da produção de grãos e dos componentes das linhagens.

3.2 Desenvolvimento

3.2.1 Material e Métodos

3.2.1.1 Material genético

As linhagens S_1 utilizadas neste trabalho foram obtidas do cruzamento entre as linhagens endogâmicas de milho L-14-04B e L-08-05F. A linhagem L-14-04B foi extraída da população BR-106 e apresenta grãos amarelo dentados e a linhagem L-08-05F foi extraída da população IG-1 e apresenta grãos alaranjado duros. Essas linhagens pertencem a grupos heteróticos distintos e apresentam divergência para vários caracteres (SIBOV et al., 2003). Estas linhagens foram cruzadas obtendo-se a geração F_1 , da qual foram escolhidas 4 plantas para serem autofecundadas obtendo-se a população F_2 . Essas 4 plantas foram selecionadas por meio de marcadores microsatélites para a presença dos alelos parentais. A seguir, 256 plantas foram autofecundadas, obtendo-se as linhagens S_1 (progênies $F_{2;3}$). Estas foram cruzadas com duas linhagens testadoras, as linhagens L-04-05F e L-02-03D. A linhagem L-04-05F foi derivada da população IG-1 e a linhagem L-02-03D foi obtida da população IG-2. Esses testadores pertencem a grupos heteróticos distintos e apresentam divergências para vários caracteres. Para a obtenção dos testecrosses, as linhagens S_1 foram utilizadas como genitor feminino, em lotes isolados de despendoamento com cada testador, obtendo-se dois testecrosses para cada uma das linhagens S_1 , totalizando 256 testecrosses com a L-04-05F (TC1) e 256 testecrosses com a L-02-03D (TC2). As linhagens foram obtidas no programa de Melhoramento de Milho do Departamento de Genética da ESALQ/USP. Assim, para este trabalho, foram utilizadas as 256 linhagens S_1 e seus respectivos testecrosses.

3.2.1.2 Procedimento experimental

A avaliação das linhagens S_1 e dos testecrosses foi realizada em seis ambientes, sendo cada combinação local x ano considerada como um ambiente distinto. As 256 linhagens e seus respectivos testecrosses foram avaliados nas Estações Experimentais Departamento de Genética (ESALQ/USP) e Anhembi, sendo os experimentos conduzidos durante três anos agrícolas, com

duas repetições por ambiente, instalando-se os experimentos das linhagens e dos testecrosses em áreas adjacentes e, portanto, no mesmo ambiente. Tanto no experimento das linhagens como nos dois experimentos dos testecrosses, o delineamento experimental utilizado foi o látice simples 16x16. Para os testecrosses, cada experimento foi composto por 128 testecrosses de cada uma das linhagens testadoras, sendo alocado, no outro experimento, os outros 128 testecrosses restantes para cada testador, e as repetições de cada experimento foram casualizadas na área experimental. Cada parcela foi constituída de uma linha de 4 m semeadas com 50 sementes restando, após o desbaste, 20 plantas em cada parcela. O espaçamento entre plantas foi de 0,20 m e, entre parcelas de 0,80 m, correspondendo a uma população de 62.500 plantas ha⁻¹. Nas linhagens S₁ foram analisados os caracteres: produção de grãos (PG, em t ha⁻¹), ajustada para 15% de umidade e corrigida para estande médio; prolificidade (PROL, em número de espigas parcela⁻¹), corrigida para o estande médio; comprimento de espiga (CE, em cm); diâmetro de espiga (DE, em cm); número de fileiras de grãos (NFI); número de grãos por fileira (NGF); profundidade do grão (PFG, em cm, obtida por [(DE – diâmetro de sabugo)/2]); e peso médio de 500 grãos (PMÉDIO, em gramas); e, nos testecrosses, a produção de grãos (PG, em t ha⁻¹) ajustada para 15% de umidade e corrigida para estande médio.

3.2.1.3 Análises de variância e covariância

Todas as análises estatístico-genéticas foram realizadas utilizando-se o programa computacional SAS (SAS INSTITUTE, 1999). Para cada experimento das linhagens e dos testecrosses foram realizadas análises de variância individuais, seguindo-se o modelo matemático para experimento em látice (COCHRAN; COX, 1966). Com as médias ajustadas obtidas das análises individuais foram realizadas análises de variância conjunta dos experimentos, utilizando um modelo aleatório. Para os testecrosses, além das análises conjuntas, foram realizadas análises de variância conjunta agrupada, sendo agrupados os dois experimentos realizados para os testecrosses. A partir das esperanças dos quadrados médios das análises de variância conjunta e agrupada, foram estimadas as variâncias fenotípicas em nível de médias ($\hat{\sigma}_F^2$), variâncias genéticas ($\hat{\sigma}_G^2$), variâncias da interação genótipo x ambiente ($\hat{\sigma}_{G \times A}^2$), variâncias do resíduo ($\hat{\sigma}_R^2$) e herdabilidades ao nível de médias (\hat{h}_x^2), pelas seguintes expressões: $\hat{\sigma}_F^2 = (QM_G) / kl$,

$\hat{\sigma}_G^2 = (QM_G - QM_{GxA}) / kl$, $\hat{\sigma}_{GxA}^2 = (QM_{GxA} - QM_R) / k$, $\hat{\sigma}_R^2 = QM_R$ e $\hat{h}_x^2 = \hat{\sigma}_G^2 / \hat{\sigma}_F^2$, em que QM_G é o quadrado médio de genótipos; QM_{GxA} é o quadrado médio da interação genótipos x ambientes; QM_R é o quadrado médio do resíduo e k e l são o número de repetições e locais, respectivamente. As estimativas dos intervalos de confiança para os componentes da variância, com 95% de probabilidade, foram estimados segundo Burdick e Graybill (1992) e, para a estimativa do intervalo de confiança do coeficiente de herdabilidade, também com 95% de probabilidade, foi utilizada a metodologia proposta por Knapp, Stroup e Ross (1985).

Foram realizadas as análises de covariância entre as linhagens S_1 e os testecrosses de cada testador, e utilizando-se dos mesmos procedimentos das análises de variância, foram estimadas as covariâncias genéticas entre as linhagens e os testecrosses ($C\hat{O}V_{Gxy}$) e as covariâncias fenotípicas médias entre as linhagens e os testecrosses ($C\hat{O}V_{\bar{F}xy}$) por: $C\hat{O}V_{Gxy} = (PM_{TLxy} - PM_{(TL)Axy}) / kl$ e $C\hat{O}V_{\bar{F}xy} = PM_{TLxy} / kl$, em que PM_{TLxy} é o produto médio do caráter para as linhagens e para os testecrosses, $PM_{(TL)Axy}$ é o produto médio da interação do caráter das linhagens e dos testecrosses com o ambiente e k e l são o número de repetições e locais, respectivamente. A seguir foram estimados os coeficientes de correlação genética (\hat{r}_{Gxy}) e fenotípica ($\hat{r}_{\bar{F}xy}$) dos caracteres entre as linhagens e os testecrosses por: $\hat{r}_{Gxy} = C\hat{O}V_{Gxy} / \sqrt{\hat{\sigma}_{Gx}^2 \hat{\sigma}_{Gy}^2}$ e $\hat{r}_{\bar{F}xy} = C\hat{O}V_{\bar{F}xy} / \sqrt{\hat{\sigma}_{\bar{F}x}^2 \hat{\sigma}_{\bar{F}y}^2}$, em que $\hat{\sigma}_{Gx}^2$ e $\hat{\sigma}_{Gy}^2$ referem-se às variâncias genéticas do caráter para as linhagens e para os testecrosses, respectivamente, e $\hat{\sigma}_{\bar{F}x}^2$ e $\hat{\sigma}_{\bar{F}y}^2$ são as variâncias fenotípicas do caráter para as linhagens e para os testecrosses, respectivamente. O teste t ($t = \hat{r}_{xy} / s(\hat{r}_{xy})$) foi utilizado para avaliar as significâncias destas, sendo as metodologias de Steel e Torrie (1980) e de Falconer e Mackay (1996) utilizadas para estimar os erros padrões ($s(\hat{r}_{xy})$) das correlações fenotípicas e genéticas, respectivamente.

3.2.1.4 Mapa genético

Para a construção do mapa genético foram utilizados 177 marcadores microssatélites e o programa Mapmaker versão 3.0 (LINCOLN et al., 1992), no qual foi considerado o valor de $LOD=3$ e 50,0 cM de distância máxima entre marcadores adjacentes, sendo as frequências de

recombinação convertidas em distância (cM) utilizando a função de Kosambi (KOSAMBI, 1944). Detalhes sobre o desenvolvimento deste mapa foi descrito por Sibov et al. (2003), ao qual foram acrescentados 60 novos marcadores. Este mapa possui 10 grupos de ligação (10 cromossomos), com comprimento total de 2.055,8 cM, e intervalo médio entre marcadores adjacentes de 12,31 cM.

3.2.1.5 Mapeamento de QTL

Utilizou-se o programa QTL Cartographer versão 1.17 (BASTEN; WEIR; ZENG, 2003), considerando “*window size*” de 10 cM e “*walking speed*” de 1 cM e o módulo *Jzmapqtl*, que realiza o mapeamento por intervalo composto (CIM) (ZENG, 1994) expandido para análise em múltiplos ambientes (JIANG; ZENG, 1995). Para o mapeamento nas linhagens (eq. 1) e nos testecrosses (eq. 2) foram utilizados os modelos:

$$y_{jm} = b_{0m} + b_m^* x_j^* + d_m^* z_j^* + \sum_l^t (b_{lm} x_{jl} + d_{lm} z_{jl}) + e_{jm} \quad (1)$$

$$y_{jm} = b_{0m} + \alpha_m^* x_j^* + \sum_l^t (b_{lm} x_{jl}) + e_{jm} \quad (2)$$

em que, em ambos os modelos, y_{jm} é o valor fenotípico do j -ésimo genótipo avaliado no m -ésimo ambiente; b_{0m} é o efeito médio do modelo para o ambiente m ; x_j^* é a variável identificadora do genótipo do provável QTL que assume valores 0, 1 e 2 para os genótipos qq , Qq e QQ , respectivamente, segundo probabilidades que dependem da fração de recombinação entre o marcador i e o QTL, condicionais aos genótipos dos marcadores flanqueadores i e $i+1$; b_{lm} é o coeficiente de regressão parcial entre os valores fenotípicos e os valores atribuídos a x_{jl} ; x_{jl} são as variáveis identificadoras associadas ao cofator l , assumindo t marcadores selecionados como cofatores e e_{jm} é o efeito residual associado ao j -ésimo genótipo no m -ésimo ambiente. Além desses, no modelo das linhagens (eq. 1), b_m^* é o efeito aditivo do provável QTL referente ao ambiente m ; d_m^* é o efeito de dominância do provável QTL referente ao ambiente m ; z_j^* é a variável identificadora do genótipo do provável QTL, que assume valores 0 e 1 para os genótipos homocigotos (qq ou QQ) e heterocigoto (Qq), respectivamente,

segundo probabilidades que dependem da fração de recombinação entre o marcador i e o QTL, condicionais aos genótipos dos marcadores flanqueadores i e $i+1$; d_{im} é o coeficiente de regressão parcial entre os valores fenotípicos e os valores atribuídos a z_{ji} ; e z_{ji} são as variáveis identificadoras associadas ao cofator l , assumindo t marcadores selecionados como cofatores; e, no modelo dos testecrosses (eq. 2), α_m^* é o efeito de substituição alélica do provável QTL referente ao ambiente m .

Os cofatores considerados nas análises foram selecionados por ambiente, utilizando o procedimento de regressão “stepwise” (*forward/backward*), com $\alpha = 0,05$ para inclusão e exclusão dos marcadores no modelo. Após a obtenção dos cofatores, foi realizada uma nova seleção dentre os cofatores selecionados, deixando-se no máximo os cinco cofatores mais informativos em cada ambiente. Isso foi feito para evitar a superparametrização do modelo, o que pode resultar em viéses nas estimativas obtidas (BASTEN; WEIR; ZENG, 2001).

O programa utiliza-se do teste da razão de verossimilhança (TRV) para testar a presença de QTL nos diversos ambientes, com H_0 sendo $a_1 = a_2 = \dots = a_m = 0$ e/ou $d_1 = d_2 = \dots = d_m = 0$ para as linhagens e $\alpha_1 = \alpha_2 = \dots = \alpha_m = 0$ para os testecrosses. Para a interação QTL x Ambiente, a H_0 testada refere-se a $a_1 = a_2 = \dots = a_m$ e/ou $d_1 = d_2 = \dots = d_m$ para as linhagens e $\alpha_1 = \alpha_2 = \dots = \alpha_m$ para os testecrosses. Os valores dos limites críticos para declarar a presença de QTL e interação QTL x Ambiente foram obtidos calculando-se o número de testes independentes (NT) como: $NT = \sum_1^l [(T_l/32) + 1]$, em que T_l é o comprimento, em centimorgans, do l -ésimo grupo de ligação e 32 corresponde à soma entre o *window size* e o comprimento médio dos intervalos do mapa. Os limites críticos apresentam distribuição de χ^2 com $m+1$ graus de liberdade para a presença de QTL e $m-1$ graus de liberdade para a interação QTL x Ambiente (VIEIRA et al., 2000). Estes valores, para este estudo, foram de 25,3 e de 21,4 e que correspondem a *LOD scores* de 5,5, e 4,7, respectivamente. Estes valores são superiores à maioria daqueles utilizados em milho (MIHALJEVIC et al., 2005; LIMA et al., 2006).

Para os testecrosses os efeitos aditivos para os QTL são: $a^* = (a-d)/2$ e $a^* = (a+d)/2$, para os alelos favoráveis e desfavoráveis dos testadores, respectivamente. Assim, obtêm-se os efeitos de uma substituição alélica (α), multiplicando-se os efeitos aditivos (a^*) por 2. Os sinais

dos efeitos aditivos e de substituições alélicas foram utilizados para identificar a origem (direção) dos alelos que contribuem para aumentar o caráter. A linhagem parental L-14-04B apresenta performance superior a L-08-05F para a maioria dos caracteres e, portanto, sinais positivos dos efeitos mencionados indicam que os alelos que contribuem para aumentar o caráter originaram da L-14-04B, e sinais negativos indicam que estes originaram da L-08-05F.

O grau de dominância (GD) de cada QTL foi estimado por: $GD = |d|/|a|$, e o grau médio de dominância (GMD), considerando todos os QTL, foi estimado ponderando-se os valores de GD pelos respectivos $R_{gen_i}^2$, isto é, $GMD = \sum_1^i R_{gen_i}^2 GD_i / \sum_1^i R_{gen_i}^2$, em que $R_{gen_i}^2$ refere-se à percentagem da variação genética explicada pelo i -ésimo QTL. As estimativas da percentagem da variação fenotípica (R_{fen}^2) explicada por cada QTL foram obtidas por meio das expressões: $R_{fen}^2 = (\hat{\sigma}_g^2 QTL / \hat{\sigma}_F^2) \times 100$, em que $\hat{\sigma}_g^2 QTL = (1/2)a^2 + (1/4)d^2$ para as linhagens e $\hat{\sigma}_g^2 QTL = (1/8)\alpha^2$ para os testecrosses e, a estimativa de R_{gen}^2 , foi obtida por $R_{gen}^2 = R_{fen}^2 / \hat{h}_x^2$.

3.2.1.6 Congruência dos QTL mapeados nas linhagens e nos testecrosses

Para identificar a congruência de posições entre os QTL detectados nas linhagens S_1 e nos seus testecrosses foram estimados os intervalos de confiança para cada QTL mapeado, denominado “*one-LOD support interval*” (LANDER; BOTSTEIN, 1989), em que na posição do QTL mapeado subtrai-se ao TRV o valor de 1 *LOD score*, ou seja, o valor de 4,61 (LYNCH; WALSH, 1998). Os intervalos de confiança dos QTL detectados em regiões congruentes nas linhagens e nos testecrosses foram comparados, sendo que, quando ocorreu sobreposição desses intervalos, foi considerado que se trata, provavelmente, do mesmo QTL.

3.2.1.7 Obtenção das médias preditas das linhagens

As médias preditas das linhagens S_1 com base nos efeitos dos QTL (\bar{X}_{QS_1}), desconsiderando-se os efeitos epistáticos destes, foram obtidas pela seguinte equação (eq. 3):

$$\hat{y} = \hat{\mu}1 + X\hat{\beta} \quad (3)$$

em que \hat{y} é o vetor com as médias preditas das linhagens S_1 ; $\hat{\mu}$ é a média geral das linhagens S_1 ; $\mathbf{1}$ é um vetor de uns; \mathbf{X} é a matriz dos preditores genéticos dos efeitos aditivos e de dominância dos QTL mapeados, com dimensão $N_{S_1} \times (2 \times N_{QTL})$, sendo $N_{S_1} = 256$ e N_{QTL} o número de QTL mapeados; e $\hat{\beta}$ é o vetor dos valores genéticos dos QTL mapeados, ou seja, os efeitos aditivos e de dominância dos QTL mapeados. Os preditores dos efeitos aditivos (a) foram obtidos pela diferença das probabilidades condicionais dos QTL apresentarem os genótipos QQ e qq, dados os genótipos dos marcadores flanqueadores desse QTL, e os preditores dos efeitos de dominância (d) foram obtidos com base nas probabilidades condicionais dos QTL apresentarem o genótipo Qq, dados os genótipos dos marcadores flanqueadores, isto é, Preditor (a) = $P(QQ/Mi_Mj_)$ – $P(qq/Mi_Mj_)$; e Preditor (d) = $P(Qq/Mi_Mj_)$. As probabilidades foram obtidas utilizando-se o pacote R/QTL do software R.

Os valores genotípicos (genéticos) dos marcadores moleculares foram obtidos utilizando o modelo misto (eq. 4):

$$\mathbf{y} = \boldsymbol{\mu}\mathbf{1} + \mathbf{X}\mathbf{g} + \mathbf{e} \quad (4)$$

em que: \mathbf{y} é o vetor de dimensão $N_{S_1} \times 1$ ($N_{S_1} = 256$) com as médias fenotípicas das linhagens S_1 ; $\boldsymbol{\mu}$ corresponde à média fenotípica geral das linhagens S_1 ; $\mathbf{1}$ é o vetor de uns de dimensão $N_{S_1} \times 1$ que relaciona a média ao vetor \mathbf{y} ; \mathbf{X} é a matriz de dimensões $N_{S_1} \times N_M$ ($N_M=177$), com elementos 1 se a planta S_1 é homocigota para o marcador originado da linhagem L14-04B, e -1 se a planta S_1 é homocigota para o marcador originado da linhagem L08-05F e 0 se for heterocigoto; \mathbf{g} é o vetor $N_M \times 1$ dos valores genéticos dos marcadores (VGM/BLUP), considerado aleatório, a serem estimados; e \mathbf{e} é o vetor $N_M \times 1$ dos resíduos.

Os valores genéticos dos marcadores foram estimados utilizando a metodologia de modelos mistos (HENDERSON, 1984) obtendo-se os BLUP's destes, considerando constantes as variâncias genéticas dos marcadores e iguais a σ_G^2 / Nm , em que σ_G^2 é a variância genética das linhagens S_1 e Nm o número de marcadores (MEUWISSEN; HAYES; GODDARD, 2001). Com os genótipos dos marcadores das linhagens S_1 e as estimativas dos valores genéticos destes, foram obtidas as médias preditas das linhagens com base em todos os marcadores do genoma (\bar{X}_{GS_1}), pela equação (5):

$$\hat{y} = \hat{\mu}\mathbf{1} + \mathbf{X}\hat{\mathbf{g}} \quad (5)$$

cujos parâmetros correspondem àqueles descritos na equação 4, apresentando mesma dimensão, diferenciando-se apenas por: \hat{y} ser o vetor com as estimativas das médias preditas das linhagens S_1 ; $\hat{\mu}$ a estimativa da média geral das linhagens S_1 ; e \hat{g} o vetor com as estimativas dos valores genéticos dos marcadores.

3.2.1.8 Correlações e coincidência dos testecrosses superiores selecionados

Foram estimados coeficientes de correlações entre as médias fenotípicas e preditas das linhagens e as médias fenotípicas dos testecrosses para os dois testadores. Foram selecionadas as linhagens S_1 com base nas médias fenotípicas, nas \bar{X}_{QS_1} e nas \bar{X}_{GS_1} , e os dois testecrosses com base nas médias fenotípicas, com intensidades de seleção de 10% (26 genótipos) e 20% (52 genótipos). A seguir contou-se o número de genótipos superiores das linhagens e dos testecrosses que coincidiram nestas seleções.

3.2.2 Resultados e Discussão

3.2.2.1 Análises de variância e covariância

Detectaram-se diferenças altamente significativas ($p \leq 0,01$) para linhagens e para a interação linhagens x ambientes para todos os caracteres analisados, mostrando a presença de variabilidade genética e performance diferencial das linhagens nos diversos ambientes. Para os testecrosses foram, também, detectadas diferenças altamente significativas, mas não detectaram-se significâncias para a interação destes com o ambiente para todos os caracteres em ambos testecrosses. Para produção de grãos (PG), as médias das linhagens diferiram das médias de ambos os testecrosses e, entre estes, não ocorreu diferença significativa entre os TC1 e os TC2. Comparando os intervalos de variação da PG nas linhagens e nos testecrosses, verifica-se que as linhagens apresentaram maior amplitude de variação e, considerando os intervalos entre os dois testecrosses, verifica-se que os TC2 apresentaram maior variação. Para PG, o coeficiente de variação experimental nas linhagens apresentou maior valor que o dos testecrosses, provavelmente devido a maior média destes e, para os componentes da produção nas linhagens, os valores foram reduzidos (Tabela 3.1). Esses resultados indicam que os dados foram obtidos

com boa precisão experimental e estão de acordo com os obtidos em trabalhos existentes na literatura envolvendo esses mesmos caracteres (HALLAUER; MIRANDA FILHO, 1988; LEON; COORS, 2002; BENTO; RAMALHO; SOUZA, 2003; LIMA et al., 2006).

As estimativas dos componentes de variância para os caracteres das linhagens foram todas positivas e significativas ($p \leq 0,05$). No caso dos testecrosses, apenas a interação Testecrosses x Ambiente da produção de grãos para os dois testadores foi nula. Para a PG, as magnitudes das estimativas da variância genética foram maiores nas linhagens em relação aos testecrosses, o que era esperado, já que as linhagens apresentaram maior amplitude de variação da média. As magnitudes das variâncias genéticas da PG entre os testecrosses foram estatisticamente diferentes ($p \leq 0,05$), sendo que os TC2 apresentaram a maior estimativa. A variância genética dos testecrosses é função da divergência genética da população e do efeito de substituição alélica do testador nos locos que controlam o caráter, o qual depende do seu grau de dominância (BERNARDO, 2002). Observando os intervalos de variação das médias dos dois testecrosses, observa-se que nos TC2 esta variação foi maior, resultando em maior variabilidade e, além disso, a L-04-05F, usada como testadora, apresenta origem comum com um dos parentais da população de linhagens, resultando em menor divergência desse testador com a população de linhagens em relação à do outro testador (Tabela 3.1).

Tanto para os caracteres nas linhagens como para a produção nos testecrosses, os coeficientes de herdabilidade com base em médias foram significativamente diferentes de zero ($p \leq 0,05$), sendo as maiores estimativas obtidas para a produção e os componentes das linhagens e, as menores, para a produção de grãos dos testecrosses. Para a PG, foram obtidas estimativas de 0,90, 0,68 e 0,72 para as linhagens S₁, os TC1 e os TC2, respectivamente. Para os componentes da produção nas linhagens, as estimativas variaram de 0,83 para PROL a 0,91 para DE (Tabela 3.1). As maiores magnitudes de herdabilidade obtidas nas linhagens podem estar ocorrendo em função da presença de maior variabilidade genética nessa geração em relação aos testecrosses, o que se deve à existência de elevada endogamia e maior quantidade de genótipos homocigotos nas linhagens em relação aos testecrosses. No entanto, para os componentes da produção destas, isto pode ser devido à menor complexidade e menor influência ambiental destes caracteres em relação à própria produção, o que justifica a utilização desses componentes para praticar seleção indireta para a produção (MAITA; COORS, 1996; LEON; COORS, 2002; BENTO; RAMALHO; SOUZA, 2003). Com relação aos dois testecrosses, não ocorreu diferença

significativa entre as herdabilidades destes. Considerando os caracteres e o número de ambientes de avaliação, os valores obtidos nesse estudo estão de acordo com os reportados por Hallauer e Miranda Filho (1988).

O coeficiente de correlação genética entre a PG nas linhagens e nos TC1 não foi significativo e, para os TC2, foi de 0,35. Para os componentes da produção das linhagens e a PG dos testecrosses, estas estimativas variaram de -0,17 para PMÉDIO nos TC1 até 0,38 para a PROL nos TC2. As correlações fenotípicas entre a PG das duas gerações também não foi significativa para os TC1 e, para os TC2, esta estimativa foi de 0,29. Para os componentes da produção as correlações fenotípicas variaram de -0,13 para PMÉDIO nos TC1 até 0,30 para PROL nos TC2 (Tabela 3.2). Apesar de algumas correlações terem sido significativas e até altamente significativas, os valores obtidos para essas estimativas são muito baixos, não fornecendo valor preditivo para a produção dos testecrosses, tanto a partir da produção como a partir dos componentes da produção nas linhagens. Assim, embora a seleção indireta para produção de grãos possa ser praticada eficientemente com base em informações dos componentes da produção para a mesma geração (MAITA; COORS, 1996; LEON; COORS, 2002; BENTO; RAMALHO; SOUZA, 2003), não é possível utilizar informações dos componentes da produção em linhagens, para praticar seleção indireta para a produção de grãos nos testecrosses obtidos a partir dessas linhagens. É possível observar que existe certa influência do testador utilizado nos coeficientes de correlação, já que os TC2 apresentaram maior número de correlações significativas em relação aos TC1, mas estas são tão baixas que, dificilmente, trarão alguma resposta na produção dos testecrosses.

Tabela 3.1 – Quadrados médios do genótipo (QMG), da interação genótipo x ambiente (QMG x A), coeficiente de variação (CV%), média geral, intervalo de variação (IV) da média, variância genética ($\hat{\sigma}_G^2$), variância da interação genótipo x ambiente ($\hat{\sigma}_{G \times A}^2$), variância fenotípica ao nível de médias ($\hat{\sigma}_F^2$), herdabilidade ao nível de médias (\hat{h}_x^2) e seus respectivos intervalos de confiança^a (entre colchetes), para a produção de grãos e os componentes da produção nas linhagens S₁ e para a produção de grãos nos testecrosses (TC)

Geração ^b	Caráter ^c	QMG	QMG x A	CV%	Média (IV)	$\hat{\sigma}_G^2$	$\hat{\sigma}_{G \times A}^2$	$\hat{\sigma}_F^2$	\hat{h}_x^2	
S ₁	PG (t ha ⁻¹)	22,93**	2,20**	19,91	5,27 (2,01;10,67)	1,73 [1,44;2,12]	0,69 [0,61;0,79]	1,91 [1,62;2,29]	0,90 [0,88;0,92]	
	CE (cm)	8,64**	1,35**	5,59	14,60 (12,30;16,83)	0,61 [0,50;0,76]	0,25 [0,20;0,33]	0,72 [0,61;0,86]	0,85 [0,81;0,87]	
	DE (cm) ^d	0,54**	0,05**	4,11	3,89 (3,41;4,45)	0,41 [0,34;0,50]	0,14 [0,12;0,16]	0,45 [0,38;0,54]	0,91 [0,89;0,92]	
	NFI	12,25**	0,87**	5,61	11,77 (9,11;15,34)	0,95 [0,80;1,16]	0,19 [0,15;0,23]	1,02 [0,86;1,22]	0,93 [0,91;0,94]	
	NGF	83,33**	11,27**	7,95	29,85 (22,37;36,25)	6,00 [4,98;7,46]	2,85 [2,42;3,42]	6,94 [5,88;8,33]	0,86 [0,84;0,89]	
	PFG (cm) ^d	0,05**	0,01**	6,87	0,83 (0,65;1,00)	0,35 [0,29;0,43]	0,16 [0,13;0,19]	0,40 [0,34;0,48]	0,87 [0,84;0,89]	
	PMÉDIO (g)	1.832,39**	258,51**	8,28	137,23 (102,48;167,45)	131,16 [108,38;162,73]	59,92 [49,92;73,52]	152,70 [129,31;183,10]	0,86 [0,83;0,88]	
	PROL (esp.) ^d	0,23**	0,04**	14,75	0,95 (0,51;1,37)	0,16 [0,13;0,20]	0,09 [0,08;0,11]	0,19 [0,16;0,23]	0,83 [0,79;0,86]	
	TC1	PG (t ha ⁻¹)	1,76**	0,57 ^{ns}	9,93	9,81 (8,44;11,31)	0,10 [0,08;0,13]	0,00	0,15 [0,12;0,18]	0,68 [0,61;0,74]
	TC2	PG (t ha ⁻¹)	3,04**	0,85 ^{ns}	9,93	10,53 (7,33;12,55)	0,18 [0,15;0,24]	0,00	0,25 [0,21;0,30]	0,72 [0,66;0,77]

^{ns}, ** Não significativo e significativo a 0,01 de probabilidade pelo teste F, respectivamente.

^a Intervalos de confiança obtidos com 0,95 de probabilidade

^b S₁, TC1 e TC2 referem-se as linhagens S₁, aos testecrosses do testador L-04-05F e aos testecrosses do testador L-02-03D, respectivamente.

^c PG (produção de grãos em toneladas por hectare); CE (comprimento da espiga em cm); DE (diâmetro da espiga em cm); NFI (número de fileiras de grãos); NGF (número de grãos por fileira); PFG (profundidade de grãos em cm); PMÉDIO (peso médio de 500 grãos em gramas); PROL (profundidade em número de espigas por planta).

^d Para DE e PROL as variâncias genética, da interação genótipo por ambiente e fenotípica foram multiplicadas por 10 e, para PFG, foram multiplicadas por 100.

Tabela 3.2 - Coeficientes de correlação fenotípica (\hat{r}_F) e genética (\hat{r}_G) entre os componentes da produção das linhagens S₁ e a produção de grãos nos testecrosses (TC)

Caráter ^a	PG - TC1 (Testador L-0405F)		PG - TC2 (Testador L-0203D)	
	\hat{r}_F	\hat{r}_G	\hat{r}_F	\hat{r}_G
PG (t ha ⁻¹)	0,11 ^{ns}	0,12 ^{ns}	0,29 ^{**}	0,35 ^{**}
CE (cm)	-0,05 ^{ns}	-0,08 ^{ns}	0,02 ^{ns}	0,02 ^{ns}
DE (cm)	0,06 ^{ns}	0,06 ^{ns}	0,17 ^{**}	0,21 ^{**}
NFI	0,02 ^{ns}	0,01 ^{ns}	0,04 ^{ns}	0,05 ^{ns}
NGF	0,07 ^{ns}	0,08 ^{ns}	0,18 ^{**}	0,23 ^{**}
PFG (cm)	0,14 [*]	0,17 ^{**}	0,20 ^{**}	0,25 ^{**}
PMÉDIO (g)	-0,13 [*]	-0,17 ^{**}	0,01 ^{ns}	0,01 ^{ns}
PROL (esp.)	0,21 ^{**}	0,25 ^{**}	0,30 ^{**}	0,38 ^{**}

^{ns}, ^{*}, ^{**} Não significativo, significativo a 0,05 e significativo a 0,01 de probabilidade pelo teste t, respectivamente.

^a PG (produção de grãos em toneladas por hectare); CE (comprimento da espiga em cm); DE (diâmetro da espiga em cm); NFI (número de fileiras de grãos); NGF (número de grãos por fileira); PFG (profundidade de grãos em cm); PMÉDIO (peso médio de 500 grãos em gramas); PROL (prolificidade em número de espigas por planta).

3.2.2.2 Mapeamento de QTL e congruência dos QTL mapeados

O número de QTL mapeado para PG nas linhagens S₁ foi de 16, dos quais 88% apresentaram interação com o ambiente. No mapeamento para os componentes da produção nas linhagens foram encontrados números de QTL variando de 9 para NGF até 23 para PROL, sendo a menor porcentagem de QTL apresentando interação significativa com ambiente observada para NFI (25%) e a maior para CE (81%). Para a produção de grãos dos testecrosses foram mapeados 16 e 17 QTL nos TC1 e TC2, respectivamente. Dos QTL mapeados nos TC1, 50% apresentaram interação significativa com o ambiente e, nos TC2, 65% interagiram significativamente com o ambiente (Tabela 3.3). Assim como em outros estudos da literatura, foram mapeados um grande número de QTL para todos os caracteres e grande quantidade dos QTL apresentaram interação significativa com o ambiente (MIHALJEVIC et al., 2005; LIMA et al., 2006).

Apenas 1 QTL de PG foi coincidente entre as linhagens e os TC1 e TC2 e, considerando os componentes da produção nas linhagens, o número de QTL coincidentes foi reduzido para todos eles. Para os TC1 este número variou de 1 para NGF e PFG até 6 para PROL e, para os TC2, variou de 1 para NFI e PMÉDIO até 4 para PROL. Considerando os dois testecrosses simultaneamente, o maior número de QTL coincidentes foi de 1, e ocorreu para CE, DE, NFI, NGF e PROL (Tabela 3.3). Comparando os QTL para produção de grãos entre os dois

testecrosses, ocorreram apenas 4 QTL coincidentes (dados não apresentados). Isso sugere, portanto, que o mapeamento de QTL é influenciado pelo background genético da população e, ainda, que o testador utilizado influencia diretamente nas análises de mapeamento, indicando a ocorrência de interação QTL x Testador, provavelmente, devido aos efeitos dos alelos específicos do testador (BEAVIS et al., 1994; GROH et al., 1998; LU; ROMERO; BERNARDO, 2003; MIHALJEVIC et al., 2005).

A reduzida correlação entre a produção e os componentes da produção nas linhagens e a produção de seus testecrosses pode ser explicada pela baixa congruência entre os QTL de produção e dos componentes mapeados nas linhagens com os QTL de produção detectados nos testecrosses. É interessante destacar que para a PROL nas linhagens, embora a correlação tenha sido baixa, ela foi a maior dentre os componentes e, também, este foi o caráter que apresentou a maior congruência de QTL com a produção dos testecrosses, sugerindo que alguns dos QTL que afetam a PROL nas linhagens, também afetam a produção de grãos nos testecrosses dessas linhagens. Como os componentes e a produção são altamente correlacionados (HALLAUER; MIRANDA FILHO, 1988; ARIAS; SOUZA JÚNIOR; TAKEDA, 1999; ALVES; RAMALHO; SOUZA, 2002), era esperado que fossem detectados grande quantidade de QTL congruentes entre eles mas, no presente estudo, esses caracteres estão sendo considerados em diferentes gerações e, portanto, a baixa congruência de QTL observada pode ter ocorrido devido aos efeitos de dominância ou epistáticos dos QTL e/ou pelos efeitos dos alelos específicos dos testadores. Não existem trabalhos disponíveis na literatura considerando os mesmos caracteres utilizados nesse estudo para estas duas gerações. No entanto, em alguns trabalhos considerando os mesmos caracteres nas linhagens e nos cruzamentos dessas linhagens foram obtidos resultados semelhantes, onde foram encontrados coeficientes de correlação variando de reduzidos a intermediários, mas poucos QTL foram coincidentes entre as duas gerações (BEAVIS et al., 1994; GROH et al., 1998; AUSTIN et al., 2000; MIHALJEVIC et al., 2005).

Tabela 3.3 - Número de QTL mapeados, número de QTL com interação significativa com o ambiente, porcentagem e número (entre parênteses) de QTL de produção de grãos e dos seus componentes das linhagens S_1 coincidentes com os QTL de produção de grãos dos testecrosses (TC)

Geração ^a	Caráter ^b	Nº QTL	Nº QTL x AMBIENTE	% QTL Coincidentes (nº QTL Coincidentes) ^c		
				TC1 ^d	TC2 ^d	S_1 e TC ^d
S_1	PG (t ha ⁻¹)	16	14	6,25 (1)	6,25 (1)	0,00 (0)
	CE (cm)	16	13	12,50 (2)	12,50 (2)	6,25 (1)
	DE (cm)	16	8	12,50 (2)	18,75 (3)	6,25 (1)
	NFI	12	3	16,67 (2)	8,33 (1)	8,33 (1)
	NGF	9	5	11,11 (1)	33,33 (3)	11,11 (1)
	PFG (cm)	12	6	8,33 (1)	16,67 (2)	0,00 (0)
	PMÉDIO (g)	18	6	22,22 (4)	5,56 (1)	0,00 (0)
	PROL (esp.)	23	17	26,09 (6)	17,39 (4)	4,35 (1)
TC1	PG (t ha ⁻¹)	16	8	-	-	-
TC2	PG (t ha ⁻¹)	17	11	-	-	-

^a S_1 , TC1 e TC2 referem-se as linhagens S_1 , aos testecrosses do testador L-04-05F e aos testecrosses do testador L-02-03D, respectivamente.

^b PG (produção de grãos em toneladas por hectare); CE (comprimento da espiga em cm); DE (diâmetro da espiga em cm); NFI (número de fileiras de grãos); NGF (número de grãos por fileira); PFG (profundidade de grãos em cm); PMÉDIO (peso médio de 500 grãos em grammas); PROL (prolificidade em número de espigas por planta);.

^c % e número de QTL que foram mapeados nas linhagens e que foram mapeados em regiões congruentes nos testecrosses (sobreposição dos intervalos de confiança).

^d TC1, TC2 e S_1 e TC referem-se aos testecrosses do testador L-04-05F, aos testecrosses do testador L-02-03D e considerando os dois testecrosses, respectivamente.

3.2.2.3 Correlações entre as médias das linhagens e dos testecrosses e coincidência dos testecrosses superiores selecionados

As correlações entre as médias preditas com base nos efeitos dos QTL das linhagens (\bar{X}_{GS_1}) e as médias fenotípicas dos testecrosses (\bar{X}_{FT}) para PG foram de 0,13 e 0,23 para os TC1 e para os TC2, respectivamente e, para os componentes da produção, foram encontradas estimativas variando de 0,14 para CE nos TC2 até 0,19 para PROL nos TC1. Considerando as médias das linhagens preditas com base em todos os marcadores (\bar{X}_{GS_1}) e as \bar{X}_{FT} , as correlações para PG foram de 0,13 e 0,26 para os TC1 e TC2, respectivamente e, para os componentes, a menor estimativa ocorreu para PFG nos TC1 (0,15) e, a maior, para PROL nos TC2 (0,29) (Tabela 3.4). Para os casos de correlação significativa, aquelas considerando informações dos efeitos dos QTL foram, em geral, inferiores às obtidas considerando informações de todos os marcadores, indicando que, possivelmente, alguns locos que afetam os caracteres não foram

detectados no mapeamento de QTL e confirmando a maior eficiência para predição de médias quando se utilizam informações de todos os marcadores do genoma, ao invés de se utilizar apenas daqueles marcadores associados ao caráter por meio da análise de QTL. Estes resultados são coerentes com aqueles reportados (MEUWISSEN; HAYES; GODDARD, 2001; BERNARDO; YU, 2007; LORENZANA; BERNARDO, 2009), que mostram que as \bar{X}_{GS_1} são mais precisas que as \bar{X}_{QS_1} , apresentando valores mais próximos das médias fenotípicas (\bar{X}_{FS_1}). Assim como foi observado para as \bar{X}_{FS_1} , quando utilizou-se informações de marcadores, a maioria dos coeficientes de correlação não foram significativos e, nos casos em que houve significância dessas estimativas, os valores foram muito reduzidos. Além disso, embora os testadores utilizados sejam de origens diferentes, não houve efeito acentuado destes nos coeficientes de correlação tanto considerando as \bar{X}_{QS_1} como as \bar{X}_{GS_1} . Embora na mesma geração a seleção indireta possa trazer resultados satisfatórios (MAITA; COORS, 1996; LEON; COORS, 2002; BENTO; RAMALHO; SOUZA, 2003), mesmo utilizando informações dos marcadores moleculares, não é possível prever a produção de um testecross a partir de informações da produção ou dos componentes da produção das linhagens utilizadas na obtenção desse testecross.

Tabela 3.4 – Coeficientes de correlação entre as médias fenotípicas (\bar{X}_{FS_1}), preditas com base nos QTL (\bar{X}_{QS_1}) e preditas com base em todos os marcadores (\bar{X}_{GS_1}) da produção e dos componentes da produção das linhagens com a média fenotípica da produção de grãos dos testecrosses

Testecross ^a	Caráter ^b	\bar{X}_{FS_1}	\bar{X}_{QS_1}	\bar{X}_{GS_1}
TC1	PG (t ha ⁻¹)	0,11 ^{ns}	0,13 [*]	0,13 [*]
	CE (cm)	-0,05 ^{ns}	0,10 ^{ns}	-0,03 ^{ns}
	DE (cm)	0,06 ^{ns}	0,06 ^{ns}	0,03 ^{ns}
	NFI	0,02 ^{ns}	-0,07 ^{ns}	0,00 ^{ns}
	NGF	0,07 ^{ns}	0,00 ^{ns}	0,06 ^{ns}
	PFG (cm)	0,14 [*]	0,09 ^{ns}	0,15 [*]
	PMÉDIO (g)	-0,13 [*]	-0,07 ^{ns}	-0,08 ^{ns}
	PROL (esp.)	0,21 ^{**}	0,19 ^{**}	0,23 ^{**}
TC2	PG (t ha ⁻¹)	0,29 ^{**}	0,23 ^{**}	0,26 ^{**}
	CE (cm)	0,02 ^{ns}	0,14 [*]	0,01 ^{ns}
	DE (cm)	0,17 ^{**}	0,11 ^{ns}	0,11 ^{ns}
	NFI	0,04 ^{ns}	-0,07 ^{ns}	0,02 ^{ns}
	NGF	0,18 ^{**}	0,10 ^{ns}	0,18 ^{**}
	PFG (cm)	0,20 ^{**}	0,11 ^{ns}	0,19 ^{**}
	PMÉDIO (g)	0,01 ^{ns}	-0,09 ^{ns}	-0,03 ^{ns}
	PROL (esp.)	0,30 ^{**}	0,16 ^{**}	0,29 ^{**}

^{ns}, ^{*}, ^{**} Não significativo, significativo a 0,05 e significativo a 0,01 de probabilidade pelo teste t, respectivamente.

^a TC1 e TC2 referem-se aos testecrosses do testador L-04-05F e aos testecrosses do testador L-02-03D, respectivamente.

^b PG (produção de grãos em toneladas por hectare); CE (comprimento da espiga em cm); DE (diâmetro da espiga em cm); NFI (número de fileiras de grãos); NGF (número de grãos por fileira); PFG (profundidade de grãos em cm); PMÉDIO (peso médio de 500 grãos em gramas); PROL (prolificidade em número de espigas por planta).

A seleção de testecrosses com base nas \bar{X}_{FS_1} , nas \bar{X}_{QS_1} e nas \bar{X}_{GS_1} para a produção de grãos e para os seus componentes nas linhagens foi ineficiente, pois o número linhagens S_1 e testecrosses coincidentes foi muito baixo para todos os caracteres considerados. Para a intensidade de seleção de 10%, para PG, nos TC1 ocorreram 2, 2 e 3 testecrosses coincidentes, e para os TC2 houve 6, 5 e 6 coincidências, considerando as \bar{X}_{FS_1} , \bar{X}_{QS_1} e \bar{X}_{GS_1} , respectivamente. Para os componentes da produção não houve nenhuma coincidência para NFI considerando as \bar{X}_{QS_1} e as \bar{X}_{GS_1} , e para NGF considerando a \bar{X}_{GS_1} , nos TC1, e a maior coincidência ocorreu para PROL considerando a \bar{X}_{FS_1} e a \bar{X}_{QS_1} nos TC2. Para a intensidade de seleção de 20%, para PG,

nos TC1 ocorreram 12, 13 e 12 testecrosses coincidentes e, nos TC2 houve coincidência de 15, 12 e 16 testecrosses, considerando as \bar{X}_{FS_1} , \bar{X}_{QS_1} e \bar{X}_{GS_1} , respectivamente. Nos componentes foram obtidas coincidências variando de 7 para NFI nos TC1 considerando a \bar{X}_{QS_1} , até 17 considerando as \bar{X}_{QS_1} e \bar{X}_{GS_1} de PROL nos TC2 (Tabela 3.5). Assim como foi observado para os coeficientes de correlação, não ocorreu efeito acentuado do testador na coincidência de testecrosses selecionados, ou seja, a coincidência foi baixa nos dois testecrosses. Para as duas intensidades de seleção utilizadas e para todos os caracteres considerados, a coincidência de testecrosses selecionados foi muito baixa e, confrontando esses resultados com os coeficientes de correlação obtidos, pode-se inferir que essa coincidência, na maioria dos casos, ocorreu ao acaso.

Comparando os três tipos de seleção pode-se verificar que, para as duas intensidades de seleção consideradas e em ambos os testecrosses, a quantidade de testecrosses superiores coincidentes não diferiu de forma acentuada quando se considerou os dados fenotípicos, de QTL e de todos os marcadores das linhagens, sendo que as variações observadas foram função do caráter considerado nas linhagens. Portanto, embora os marcadores moleculares possam apresentar excelente aplicabilidade como ferramenta nos programas de melhoramento genético em algumas situações (BERNARDO, 2009), não é possível utilizar a Seleção Genômica para selecionar testecrosses mais produtivos com base em informações da produção ou dos componentes da produção nas linhagens e, portanto, quando se pretende utilizar informações de marcadores para se praticar seleção assistida indireta em testecrosses, as informações dos marcadores devem ser obtidas, obrigatoriamente, em populações de testecrosses e não de linhagens.

Tabela 3.5 – Coincidência de linhagens S_1 e de testecrosses superiores selecionados, em porcentagem e número de testecrosses (entre parênteses), considerando a seleção baseada na média fenotípica (\bar{X}_{FS_1}), predita com base nos QTL (\bar{X}_{QS_1}) e predita com base em todos os marcadores (\bar{X}_{GS_1}) da produção e dos componentes da produção das linhagens e as médias fenotípicas da produção de grãos dos testecrosses, com 10% (26 genótipos selecionados) e 20% (52 genótipos selecionados) de intensidade de seleção

Testecross ^a	Caráter ^b	IS = 10% (26)			IS = 20% (52)		
		\bar{X}_{FS_1}	\bar{X}_{QS_1}	\bar{X}_{GS_1}	\bar{X}_{FS_1}	\bar{X}_{QS_1}	\bar{X}_{GS_1}
TC1	PG (t ha ⁻¹)	7,69 (2)	7,69 (2)	11,54 (3)	23,08 (12)	25,00 (13)	23,08 (12)
	CE (cm)	7,69 (2)	11,54 (3)	7,69 (2)	17,31 (9)	30,77 (16)	19,23 (10)
	DE (cm)	15,38 (4)	7,69 (2)	3,85 (1)	21,15 (11)	21,15 (11)	19,23 (10)
	NFI	11,54 (3)	0,00 (0)	0,00 (0)	25,00 (13)	13,46 (7)	17,31 (9)
	NGF	15,38 (4)	0,00 (0)	15,38 (4)	21,15 (11)	25,00 (13)	26,92 (14)
	PFG (cm)	19,23 (5)	19,23 (5)	15,38 (4)	23,08 (12)	25,00 (13)	23,08 (12)
	PMÉDIO (g)	7,69 (2)	15,38 (4)	7,69 (2)	15,38 (8)	23,08 (12)	17,31 (9)
	PROL (esp.)	7,69 (2)	11,54 (3)	3,85 (1)	23,08 (12)	28,85 (15)	25,00 (13)
TC2	PG (t ha ⁻¹)	23,08 (6)	19,23 (5)	23,08 (6)	28,85 (15)	23,08 (12)	30,77 (16)
	CE (cm)	19,23 (5)	23,08 (6)	19,23 (5)	21,15 (11)	23,08 (12)	17,31 (9)
	DE (cm)	15,38 (4)	7,69 (2)	15,38 (4)	15,38 (8)	25,00 (13)	21,15 (11)
	NFI	19,23 (5)	11,54 (3)	15,38 (4)	21,15 (11)	23,08 (12)	19,23 (10)
	NGF	19,23 (5)	15,38 (4)	15,38 (4)	21,15 (11)	26,92 (14)	23,08 (12)
	PFG (cm)	11,54 (3)	11,54 (3)	15,38 (4)	21,15 (11)	17,31 (9)	21,15 (11)
	PMÉDIO (g)	11,54 (3)	11,54 (3)	11,54 (3)	19,23 (10)	15,38 (8)	17,31 (9)
	PROL (esp.)	26,92 (7)	26,92 (7)	19,23 (5)	30,77 (16)	32,69 (17)	32,69 (17)

^a TC1 e TC2 referem-se aos testecrosses do testador L-04-05F e aos testecrosses do testador L-02-03D, respectivamente.

^b PG (produção de grãos em toneladas por hectare); CE (comprimento da espiga em cm); DE (diâmetro da espiga em cm); NFI (número de fileiras de grãos); NGF (número de grãos por fileira); PFG (profundidade de grãos em cm); PMÉDIO (peso médio de 500 grãos em gramas); PROL (prolificidade em número de espigas por planta).

3.3 Considerações Finais e Implicações para o Melhoramento

Os resultados mostram que as correlações entre a produção de grãos e os componentes da produção nas linhagens e a produção nos seus testecrosses não são significativas para a maioria dos componentes e, para as estimativas significativas, seu valor é muito reduzido, independente do testador utilizado. Para estes caracteres as coincidências de QTL mapeados nas linhagens e nos testecrosses é muito baixa, o que pode ser devido aos efeitos de dominância ou epistáticos

dos QTL, ou a efeitos dos alelos específicos dos testadores (GROH et al., 1998; AUSTIN et al., 2000; MIHALJEVIC et al., 2005). Dessa forma, a grande maioria dos QTL responsáveis pela expressão da produção ou dos componentes nas linhagens, não afetam a produção nos testecrosses obtidos a partir dessas linhagens, provavelmente porque a expressão dos QTL é influenciada pelo background genético da população. Além disso, devido à condição homozigota das linhagens, que não é uma condição normal em milho, o fenótipo de uma linhagem pode ser “mascarado” por um ou poucos pares de locos com genes deletérios em homozigose e, com o cruzamento dessas linhagens homozigotas em testecrosses, restaura-se a heterozigose destes locos e, portanto, a condição natural para essa espécie, eliminando a expressão da maioria dos genes deletérios que estavam em homozigose (SOUZA JR., 2001). A partir disso, verifica-se que não é possível realizar seleção para produção de grãos dos testecrosses a partir da produção das linhagens e, também, que não é possível praticar seleção indireta para a produção de testecrosses a partir de informações dos componentes das linhagens, mesmo utilizando-se informações dos marcadores.

Outro ponto interessante, é que a heterose ocorre devido à complementação e, sobretudo, pelo acúmulo de blocos gênicos favoráveis nos parentais, durante os seguidos ciclos de melhoramento recorrente de linhagens (obtenção de linhagens elites, formação de sintéticos de base estreita, novo ciclo de seleção e, assim, sucessivamente). Assim, a heterose é fruto de um trabalho de melhoramento contínuo, em que se constroem blocos gênicos favoráveis, de forma complementar nos sintéticos dos diferentes grupos heteróticos (HALLAUER; MIRANDA FILHO, 1988). Nesse contexto, a segregação/variabilidade necessárias para estudos de mapeamento de QTL pode ser desfavorável, já que, com ela, devido às recombinações na meiose, esses blocos podem ser quebrados. No caso deste trabalho, isso pode ter sido especialmente importante, porque as duas linhagens parentais da população pertencem a grupos heteróticos diferentes e um dos testadores é derivado do mesmo sintético de uma das linhagens parentais da população.

Embora para alguns caracteres a utilização dos marcadores não possibilite prever o comportamento dos testecrosses a partir de informações das linhagens, para outros, sua utilização como ferramenta para auxiliar a seleção de genótipos superiores nos programas de melhoramento pode aumentar a eficiência do processo seletivo, diminuindo o tempo necessário para completar cada ciclo de seleção (JOHNSON, 2004). Dessa forma, aumenta-se o ganho obtido por ano em

relação à seleção fenotípica (LORENZANA; BERNARDO, 2009), o que pode ser muito vantajoso, principalmente quando a avaliação do fenótipo é difícil, cara, consome muito tempo, exige mão de obra especializada, é subjetiva, ou ainda, quando exige ambientes específicos. Por não depender do ambiente, a seleção genômica pode ser realizada na fase de plântula ou até diretamente na semente, possibilitando o descarte inicial de grande quantidade de genótipos, permitindo o aumento da amostra e, também, o direcionamento dos recursos para os genótipos mais promissores (EATHINGTON, 2007). A escolha do melhorista de utilizar ou não os marcadores moleculares como ferramenta nos programas de melhoramento vai depender da relação custo/benefício de sua utilização, sendo a decisão de adotar essa estratégia uma particularidade de cada programa.

Referências

- ALVES, G.F.; RAMALHO, M.A.P.; SOUZA, J.C. Alterações nas propriedades genéticas da população CMS-39 submetida à seleção massal para a prolificidade. **Revista Brasileira de Milho e Sorgo**, Sete Lagoas, v. 1, n. 3, p. 89-101, 2002.
- ARIAS, C.A.A.; SOUZA JÚNIOR, C.L. de; TAKEDA, C. Path coefficient analyses of ear weight in different types of progeny in maize. **Maydica**, Bergamo, v. 44, n. 3, p. 251-262, 1999.
- AUSTIN, D.F.; LEE, M. Detection of quantitative loci for grain yield and yield components in maize across generations in stress and nonstress environments. **Crop Science**, Madison, v. 38, n. 5, p. 1296-1308, Sept./Oct.1998.
- AUSTIN, D.F.; LEE, M.; VELDBOOM, L.R.; HALLAUER, A.R. Genetic mapping in maize with hybrid progeny across testers and generations: grain yield and grain moisture. **Crop Science**, Madison, v.40, p. 30-39, Jan./Feb. 2000.
- BASTEN, C.J.; WEIR, B.S.; ZENG, Z-B. **QTL cartographer**. Raleigh: North Carolina State University, Department of Statistics, 2001. 161p.
- _____. **QTL cartographer**: version 1.17. Raleigh: North Carolina State University, Department of Statistics, 2003.
- BEAVIS, W.D.; SMITH, O.S.; GRANT, D.; FINCHER, R.R. Identification of quantitative trait loci using a small sample of topcrossed and F4 progeny from maize. **Crop Science**, Madison, v. 34, n. 4, p. 882-896, Jul./Aug. 1994.
- BENTO, D.A.V.; RAMALHO, M.A.P.; SOUZA, J.C. Seleção massal para prolificidade em milho na época normal e na “safrinha”. **Revista Brasileira de Milho e Sorgo**, Sete Lagoas, v. 2, n. 3, p. 78-87, set./dez. 2003.

BERKE, T.G.; ROCHEFORD, T.R. Quantitative trait loci for flowering, plant and ear height, and kernel traits in maize. **Crop Science**, Madison, v. 35, p. 1542-1549, 1995.

BERNARDO, R. **Breeding for quantitative traits in plants**. Woodbury: Stemma Press, 2002. 369 p.

_____. Molecular markers and selection for complex traits in plants: learning from the last 20 years. **Crop Science**, Madison, v. 48, p. 1649-1664, 2008.

_____. Genome wide selection for rapid introgression of exotic germplasm in maize. **Crop Science**, Madison, v. 49, p. 419-425, 2009.

BERNARDO, R; YU, J. Prospects for genome wide selection for quantitative traits in maize. . **Crop Science**, Madison, v. 47, p.1082-1090, 2007.

BOUCHEZ, A.; HOSPITAL, F.; CAUSSE, M.; GALLAIS, A.; CHARCOSSET, A. Marker-assisted introgression of favorable alleles at quantitative trait loci between maize elite lines. **Genetics**, Austin, v. 162, p. 1945-1959, 2002.

BURDICK, R.K.; GRAYBILL, F.A. **Confidence intervals on variance components**. New York: Marcel Dekker, v.127, 1992. 211 p.

COCHRAN, W.G.; COX, G.M. **Experimental design**. 2nd ed. New York: John Wiley, 1966. 611 p.

COMSTOCK, R.E. Quantitative genetics in maize breeding. **Maize Breeding and Genetics**, New York, v. 13, p. 191-206, 1978.

EAST, E.M. Inbreeding in corn. **Connecticut Agricultural Experiment Station Report for 1907**, New Haven, p. 419-428, 1908.

_____. The distinction between development and heredity in inbreeding. **The American Naturalist**, Chicago, v. 43, p. 173-181, 1909.

EATHINGTON, S.R.; CROSBIE, T.M.; EDWARDS, M.D.;REITER, R.S.; BULL, J.K. Molecular markers in a commercial breeding program. **Crop Science**, Madison, v. 47, n. S3, p. S154–S163, 2007.

FALCONER, D.S.; MACKAY, T.F.C. **Introduction to quantitative genetics**. 4th ed. London: Longman Scientific e Technical, 1996. 464 p.

GELDERMANN, H. Investigations of inheritance of quantitative characters in animals by gene markers. I. Methods. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v. 46, n. 7, p. 319-330, 1975.

GODDARD, M.E.; HAYES, B.J. Genomic Selection. **Journal Animal Breeding Genetics**, Berlin, v. 124, p. 323-330, 2007.

GROH, S.; KHAIRALLAH, M.M.; GONZÁLEZ-DE-LEON, D.; WILLCOX, M.; JIANG, C.; HOISINGTON, D.A.; MELCHINGER, A.E. Comparison of QTLs mapped in RILs and their test-cross progenies of tropical maize for insect resistance and agronomic traits. **Plant Breeding**, Berlin, v. 117, p. 193-202, 1998.

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

HEFFNER, E.L.; SORRELLS, M.E.; JANNINK, J.L. Genomic selection for crop improvement. **Crop Science**, Madison, v. 49, p. 1-12, 2009.

HENDERSON, C.R. **Applications of linear models in animal breeding**. Ontario: University of Guelph, 1984.

HOSPITAL, F.; MOREAU, L.; CHARCOSSET, A.; GALLAIS, A. More the efficiency of marker assisted selection. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v. 95, p. 1181-1189, 1997.

JIANG, C.; ZENG, Z. Multiple trait analysis of genetic mapping for quantitative trait loci. **Genetics**, Austin, v. 140, n. 3, p. 1111-1127, July 1995.

JOHNSON, R. Marker-assisted selection. **Plant Breeding**, Berlin, v. 24, p. 293-309, 2004.

JONES, D.F. The effects of inbreeding and crossbreeding upon development. **Connecticut Agricultural Experiment Station Bulletin**, New Haven, v. 207, p. 5-100, 1918.

JUGENHEIMER, R.W. **Corn improvement, seed production and uses**. New York: Wiley-Interscience, 1976. 670 p.

KNAPP, S.J.; STROUP, W.W.; ROSS, W.M. Exact confidence intervals for heritability on a progeny means basis. **Crop Science**, Madison, v.25, n.1, p-192-194, 1985.

KOLBEHDARI, D.; SCHAEFFER, L.R.; ROBINSON, J.A.B. Estimation of genome-wide haplotype effect in half-sib designs. **Journal Animal Breeding Genetics**, Berlin, v. 124, p. 356-361, 2007.

KOSAMBI, D.D. The estimation of map distances from recombination values. **Annual Eugenics**, London, v.12, p.172-175, 1944.

LANDER, E.S.; BOTSTEIN, D. Mapping mendelian factors underlying quantitative traits using RFLP linkage maps. **Genetics**, Austin, v. 121, n. 1, p. 185-199, Jan. 1989.

LEGARRA, A.; MISZTAL, I. Computing strategies in genome-wide selection. **Journal of Dairy Science**, Lancaster, v. 91, n. 1, p. 360-366, 2008.

- LEON, N.; COORS, J.G. Twenty-four cycles of mass selection for prolificacy in the Golden Glow maize population. **Crop Science**, Madison, v. 42, n. 2, p. 325-333, Mar./Apr. 2002.
- LIMA, M.L.A.; SOUZA JR., C.L. de; VIEIRA, D.A.; SOUZA, A.P. de; GARCIA, L.C. Mapping QTL for grain yield and plant traits in a tropical maize population. **Molecular Breeding**, Dordrecht, v. 17, n. 3, p. 227-239, 2006.
- LINCOLN, S.E.; DALY, M.J.; LANDER, E.S. **Constructing genetic maps with Mapmaker Exp 3.0**. 3rd ed. Cambridge: Whitehead Institute for Biometrical Research, 1992. 230 p.
- LIU, X.; FU, J.; GU, D.; LIU, W.; LIU, T.; PENG, Y.; WANG, J.; WANG, G. Genome-wide analysis of gene expression profiles during the kernel development of maize (*Zea mays* L.). **Genomics**, San Diego, v. 91, p. 378-387, 2008.
- LONG, N.; GIANOLA, D.; ROSA, G.J.M.; WEIGEL, K.A.; AVENDAÑO, S. Machine learning classification procedure for selecting SNPs in genomic selection: application to early mortality in broilers. **Journal Animal Breeding Genetics**, Berlin, v. 124, p. 377-389, 2007.
- LORENZANA, R.E.; BERNARDO, R. Accuracy of genotypic value predictions for marker-based selection in biparental plant populations. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v. 120, p. 151-161, 2009.
- LU, H.; ROMERO-SEVERSON, J.; BERNARDO, R. Genetic basis of heterosis explored by simple sequence repeat markers in a random-mated maize population. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v. 107, p. 494-502, 2003.
- LYNCH, M.; WALSH, B. **Genetics and analysis of quantitative traits**. Massachusetts: Sinauer Sunderland, 1998. 980 p.
- MAITA, R.; COORS, J.G. Twenty cycles of biparental mass selection for prolificacy in the open pollinated maize population Golden-Glow. **Crop Science**, Madison, v. 36, n. 6, p. 1527-1532, Nov./Dec. 1996.
- MALVAR, R.A.; ORDÁS, A.; REVILLA, P.; CARTEA, M.E. Estimates of genetic variance in two Spanish populations of maize. **Crop Science**, Madison, v. 36, n. 2, p. 291-295, Mar./Apr. 1996.
- MEUWISSEN, T.H.E.; HAYES, B.J.; GODDARD, M.E. Prediction of total genetic value using genome-wide dense marker maps. **Genetics**, Austin, v. 157, p. 1819-1829, 2001.
- MIHALJEVIC, R.; SCHON, C.C.; UTZ, H.F.; MELCHINGER, A.E. Correlations and QTL correspondence between line per se and testcross performance for agronomic traits in four populations of European maize. **Crop Science**, Madison, v. 45, p. 114-122, Jan/Feb 2005.
- PATERNIANI, E. Métodos tradicionais de melhoramento do milho. In: BULL, L.T.; CANTARELLA, H. **Cultura do milho: fatores que afetam a produtividade**. Piracicaba: POTAFOS, 1993. p. 23-43.

RESENDE, M.D.V.; LOPES, P.S.; SILVA, R.L. da; PIRES, I.E. Seleção Genômica Ampla (GWS) e maximização da eficiência do melhoramento genético. **Pesquisa Florestal Brasileira**, Colombo, n. 56, p. 63-77, jan/jun. 2008.

ROBINSON, H.F.; COMSTOCK, R.E.; HARVEY, P.H. Estimates of heritability and the degree of dominance in corn. **Agronomy Journal**, Madison, v. 41, n. 6, p. 353-359, June 1949.

SAS INSTITUTE. **SAS OnlineDoc®**: version 8. Cary, 1999.

SHULL, G.H. The composition of a field of maize. **American Breeders Association Reports**, v. 4, p. 296-301, 1908.

_____. A pure line method of corn breeding. **American Breeders Association Reports**, Washington, v. 5, p. 51-59, 1909.

_____. Hybridization methods in corn breeding. **American Breeders Association Reports**, Washington, v. 6, p. 63-72, 1910.

SIBOV, S.T.; SOUZA JÚNIOR, C.L.; GARCIA, A.A.F.; GARCIA, A.F.; SILVA, A.R.; MANGOLIN, C.A.; BENCHIMOL, L.L.; SOUZA, A.P. Molecular mapping in tropical maize (*Zea mays* L.) using microsatellite markers. 1. Map construction and localization of loci showing distorted segregation. **Hereditas**, Lund, v. 139, n. 2, p. 96-106, 2003.

SOUZA JÚNIOR, C.L. Melhoramento de espécies alógamas. In: NASS, L.L.; VALOIS, A.C.C.; MELO, I.S. VALADARES-INGLIS, M.C. (Ed.). **Recursos genéticos e melhoramento de plantas**. Rondonópolis: Fundação MT, 2001. cap. 8, p. 159-199.

STEEL, R.G.D.; TORRIE, J.H. **Principles and procedures of statistics**. New York: McGraw-Hill, 1980. 633 p.

STUBER, C.W.; SISCO, P. Marker-facilitated transfer of QTL alleles between elite inbred lines and responses in hybrids. In: ANNUAL CORN AND SHORGHUM RESEARCH CONFERENCE, 46., 1992, Washington. **Proceedings...** Washington: Am. Seed Trade Assoc., 1992. p. 104-113.

VIEIRA, C.; PASYUKOVA, E.G.; ZENG, Z.B.; HACKETTE, J.B.; LYMAN, R.F.; MACKAY, T.F.C. Genotype-environment interaction for quantitative trait loci affecting life span in *Drosophila melanogaster*. **Genetics**, Austin, v. 154, p. 213-227, 2000.

ZENG, Z-B. Precision mapping of quantitative trait loci. **Genetics**, Austin, v. 136, n. 4, p. 1457-1466, Apr. 1994.

APÊNDICES

* Para o cálculo das médias preditas das linhagens com base nos efeitos dos QTL foi estimado um vetor $\hat{\beta}$ com a média e os efeitos aditivos e dominantes dos QTL para as j linhagens, com $j = 1, 2, \dots, 256$, por: $\hat{\beta} = (\mathbf{X}'\mathbf{X})^{-1}\mathbf{X}'\mathbf{y}$, em que \mathbf{y} é o vetor com os valores fenotípicos e \mathbf{X} é a matriz com as probabilidades condicionais dos QTL. Após a obtenção do $\hat{\beta}$, foi estimado um vetor contendo as médias preditas das j -ésimas linhagem com base em informações dos QTL ($\bar{\mathbf{X}}_{\text{QS}_1}$) por: $\bar{\mathbf{X}}_{\text{QS}_1} = \hat{\beta}\mathbf{X}$.

* Para estimar as médias preditas das linhagens com base nos efeitos de todos os marcadores do genoma, foi considerado o modelo $\mathbf{y}_{\text{fen}} = \boldsymbol{\mu} + \mathbf{Z}\mathbf{g} + \mathbf{e}$, em que \mathbf{y}_{fen} é o vetor com os dados fenotípicos, $\boldsymbol{\mu}$ é a média geral, \mathbf{Z} é a matriz com os genótipos dos marcadores obtidos da genotipagem, \mathbf{g} é o valor genético dos marcadores, condicionados pela matriz \mathbf{Z} e \mathbf{e} refere-se aos efeitos residuais. Para estimar o valor genético dos marcadores ($\hat{\mathbf{g}}$), foi utilizado modelos mistos (HENDERSON, 1984)¹, resolvendo-se o seguinte sistema de equações:

$$\begin{bmatrix} \hat{\boldsymbol{\mu}} \\ \hat{\mathbf{g}} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \mathbf{1}'\mathbf{R}^{-1}\mathbf{1} & \mathbf{1}'\mathbf{R}^{-1}\mathbf{Z} \\ \mathbf{Z}'\mathbf{R}^{-1}\mathbf{1} & \mathbf{Z}'\mathbf{R}^{-1}\mathbf{Z} + \mathbf{I}((\hat{\sigma}_{\text{GxA}}^2/l + \hat{\sigma}_R^2/lk)/(\hat{\sigma}_G^2/n)) \end{bmatrix}^{-1} \begin{bmatrix} \mathbf{1}'\mathbf{R}^{-1}\mathbf{y} \\ \mathbf{Z}'\mathbf{R}^{-1}\mathbf{y} \end{bmatrix}, \text{ em que:}$$

$\hat{\boldsymbol{\mu}}$ é a estimativa da média geral, $\hat{\mathbf{g}}$ é um vetor com as estimativas dos valores genéticos dos marcadores, $\mathbf{1}$ é um vetor de uns relativo a média, \mathbf{R} é a matriz identidade relacionada aos efeitos residuais, \mathbf{Z} é a matriz com os genótipos dos marcadores obtidos da genotipagem, \mathbf{I} é a matriz identidade relacionada aos efeitos dos marcadores, $\hat{\sigma}_{\text{GxA}}^2$ é a variância da interação genótipo por ambiente, $\hat{\sigma}_G^2$ é a variância genética, $\hat{\sigma}_R^2$ é a variância do resíduo, l é o número de locais, k é o número de repetições e n é o número de marcadores utilizados na genotipagem. Após a estimativa de $\hat{\boldsymbol{\mu}}$ e $\hat{\mathbf{g}}$, foi obtido um vetor contendo as estimativas das médias preditas das j -ésimas linhagens com base em todos os marcadores ($\bar{\mathbf{X}}_{\text{GS}_1}$), sendo $j = 1, 2, \dots, 256$, por:

$$\bar{\mathbf{X}}_{\text{GS}_1} = \hat{\boldsymbol{\mu}} + \mathbf{Z}\hat{\mathbf{g}}.$$

¹ HENDERSON, C.R. **Applications of linear models in animal breeding**. Guelph: University of Guelph, 1984.

Apêndice A – Resumo da análise da variância conjunta (linhagens) e conjunta agrupada (testecrosses). Graus de liberdade (GL), quadrados médios do ambiente, do genótipo, da interação genótipo x ambiente e do erro efetivo, para os caracteres avaliados nas linhagens S₁ e nos testecrosses (TC), com as respectivas significâncias

Geração ^a	FV	GL ^b	Caráter ^c							PRE ^d
			PG (t ha ⁻¹)	ACQ (%)	FM (dias)	FF (dias)	IF (dias)	AP (cm)	AE (cm)	
S ₁	Ambiente (A)	5	928,67**	143,98**	473,97**	792,72**	183,23**	103.130,42**	60.421,04**	36,19**
	Linhagem (L)	255	22,93**	9,96**	54,44**	77,13**	10,98**	1.170,06**	637,20**	0,77**
	L x A	1275	2,20**	3,48**	6,22**	6,90**	3,32**	204,40**	111,71**	0,12**
	Erro efetivo	1125	0,82	2,05	3,55	3,66	2,33	105,23	58,34	0,07
TC	Ambiente (A)	5	312,02**	141,94**	542,56**	848,25**	92,80**	20.883,69**	28.396,31**	17,79**
	Testecrosses (TC)	510	3,30**	1,96**	6,49**	6,51**	5,75**	232,10**	170,11**	0,23**
	TC1	254	1,76**	1,30**	3,34**	4,78**	2,12**	159,32**	167,28**	0,15**
	TC2	254	3,04**	1,79**	5,29**	7,63**	1,63**	183,31**	156,98**	0,15**
	TC1 vs TC2	2	231,97**	108,58**	559,99**	83,38**	990,45**	15.672,47**	2.197,73**	20,36**
	TC x A	2550	1,06 ^{ns}	1,01 ^{ns}	0,98 ^{ns}	0,90 ^{ns}	0,86 ^{ns}	41,55 ^{ns}	37,23 ^{ns}	0,03 ^{ns}
	TC1 x A	1270	0,57 ^{ns}	0,82 ^{ns}	0,89 ^{ns}	0,81 ^{ns}	0,89 ^{ns}	37,24 ^{ns}	31,21 ^{ns}	0,03 ^{ns}
	TC2 x A	1270	0,85 ^{ns}	1,13 ^{ns}	0,92 ^{ns}	0,90 ^{ns}	0,70 ^{ns}	40,59 ^{ns}	34,16 ^{ns}	0,03 ^{ns}
	(TC1vsTC2) x A	5	89,23**	10,57**	19,70**	11,08**	16,90**	712,23**	1192,80**	0,89**
	Erro efetivo	2700	1,02	1,64	1,72	1,54	1,33	71,57	59,69	0,05

^{ns}, ** Não significativo e significativo a 0,01 de probabilidade pelo teste F, respectivamente.

^a S₁ e TC referem-se as linhagens S₁ e aos testecrosses dos testadores L-0405F (TC1) e L-02-03D (TC2).

^b Para os caracteres em que o estande foi utilizado como covariável (PG, e ACQ), os graus de liberdade do residuo são 1120 nas linhagens e 2688 para os testecrosses.

^c PG (Produção de grãos em toneladas por hectare); ACQ (acamamento e quebramento de plantas em porcentagem de plantas acamadas e quebradas por parcela); FM (florecimento masculino em dias); FF (florecimento feminino em dias); IF (intervalo entre florescimentos em dias); AP (altura da planta em cm); AE (altura da espiga em cm); PRE (posição relativa da espiga).

^d Os quadrados médios de PRE foram multiplicado por 100.

Apêndice B – Resumo da análise da variância conjunta para os componentes da produção avaliados nas linhagens S₁. Graus de liberdade (GL), quadrados médios do ambiente, da linhagem, da interação linhagem x ambiente e do erro efetivo, com as respectivas significâncias

Geração ^a	FV	GL	Caráter ^b						
			CE (cm)	DE (cm)	NFI	NGF	PFG (cm) ^b	PMÉDIO (g)	PROL (esp.)
S ₁	Ambiente (A)	5	182,47**	12,45**	58,83**	1.602,32**	31,27**	94.155,38**	4,62**
	Linhagem (L)	255	8,64**	0,54**	12,25**	83,33**	0,48**	1.832,39**	0,23**
	L x A	1275	1,33**	0,05**	0,87**	11,27**	0,06**	258,51**	0,04**
	Erro efetivo	1124	0,83	0,02	0,50	5,58	0,03	138,67	0,02**

^{ns}, ** Não significativo e significativo a 0,01 de probabilidade pelo teste F, respectivamente.

^a S₁ refere-se às linhagens S₁.

^b CE (comprimento da espiga em cm); DE (diâmetro da espiga em cm); NFI (número de fileiras de grãos); NGF (número de grãos por fileira); PFG (profundidade de grãos em cm); PMÉDIO (peso médio de 500 grãos em gramas) e PROL (prolificidade em número de espigas por planta);

^b Os quadrados médios de PFG foram multiplicado por 10

Apêndice C - QTL mapeados para produção de grãos ($t\ ha^{-1}$) nas linhagens S₁. Nome, localização, valor do teste de razão de verossimilhança, efeitos genéticos, direção, porcentagem da variação explicada, ação gênica, ambientes em que foram mapeados e coincidência com QTL mapeados nos testecrosses

QTL ^a	Marca ^b	Posição ^b	LR ^c	a ^d	d ^d	Direção ^e	R ² _{fen} %	R ² _{gen} %	GD	Ação	Ambientes ^f	Coincidência ^g
<i>QpgL.1</i>	umc1601	114,96	<u>26,29</u>	1,46	2,22	L-14-04B	1,20	1,33	1,53	SD	2	-
<i>QpgL.2</i>	bnlg0166	83,88	<u>36,48</u>	-2,43	1,91	L-08-05F	2,02	2,24	0,79	DP	1,2,5	-
<i>QpgL.3a</i>	umc1394	3,01	<u>25,43</u>	-1,00	1,53	L-08-05F	0,57	0,63	1,54	SD	-	-
<i>QpgL.3b</i>	bnlg0420	65,97	<u>37,36</u>	2,78	-3,98	L-14-04B	4,10	4,53	1,43	SD	1,5	-
<i>QpgL.4a</i>	UMC2082	35,41	<u>30,32</u>	-2,68	1,24	L-08-05F	2,08	2,30	0,46	DP	2,3,4,5,6	-
<i>QpgL.4b</i>	umc1652	48,88	<u>29,94</u>	-1,91	1,01	L-08-05F	1,09	1,20	0,53	DP	4	-
<i>QpgL.4c</i>	umc1088	56,54	<u>35,93</u>	-1,93	0,20	L-08-05F	0,98	1,08	0,11	A	4,5,6	-
<i>QpgL.4d</i>	bnlg0252	59,34	<u>35,85</u>	-1,93	-0,18	L-08-05F	0,98	1,09	0,09	A	3,4,5,6	-
<i>QpgL.5a</i>	mmc0481	184,00	<u>35,01</u>	-1,49	-3,42	L-08-05F	2,11	2,34	2,30	SD	4,6	-
<i>QpgL.5b</i>	umc1680	194,02	<u>37,06</u>	-1,07	-3,75	L-08-05F	2,14	2,37	3,49	SD	4,5,6	-
<i>QpgL.5c</i>	umc1524	198,00	<u>39,68</u>	-1,36	-4,33	L-08-05F	2,94	3,25	3,19	SD	4,5,6	-
<i>QpgL.5d</i>	UMC2216	209,01	<u>35,08</u>	-0,89	-2,77	L-08-05F	1,22	1,34	3,12	SD	-	<i>QpgL.5d</i>
<i>QpgL.7</i>	umc1426	10,01	<u>26,61</u>	2,58	2,12	L-14-04B	2,32	2,57	0,82	DC	-	-
<i>QpgL.8</i>	UMC2378	129,62	<u>32,34</u>	3,27	-1,45	L-14-04B	3,07	3,39	0,44	DP	2,4	-
<i>QpgL.9</i>	bnlg0430	71,53	<u>30,09</u>	-3,44	1,01	L-08-05F	3,23	3,57	0,29	DP	-	<i>QpgL.9b</i>
<i>QpgL.10</i>	umc1038	149,74	<u>42,86</u>	-4,66	-1,86	L-08-05F	6,13	6,78	0,40	DP	1,2,3,4,5,6	-

^a Nome do QTL indicando o caráter, a geração e o número do cromossomo em que o QTL foi detectado (QTL no mesmo cromossomo são diferenciados por letras do alfabeto).

^b Marca refere-se ao primeiro marcador a esquerda do QTL. Posição refere-se à distância, em cM, do primeiro marcador do cromossomo até o QTL.

^c Teste da razão de verossimilhança na posição em que o QTL foi detectado. Valores sublinhados indicam ocorrência de interação QTL x Ambiente significativa.

^d Efeitos aditivos e dominantes dos QTL multiplicados por 10.

^e Parental que contribuiu com o alelo para aumento do caráter para cada QTL.

^f Ambientes em que o QTL foi detectado: - indica que o QTL não apresentou interação significativa com o ambiente ou, quando apresentou, indica que o QTL não foi detectado em nenhum ambiente, apenas na análise conjunta, 1, 2, 3, 4, 5 e 6 indica que o QTL foi detectado nos ambientes ESA(04/05), ANH(04/05), ESA(05/06), ANH(05/06), ESA(06/07) e ANH(06/07), respectivamente.

^g QTL que foram mapeados em regiões congruentes nos testecrosses.

Apêndice D - QTL para produção de grãos ($t\ ha^{-1}$) nos TC1. Nome, localização, valor do teste de razão de verossimilhança, efeitos de substituição alélica, direção, porcentagem da variação explicada e ambientes em que foram mapeados

QTL ^a	Marca ^b	Posição ^b	LR ^c	α ^d	Direção ^e	$R^2_{gen}\%$	$R^2_{fen}\%$	Ambientes ^f
<i>Qpgt1.1a</i>	bnlg1627	45,49	25,80	4,45	L-14-04B	24,83	16,86	-
<i>Qpgt1.1b</i>	umc1073	56,26	26,20	2,83	L-14-04B	10,06	6,83	-
<i>Qpgt1.2</i>	UMC2129	176,74	29,55	2,47	L-14-04B	7,64	5,19	-
<i>Qpgt1.3a</i>	bnlg1144	32,96	30,12	3,57	L-14-04B	15,99	10,86	-
<i>Qpgt1.3b</i>	bnlg1452	52,08	27,44	1,93	L-14-04B	4,68	3,18	1,3
<i>Qpgt1.3c</i>	mmc0022	84,35	34,09	1,68	L-14-04B	3,53	2,40	1,3
<i>Qpgt1.4a</i>	phi0026	51,56	26,08	1,13	L-14-04B	1,60	1,09	6
<i>Qpgt1.4b</i>	dupssr34	109,04	31,88	2,31	L-14-04B	6,70	4,55	-
<i>Qpgt1.5a</i>	UMC2292	7,08	27,12	-2,72	L-08-05F	9,29	6,31	-
<i>Qpgt1.5b</i>	bnlg1902	93,41	27,44	0,93	L-14-04B	1,08	0,74	1,4
<i>Qpgt1.5c</i>	bnlg278	189,01	29,93	2,36	L-14-04B	6,98	4,74	-
<i>Qpgt1.5d</i>	UMC2216	204,01	34,76	2,67	L-14-04B	8,92	6,06	1,2,3
<i>Qpgt1.8a</i>	ph420701	25,88	31,46	-2,52	L-08-05F	7,98	5,42	1,6
<i>Qpgt1.8b</i>	phi0119	27,58	31,63	-2,63	L-08-05F	8,70	5,91	1,6
<i>Qpgt1.8c</i>	BNLG1352	36,17	30,06	-2,88	L-08-05F	10,44	7,09	-
<i>Qpgt1.9</i>	dupssr06	27,56	36,13	1,13	L-14-04B	1,61	1,09	2,4,6

^a Nome Nome do QTL indicando o caráter, a geração e o número do cromossomo em que o QTL foi detectado (QTL no mesmo cromossomo são diferenciados por letras do alfabeto).

^b Marca refere-se ao primeiro marcador a esquerda do QTL. Posição refere-se à distância, em cM, do primeiro marcador do cromossomo até o QTL.

^c Teste da razão de verossimilhança na posição em que o QTL foi detectado. Valores sublinhados indicam ocorrência de interação QTL x Ambiente significativa.

^d Efeito de substituição alélica dos QTL multiplicado por 10.

^e Parental que contribuiu com o alelo para aumento do caráter para cada QTL.

^f Ambientes em que o QTL foi detectado: - indica que o QTL não apresentou interação significativa com o ambiente ou, quando apresentado, indica que o QTL não foi detectado em nenhum ambiente, apenas na análise conjunta, 1, 2, 3, 4, 5 e 6 indica que o QTL foi detectado nos ambientes ESA(04/05), ANH(04/05), ESA(05/06), ANH(05/06), ESA(06/07) e ANH(06/07), respectivamente.

Apêndice E - QTL para produção de grãos (t ha⁻¹) nos TC2. Nome, localização, valor do teste de razão de verossimilhança, efeitos de substituição alélica, direção, porcentagem da variação explicada e ambientes em que foram mapeados

QTL ^a	Marca ^b	Posição ^b	LR ^c	α^d	Direção ^e	R^2_{fen} %	R^2_{gen} %	Ambientes ^f
<i>Qpgt2.1</i>	bnlg2238	88,16	<u>28,61</u>	-5,03	L-08-05F	12,45	17,32	-
<i>Qpgt2.2a</i>	UMC2254	139,46	<u>25,32</u>	0,15	L-14-04B	0,01	0,02	3
<i>Qpgt2.2b</i>	UMC1080	146,44	<u>27,15</u>	0,34	L-14-04B	0,06	0,08	0
<i>Qpgt2.3a</i>	mmc0022	89,35	<u>35,74</u>	3,55	L-14-04B	6,21	8,64	3,4,6
<i>Qpgt2.3b</i>	bnlg1754	190,87	<u>28,36</u>	1,76	L-14-04B	1,53	2,13	6
<i>Qpgt2.4a</i>	UMC1757	24,73	<u>28,03</u>	-3,47	L-08-05F	5,94	8,26	-
<i>Qpgt2.4b</i>	dupssr34	105,04	<u>28,75</u>	0,32	L-14-04B	0,05	0,07	1
<i>Qpgt2.4c</i>	umc1086	123,52	<u>40,88</u>	1,75	L-14-04B	1,50	2,09	1,5
<i>Qpgt2.4d</i>	umc1051	132,39	<u>38,80</u>	1,29	L-14-04B	0,82	1,14	1,5
<i>Qpgt2.5</i>	UMC2292	5,08	<u>26,42</u>	-2,79	L-08-05F	3,82	5,32	-
<i>Qpgt2.7a</i>	UMC1865	106,23	<u>35,90</u>	-0,91	L-08-05F	0,41	0,57	2,5,6
<i>Qpgt2.7b</i>	umc1407	185,00	<u>28,47</u>	-5,24	L-08-05F	13,50	18,78	-
<i>Qpgt2.8a</i>	BNLG1352	35,17	<u>45,52</u>	-2,76	L-08-05F	3,77	5,24	1,3,6
<i>Qpgt2.8b</i>	umc1034	47,67	<u>37,15</u>	-2,72	L-08-05F	3,63	5,05	1,6
<i>Qpgt2.8c</i>	phi0115	94,04	<u>26,09</u>	-1,51	L-08-05F	1,12	1,56	1
<i>Qpgt2.9a</i>	umc1893	51,21	<u>26,21</u>	-2,97	L-08-05F	4,34	6,04	-
<i>Qpgt2.9b</i>	bnlg0430	61,53	<u>26,42</u>	-3,17	L-08-05F	4,95	6,88	-

^a Nome do QTL indicando o caráter, a geração e o número do cromossomo em que o QTL foi detectado (QTL no mesmo cromossomo são diferenciados por letras do alfabeto).

^b Marca refere-se ao primeiro marcador a esquerda do QTL. Posição refere-se à distância, em cM, do primeiro marcador do cromossomo até o QTL.

^c Teste da razão de verossimilhança na posição em que o QTL foi detectado. Valores sublinhados indicam ocorrência de interação QTL x Ambiente significativa.

^d Efeito de substituição alélica dos QTL multiplicado por 10.

^e Parental que contribuiu com o alelo para aumento do caráter para cada QTL.

^f Ambientes em que o QTL foi detectado: - indica que o QTL não apresentou interação significativa com o ambiente ou, quando apresentado, indica que o QTL não foi detectado em nenhum ambiente, apenas na análise conjunta. 1, 2, 3, 4, 5 e 6 indica que o QTL foi detectado nos ambientes ESA(04/05), ANH(04/05), ESA(05/06), ANH(05/06), ESA(06/07) e ANH(06/07), respectivamente.

Apêndice F - QTL para acamamento e quebraamento de plantas (%) nas linhagens S₁. Nome, localização, valor do teste de razão de verossimilhança, efeitos genéticos, direção, porcentagem da variação explicada, ação gênica, ambientes em que foram mapeados e coincidência com QTL mapeados nos testecrosses

QTL ^a	Marca ^b	Posição ^b	LR ^c	a ^d	d ^d	Direção ^e	R ² _{fen} %	R ² _{gen} %	GD	Ação	Ambientes ^f	Coincidência ^g
<i>QacqL.1a</i>	umc1106	27,33	28,25	1,51	-2,71	L-14-04B	3,58	5,51	1,79	SD	-	-
<i>QacqL.1b</i>	umc1601	132,96	34,43	0,28	3,53	L-14-04B	3,79	5,83	12,39	SD	6	-
<i>QacqL.1c</i>	bnlg2057	147,75	29,83	0,18	3,09	L-14-04B	2,91	4,47	17,33	SD	6	-
<i>QacqL.1d</i>	UMC1128	219,65	39,25	-0,38	5,37	L-08-05F	8,78	13,50	13,98	SD	-	-
<i>QacqL.1e</i>	phi0120	288,19	30,43	0,39	-4,18	L-14-04B	5,36	8,24	10,64	SD	-	-
<i>QacqL.2a</i>	bnlg0125	32,99	37,72	-1,25	0,20	L-08-05F	0,95	1,46	0,16	A	3,4	-
<i>QacqL.2b</i>	umc1560	189,52	30,45	1,79	-3,43	L-14-04B	5,47	8,41	1,92	SD	-	-
<i>QacqL.4a</i>	bnlg2244	118,73	27,37	0,78	-1,18	L-14-04B	0,79	1,21	1,52	SD	4	-
<i>QacqL.4b</i>	umc1051	132,39	30,47	2,18	-3,96	L-14-04B	7,60	11,68	1,82	SD	-	-
<i>QacqL.4c</i>	ph314704	154,48	27,85	1,95	-0,15	L-14-04B	2,29	3,52	0,08	A	-	-
<i>QacqL.4d</i>	umc1532	155,46	30,65	1,87	0,001	L-14-04B	2,10	3,23	0,00	A	1,3	-
<i>QacqL.7a</i>	umc1426	20,01	37,34	0,02	0,74	L-14-04B	0,17	0,26	32,26	SD	4,5	-
<i>QacqL.7b</i>	UMC2160	33,23	35,80	-0,33	0,66	L-08-05F	0,20	0,30	2,03	SD	4,5	-
<i>QacqL.7c</i>	umc1632	38,77	33,80	-0,81	0,73	L-08-05F	0,56	0,86	0,90	DC	4	-
<i>QacqL.7d</i>	umc1409	47,49	26,76	-1,17	0,68	L-08-05F	0,97	1,49	0,59	DP	4	-
<i>QacqL.7e</i>	dupssr13	161,94	27,15	-0,30	-1,49	L-08-05F	0,72	1,11	4,99	SD	5	-
<i>QacqL.8a</i>	phi0115	87,04	29,53	2,95	-1,78	L-14-04B	6,21	9,55	0,60	DP	-	-
<i>QacqL.8b</i>	bnlg1176	110,69	25,51	0,57	-1,04	L-14-04B	0,52	0,80	1,82	SD	1	<i>QacqL.8b</i>
<i>QacqL.10a</i>	phi0117	19,52	26,20	-0,50	-2,45	L-08-05F	1,96	3,01	4,87	SD	-	-
<i>QacqL.10b</i>	umc1319	28,75	26,08	-0,48	-2,14	L-08-05F	1,52	2,33	4,42	SD	4	-
<i>QacqL.10c</i>	bnlg1451	39,52	25,90	-0,88	-1,39	L-08-05F	1,04	1,61	1,59	SD	4	-

^a Nome do QTL indicando o caráter, a geração e o número do cromossomo em que o QTL foi detectado (QTL no mesmo cromossomo são diferenciados por letras do alfabeto).

^b Marca refere-se ao primeiro marcador a esquerda do QTL. Posição refere-se à distância, em cM, do primeiro marcador do cromossomo até o QTL.

^c Teste da razão de verossimilhança na posição em que o QTL foi detectado. Valores sublinhados indicam ocorrência de interação QTL x Ambiente significativa.

^d Efeitos aditivos e dominantes dos QTL multiplicados por 10.

^e Parental que contribuiu com o alelo para aumento do caráter para cada QTL.

^f Ambientes em que o QTL foi detectado: - indica que o QTL não apresentou interação significativa com o ambiente ou, quando apresentou, indica que o QTL não foi detectado em nenhum ambiente, apenas na análise conjunta, 1, 2, 3, 4, 5 e 6 indica que o QTL foi detectado nos ambientes ESA(04/05), ANH(04/05), ESA(05/06), ANH(05/06), ESA(06/07) e ANH(06/07), respectivamente.

^g QTL que foram mapeados em regiões congruentes nos testecrosses.

Apêndice G - QTL para acamamento e quebramento de plantas (%) nos TCI. Nome, localização, valor do teste de razão de verossimilhança, efeitos de substituição alélica, direção, porcentagem da variação explicada e ambientes em que foram mapeados

QTL ^a	Marca ^b	Posição ^b	LR ^c	α^d	Direção ^e	R^2_{fen} %	R^2_{gen} %	Ambientes ^f
<i>Qacqt1.1a</i>	bnlg2238	92,16	<u>34,12</u>	-0,25	L-08-05F	0,07	0,19	6
<i>Qacqt1.1b</i>	phi0037	247,68	<u>27,61</u>	1,69	L-14-04B	3,30	8,87	4,5
<i>Qacqt1.1c</i>	umc1431	261,55	<u>31,20</u>	2,29	L-14-04B	6,05	16,28	4,5
<i>Qacqt1.2</i>	umc1230	211,06	<u>34,72</u>	0,01	L-14-04B	0,0002	0,0006	3,4
<i>Qacqt1.3</i>	umc1659	136,61	<u>29,91</u>	-0,92	L-08-05F	0,99	2,65	-
<i>Qacqt1.5a</i>	UMC1853	172,57	<u>34,56</u>	-2,31	L-08-05F	6,16	16,58	1,5,6
<i>Qacqt1.5b</i>	mmc0481	186,00	<u>35,75</u>	-1,98	L-08-05F	4,55	12,24	3,5,6
<i>Qacqt1.5c</i>	bnlg278	191,01	<u>34,81</u>	-2,12	L-08-05F	5,17	13,92	2,6
<i>Qacqt1.6</i>	UMC1023	6,01	<u>26,35</u>	0,98	L-14-04B	1,10	2,97	2
<i>Qacqt1.8</i>	phi0119	31,58	<u>26,97</u>	-0,60	L-08-05F	0,41	1,11	-
<i>Qacqt1.10</i>	umc1038	149,74	<u>31,46</u>	-0,98	L-08-05F	1,12	3,01	3,4

^a Nome do QTL indicando o caráter, a geração e o número do cromossomo em que o QTL foi detectado (QTL no mesmo cromossomo são diferenciados por letras do alfabeto).

^b Marca refere-se ao primeiro marcador a esquerda do QTL. Posição refere-se à distância, em cM, do primeiro marcador do cromossomo até o QTL.

^c Teste da razão de verossimilhança na posição em que o QTL foi detectado. Valores sublinhados indicam ocorrência de interação QTL x Ambiente significativa.

^d Efeito de substituição alélica dos QTL multiplicado por 10.

^e Parental que contribuiu com o alelo para aumento do caráter para cada QTL.

^f Ambientes em que o QTL foi detectado: - indica que o QTL não apresentou interação significativa com o ambiente ou, quando apresentado, indica que o QTL não foi detectado em nenhum ambiente, apenas na análise conjunta, 1, 2, 3, 4, 5 e 6 indica que o QTL foi detectado nos ambientes ESA(04/05), ANH(04/05), ESA(05/06), ANH(05/06), ESA(06/07) e ANH(06/07), respectivamente.

Apêndice H - QTL para acamamento e quebramento de plantas (%) nos TC2. Nome, localização, valor do teste de razão de verossimilhança, efeitos de substituição alélica, direção, porcentagem da variação explicada e ambientes em que foram mapeados

QTL ^a	Marca ^b	Posição ^b	LR ^c	α^d	Direção ^e	R^2_{fen} %	R^2_{gen} %	Ambientes ^f
<i>Qacqt2.1a</i>	bnlg0615	201,71	<u>36,30</u>	1,07	L-14-04B	0,96	2,60	4
<i>Qacqt2.1b</i>	UMC1278	205,09	<u>37,18</u>	0,61	L-14-04B	0,31	0,83	4
<i>Qacqt2.2a</i>	BNLG1036	121,41	<u>33,44</u>	1,86	L-14-04B	2,92	7,89	2,6
<i>Qacqt2.2b</i>	bnlg1396	128,17	<u>31,30</u>	1,54	L-14-04B	1,98	5,36	2,6
<i>Qacqt2.2c</i>	UMC2023	163,96	<u>31,84</u>	-2,19	L-08-05F	4,01	10,85	6
<i>Qacqt2.3</i>	umc1659	144,61	<u>30,67</u>	-0,93	L-08-05F	0,73	1,97	2,6
<i>Qacqt2.4a</i>	bnlg0589	162,23	26,38	1,54	L-14-04B	1,99	5,39	-
<i>Qacqt2.4b</i>	umc1109	171,94	28,37	1,78	L-14-04B	2,66	7,20	-
<i>Qacqt2.4c</i>	bnlg1337	177,80	25,95	1,42	L-14-04B	1,70	4,61	-
<i>Qacqt2.6a</i>	UMC1023	0,01	<u>25,36</u>	0,04	L-14-04B	0,002	0,004	3,4
<i>Qacqt2.6b</i>	phi0126	15,67	<u>29,77</u>	0,29	L-14-04B	0,07	0,19	3,4
<i>Qacqt2.8a</i>	bnlg1863	67,32	<u>27,48</u>	1,22	L-14-04B	1,24	3,35	3
<i>Qacqt2.8b</i>	bnlg1176	103,69	<u>30,20</u>	1,35	L-14-04B	1,53	4,14	3,4,6
<i>Qacqt2.8c</i>	UMC2378	124,62	<u>27,98</u>	1,11	L-14-04B	1,04	2,80	4

^a Nome do QTL indicando o caráter, a geração e o número do cromossomo em que o QTL foi detectado (QTL no mesmo cromossomo são diferenciados por letras do alfabeto).

^b Marca refere-se ao primeiro marcador a esquerda do QTL. Posição refere-se à distância, em cM, do primeiro marcador do cromossomo até o QTL.

^c Teste da razão de verossimilhança na posição em que o QTL foi detectado. Valores sublinhados indicam ocorrência de interação QTL x Ambiente significativa.

^d Efeito de substituição alélica dos QTL multiplicado por 10.

^e Parental que contribuiu com o alelo para aumento do caráter para cada QTL.

^f Ambientes em que o QTL foi detectado: - indica que o QTL não apresentou interação significativa com o ambiente ou, quando apresentado, indica que o QTL não foi detectado em nenhum ambiente, apenas na análise conjunta, 1, 2, 3, 4, 5 e 6 indica que o QTL foi detectado nos ambientes ESA(04/05), ANH(04/05), ESA(05/06), ANH(05/06), ESA(06/07) e ANH(06/07), respectivamente.

QTL ^a	Marca ^b	Posição ^b	LR ^c	a ^d	d ^d	Direção ^e	R ² % ^f	R ² % ^g	GD	Ação	Ambientes ^f	Coincidência ^g
<i>QfmL.1a</i>	phi0037	243,68	31,06	-0,76	0,32	L-08-05F	6,84	7,73	0,42	DP	-	-
<i>QfmL.1b</i>	umc1431	254,55	30,62	-0,72	0,44	L-08-05F	6,81	7,68	0,61	DP	-	-
<i>QfmL.2a</i>	umc1845	40,15	31,85	0,66	-0,41	L-14-04B	5,73	6,47	0,62	DP	-	-
<i>QfmL.2b</i>	UMC2254	138,46	<u>31,46</u>	0,06	0,06	L-14-04B	0,06	0,07	0,94	DC	-	<i>Qfmt2.2c</i>
<i>QfmL.2c</i>	umc1230	214,06	<u>29,62</u>	0,13	0,17	L-14-04B	0,34	0,39	1,36	SD	1,2	-
<i>QfmL.7</i>	UMC2160	29,23	26,98	-0,51	0,14	L-08-05F	3,04	3,43	0,28	DP	-	-
<i>QfmL.8</i>	ph420701	16,88	<u>26,67</u>	0,21	-0,42	L-14-04B	1,48	1,67	1,96	SD	2	-
<i>QfmL.9</i>	bnlg0430	69,53	<u>40,10</u>	0,75	-0,17	L-14-04B	6,28	7,09	0,23	DP	1,3,5,6	-
<i>QfmL.10</i>	umc1506	139,89	<u>34,81</u>	0,78	-0,14	L-14-04B	6,86	7,74	0,17	A	2,3,5,6	-

^a Nome Nome do QTL indicando o caráter, a geração e o número do cromossomo em que o QTL foi detectado (QTL no mesmo cromossomo são diferenciados por letras do alfabeto).

^b Marca refere-se ao primeiro marcador a esquerda do QTL. Posição refere-se à distância, em cM, do primeiro marcador do cromossomo até o QTL.

^c Teste da razão de verossimilhança na posição em que o QTL foi detectado. Valores sublinhados indicam ocorrência de interação QTL x Ambiente significativa.

^d Efeitos aditivos e dominantes dos QTL.

^e Parental que contribuiu com o alelo para aumento do caráter para cada QTL.

^f Ambientes em que o QTL foi detectado: - indica que o QTL não apresentou interação significativa com o ambiente ou, quando apresentou, indica que o QTL não foi detectado em nenhum ambiente, apenas na análise conjunta, 1, 2, 3, 4, 5 e 6 indica que o QTL foi detectado nos ambientes ESA(04/05), ANH(04/05), ESA(05/06), ANH(05/06), ESA(06/07) e ANH(06/07), respectivamente.

^g QTL que foram mapeados em regiões congruentes nos testecrosses.

Apêndice J - QTL para florescimento masculino (dias) nos TC1. Nome, localização, valor do teste de razão de verossimilhança, efeitos de substituição alélica, direção, porcentagem da variação explicada e ambientes em que foram mapeados

QTL ^a	Marca ^b	Posição ^b	LR ^c	α ^d	Direção ^e	R^2_{fen} %	R^2_{gen} %	Ambientes ^f
<i>Qfmt1.1a</i>	umc1073	61,26	25,74	0,23	L-14-04B	2,43	3,31	-
<i>Qfmt1.1b</i>	umc1021	66,59	<u>26,95</u>	0,16	L-14-04B	1,21	1,65	1,5
<i>Qfmt1.1c</i>	bnlg0615	196,71	<u>45,94</u>	-0,55	L-08-05F	13,80	18,83	2,4,5
<i>Qfmt1.1d</i>	UMC1278	204,09	35,98	-0,44	L-08-05F	8,64	11,79	-
<i>Qfmt1.1e</i>	UMC1128	214,65	30,79	-0,32	L-08-05F	4,46	6,08	-
<i>Qfmt1.2a</i>	UMC2129	179,74	<u>30,10</u>	0,18	L-14-04B	1,45	1,98	2,3
<i>Qfmt1.2b</i>	umc1464	194,41	<u>28,24</u>	0,16	L-14-04B	1,20	1,64	3
<i>Qfmt1.3</i>	mmc0022	69,35	28,35	0,50	L-14-04B	11,27	15,38	-
<i>Qfmt1.5a</i>	UMC2292	2,08	<u>41,25</u>	0,34	L-14-04B	5,04	6,88	3,5,6
<i>Qfmt1.5b</i>	UMC1325	13,04	<u>31,15</u>	0,38	L-14-04B	6,66	9,09	3,4,5,6
<i>Qfmt1.8</i>	umc1034	52,67	<u>25,50</u>	-0,12	L-08-05F	0,67	0,92	0

^a Nome do QTL indicando o caráter, a geração e o número do cromossomo em que o QTL foi detectado (QTL no mesmo cromossomo são diferenciados por letras do alfabeto).

^b Marca refere-se ao primeiro marcador a esquerda do QTL. Posição refere-se à distância, em cM, do primeiro marcador do cromossomo até o QTL.

^c Teste da razão de verossimilhança na posição em que o QTL foi detectado. Valores sublinhados indicam ocorrência de interação QTL x Ambiente significativa.

^d Efeito de substituição alélica dos QTL multiplicado por 10.

^e Parental que contribuiu com o alelo para aumento do caráter para cada QTL.

^f Ambientes em que o QTL foi detectado: - indica que o QTL não apresentou interação significativa com o ambiente ou, quando apresentou, indica que o QTL não foi detectado em nenhum ambiente, apenas na análise conjunta, 1, 2, 3, 4, 5 e 6 indica que o QTL foi detectado nos ambientes ESA(04/05), ANH(04/05), ESA(05/06), ANH(05/06), ESA(06/07) e ANH(06/07), respectivamente.

Apêndice K - QTL para florescimento masculino (dias) nos TC2. Nome, localização, valor do teste de razão de verossimilhança, efeitos de substituição alélica, direção, porcentagem da variação explicada e ambientes em que foram mapeados

QTL ^a	Marca ^b	Posição ^b	LR ^c	α^d	Direção ^e	R^2_{jen} %	R^2_{gen} %	Ambientes ^f
<i>Qfmt2.1a</i>	umc1073	63,26	26,13	0,59	L-14-04B	10,03	12,15	-
<i>Qfmt2.1b</i>	bnlg1598	167,81	<u>30,72</u>	0,05	L-14-04B	0,08	0,10	3
<i>Qfmt2.2a</i>	BNLG1036	116,41	37,07	-0,61	L-08-05F	10,58	12,82	-
<i>Qfmt2.2b</i>	bnlg1396	137,17	27,93	-0,39	L-08-05F	4,23	5,13	-
<i>Qfmt2.2c</i>	UMC2254	139,46	<u>29,23</u>	-0,32	L-08-05F	2,90	3,51	1,3,4
<i>Qfmt2.3</i>	bnlg1754	190,87	<u>29,53</u>	-0,08	L-08-05F	0,18	0,22	1,3,5
<i>Qfmt2.5a</i>	BNLG1306	229,82	<u>28,05</u>	0,12	L-14-04B	0,42	0,51	6
<i>Qfmt2.5b</i>	phi0128	243,44	<u>28,63</u>	0,08	L-14-04B	0,19	0,23	6
<i>Qfmt2.7</i>	dupssr13	171,94	<u>34,04</u>	0,82	L-14-04B	19,26	23,34	1,2,3,6

^a Nome do QTL indicando o caráter, a geração e o número do cromossomo em que o QTL foi detectado (QTL no mesmo cromossomo são diferenciados por letras do alfabeto).

^b Marca refere-se ao primeiro marcador a esquerda do QTL. Posição refere-se à distância, em cM, do primeiro marcador do cromossomo até o QTL.

^c Teste da razão de verossimilhança na posição em que o QTL foi detectado. Valores sublinhados indicam ocorrência de interação QTL x Ambiente significativa.

^d Efeito de substituição alélica dos QTL multiplicado por 10.

^e Parental que contribuiu com o alelo para aumento do caráter para cada QTL.

^f Ambientes em que o QTL foi detectado: - indica que o QTL não apresentou interação significativa com o ambiente ou, quando apresentou, indica que o QTL não foi detectado em nenhum ambiente, apenas na análise conjunta, 1, 2, 3, 4, 5 e 6 indica que o QTL foi detectado nos ambientes ESA(04/05), ANH(04/05), ESA(05/06), ANH(05/06), ESA(06/07) e ANH(06/07), respectivamente.

Apêndice L - QTL para florescimento feminino (dias) nas linhagens S₁. Nome, localização, valor do teste de razão de verossimilhança, efeitos genéticos, direção, porcentagem da variação explicada, ação gênica, ambientes em que foram mapeados e coincidência com QTL mapeados nos testecrosses

QTL ^a	Marca ^b	Posição ^b	LR ^c	a ^d	d ^d	Direção ^e	R ² _{fen} %	R ² _{gen} %	GD	Ação	Ambientes ^f	Coincidência ^g
<u>QffL.1a</u>	bnlg1627	45,49	26,27	0,62	-0,27	L-14-04B	3,30	3,62	0,43	DP	-	-
<u>QffL.1b</u>	bnlg2238	80,16	<u>26,31</u>	0,42	0,20	L-14-04B	1,55	1,71	0,48	DP	3,4,5	<u>Qff1.1b</u>
<u>QffL.2a</u>	umc1845	40,15	25,74	0,58	-0,46	L-14-04B	3,40	3,74	0,79	DP	-	-
<u>QffL.2b</u>	UMC2023	159,96	<u>32,54</u>	0,59	-0,26	L-14-04B	2,94	3,23	0,44	DP	-	-
<u>QffL.2c</u>	umc1230	214,06	<u>25,37</u>	0,31	0,22	L-14-04B	0,92	1,01	0,72	DP	1	-
<u>QffL.4</u>	dupsr34	95,04	<u>28,60</u>	-0,08	-0,40	L-08-05F	0,69	0,76	4,80	SD	4	-
<u>QffL.6</u>	umc1520	175,25	<u>28,05</u>	0,34	-0,27	L-14-04B	1,17	1,29	0,80	DP	1	-
<u>QffL.7a</u>	umc1426	25,01	<u>30,75</u>	-0,58	-0,27	L-08-05F	2,87	3,16	0,46	DP	1,2,3,5	-
<u>QffL.7b</u>	UMC2160	32,23	<u>31,64</u>	-0,45	-0,33	L-08-05F	1,97	2,17	0,74	DP	2,3,5	-
<u>QffL.7c</u>	umc1632	38,77	<u>29,10</u>	-0,30	-0,31	L-08-05F	1,06	1,16	1,03	DC	2	-
<u>QffL.8a</u>	umc1139	9,01	<u>27,87</u>	0,25	-0,40	L-14-04B	1,12	1,23	1,59	SD	1,2	-
<u>QffL.8b</u>	ph420701	17,88	<u>29,84</u>	0,19	-0,51	L-14-04B	1,29	1,41	2,76	SD	1,2	<u>Qff2.8a</u>
<u>QffL.9</u>	bnlg0430	68,53	<u>45,21</u>	0,97	-0,36	L-14-04B	7,77	8,53	0,37	DP	1,3,5,6	<u>Qff2.9</u>
<u>QffL.10a</u>	bnlg1451	44,52	<u>31,10</u>	0,17	-0,31	L-14-04B	0,59	0,64	1,87	SD	2	-
<u>QffL.10b</u>	MMC0501	57,84	<u>27,15</u>	0,14	-0,31	L-14-04B	0,51	0,56	2,23	SD	-	-
<u>QffL.10c</u>	umc1506	140,89	29,87	1,02	0,03	L-14-04B	8,18	8,98	0,03	A	-	-

^aNome do QTL indicando o caráter, a geração e o número do cromossomo em que o QTL foi detectado (QTL no mesmo cromossomo são diferenciados por letras do alfabeto).

^bMarca refere-se ao primeiro marcador a esquerda do QTL. Posição refere-se à distância, em cM, do primeiro marcador do cromossomo até o QTL.

^cTeste da razão de verossimilhança na posição em que o QTL foi detectado. Valores sublinhados indicam ocorrência de interação QTL x Ambiente significativa.

^dEfeitos aditivos e dominantes dos QTL.

^eParental que contribuiu com o alelo para aumento do caráter para cada QTL.

^fAmbientes em que o QTL foi detectado: - indica que o QTL não apresentou interação significativa com o ambiente ou, quando apresentado, indica que o QTL não foi detectado em nenhum ambiente, apenas na análise conjunta, 1, 2, 3, 4, 5 e 6 indica que o QTL foi detectado nos ambientes ESA(04/05), ANH(04/05), ESA(05/06), ANH(05/06), ESA(06/07) e ANH(06/07), respectivamente.

^gQTL que foram mapeados em regiões congruentes nos testecrosses.

Apêndice M - QTL para florescimento feminino (dias) nos TC1. Nome, localização, valor do teste de razão de verossimilhança, efeitos de substituição alélica, direção, porcentagem da variação explicada e ambientes em que foram mapeados

QTL ^a	Marca ^b	Posição ^b	LR ^c	α^d	Direção ^e	$R^2_{gen} \%$	$R^2_{gen} \%$	Ambientes ^f
<i>Qff1.1a</i>	umc1073	62,26	37,37	0,69	L-14-04B	14,76	17,78	-
<i>Qff1.1b</i>	bnlg2238	82,16	26,38	0,62	L-14-04B	11,87	14,30	-
<i>Qff1.2a</i>	umc1934	26,08	<u>25,75</u>	-0,25	L-08-05F	1,89	2,27	5
<i>Qff1.2b</i>	UMC2129	175,74	<u>26,79</u>	0,09	L-14-04B	0,27	0,32	0
<i>Qff1.5a</i>	bnlg1879	70,13	28,19	-0,64	L-08-05F	12,88	15,52	-
<i>Qff1.5b</i>	umc1056	84,54	31,27	-0,79	L-08-05F	19,74	23,78	-
<i>Qff1.5c</i>	bnlg1902	91,41	<u>40,79</u>	-0,68	L-08-05F	14,62	17,61	1,3,5,6

^a Nome do QTL indicando o caráter, a geração e o número do cromossomo em que o QTL foi detectado (QTL no mesmo cromossomo são diferenciados por letras do alfabeto).

^b Marca refere-se ao primeiro marcador a esquerda do QTL. Posição refere-se à distância, em cM, do primeiro marcador do cromossomo até o QTL.

^c Teste da razão de verossimilhança na posição em que o QTL foi detectado. Valores sublinhados indicam ocorrência de interação QTL x Ambiente significativa.

^d Efeito de substituição alélica dos QTL multiplicado por 10.

^e Parental que contribuiu com o alelo para aumento do caráter para cada QTL.

^f Ambientes em que o QTL foi detectado: - indica que o QTL não apresentou interação significativa com o ambiente ou, quando apresentado, indica que o QTL não foi detectado em nenhum ambiente, apenas na análise conjunta, 1, 2, 3, 4, 5 e 6 indica que o QTL foi detectado nos ambientes ESA(04/05), ANH(04/05), ESA(05/06), ANH(05/06), ESA(06/07) e ANH(06/07), respectivamente.

Apêndice N - QTL para florescimento feminino (dias) nos TC2. Nome, localização, valor do teste de razão de verossimilhança, efeitos de substituição alélica, direção, porcentagem da variação explicada e ambientes em que foram mapeados

QTL ^a	Marca ^b	Posição ^b	LR ^c	α^d	Direção ^e	R^2_{fen} %	R^2_{gen} %	Ambientes ^f
<u>Qff2.1a</u>	umc1508	165,35	<u>29,42</u>	-0,18	L-08-05F	0,62	0,70	0
<u>Qff2.1b</u>	bnlg1598	167,81	<u>29,62</u>	-0,15	L-08-05F	0,44	0,50	3
<u>Qff2.1c</u>	umc1035	187,61	<u>32,91</u>	-0,17	L-08-05F	0,54	0,61	0
<u>Qff2.1d</u>	UMC1278	206,09	<u>26,47</u>	-0,10	L-08-05F	0,18	0,21	4
<u>Qff2.1e</u>	UMC1128	212,65	<u>26,31</u>	-0,09	L-08-05F	0,14	0,16	-
<u>Qff2.2</u>	bnlg1396	126,17	27,42	-0,49	L-08-05F	4,80	5,44	-
<u>Qff2.5a</u>	UMC1325	38,04	27,91	-0,17	L-08-05F	0,57	0,65	-
<u>Qff2.5b</u>	umc1587	48,61	<u>31,30</u>	-0,33	L-08-05F	2,15	2,44	5
<u>Qff2.5c</u>	BNLG1892	102,56	27,25	-0,69	L-08-05F	9,44	10,71	-
<u>Qff2.5d</u>	umc1524	203,00	<u>27,74</u>	0,03	L-14-04B	0,02	0,03	1
<u>Qff2.7a</u>	UMC1275	94,26	<u>28,43</u>	0,11	L-14-04B	0,26	0,29	6
<u>Qff2.7b</u>	umc1154	184,68	27,43	0,71	L-14-04B	9,80	11,12	-
<u>Qff2.8a</u>	ph420701	15,88	<u>35,52</u>	0,52	L-14-04B	5,26	5,97	1,3,4,6
<u>Qff2.8b</u>	phi0119	29,58	<u>25,52</u>	0,51	L-14-04B	5,18	5,87	-
<u>Qff2.8c</u>	BNLG1352	36,17	25,59	0,54	L-14-04B	5,66	6,42	-
<u>Qff2.8d</u>	umc1034	52,67	<u>28,15</u>	0,38	L-14-04B	2,91	3,30	6
<u>Qff2.8e</u>	phi0115	90,04	<u>26,17</u>	0,07	L-14-04B	0,11	0,12	6
<u>Qff2.9</u>	bnlg0430	61,53	27,46	0,57	L-14-04B	6,34	7,19	-
<u>Qff2.10</u>	UMC2250	122,22	<u>25,85</u>	0,33	L-14-04B	2,15	2,44	1

^a Nome do QTL indicando o caráter, a geração e o número do cromossomo em que o QTL foi detectado (QTL no mesmo cromossomo são diferenciados por letras do alfabeto).

^b Marca refere-se ao primeiro marcador a esquerda do QTL. Posição refere-se à distância, em cM, do primeiro marcador do cromossomo até o QTL.

^c Teste da razão de verossimilhança na posição em que o QTL foi detectado. Valores sublinhados indicam ocorrência de interação QTL x Ambiente significativa.

^d Efeito de substituição alélica dos QTL multiplicado por 10.

^e Parental que contribuiu com o alelo para aumento do caráter para cada QTL.

^f Ambientes em que o QTL foi detectado: - indica que o QTL não apresentou interação significativa com o ambiente ou, quando apresentou, indica que o QTL não foi detectado em nenhum ambiente, apenas na análise conjunta, 1, 2, 3, 4, 5 e 6 indica que o QTL foi detectado nos ambientes ESA(04/05), ANH(04/05), ESA(05/06), ANH(05/06), ESA(06/07) e ANH(06/07), respectivamente.

Apêndice O - QTL para intervalo entre florescimentos (dias) nas linhagens S₁. Nome, localização, valor do teste de razão de verossimilhança, efeitos genéticos, direção, porcentagem da variação explicada, ação gênica, ambientes em que foram mapeados e coincidência com QTL mapeados nos testecrosses

QTL ^a	Marca ^b	Posição ^b	LR ^c	a ^d	d ^d	Direção ^e	R ² _{fen} %	R ² _{gen} %	GD	Ação	Ambientes ^f	Coincidência ^g
<i>Qifl.1a</i>	bnlg1627	45,49	<u>43,24</u>	0,25	-0,26	L-14-04B	5,26	7,54	1,05	DC	1,4,5,6	<i>Qifl.1c</i>
<i>Qifl.1b</i>	bnlg1083	52,35	<u>36,24</u>	0,20	-0,19	L-14-04B	3,12	4,47	0,93	DC	1,5,6	-
<i>Qifl.2a</i>	UMC2254	139,46	<u>38,16</u>	0,04	0,06	L-14-04B	0,22	0,31	1,49	SD	2	-
<i>Qifl.2b</i>	UMC1080	146,44	<u>30,25</u>	0,23	-0,04	L-14-04B	2,93	4,20	0,19	A	1,2,6	-
<i>Qifl.2c</i>	UMC2023	154,96	26,48	0,22	-0,05	L-14-04B	2,80	4,02	0,24	DP	-	-
<i>Qifl.3a</i>	bnlg1452	51,08	<u>31,71</u>	-0,04	0,07	L-08-05F	0,22	0,31	1,79	SD	6	-
<i>Qifl.3b</i>	bnlg602	58,12	<u>28,57</u>	-0,08	0,10	L-08-05F	0,62	0,89	1,28	SD	6	-
<i>Qifl.4a</i>	bnlg0252	78,34	<u>30,15</u>	-0,04	0,03	L-08-05F	0,12	0,17	0,72	DP	3	-
<i>Qifl.4b</i>	bnlg2291	91,84	<u>27,17</u>	-0,06	0,08	L-08-05F	0,37	0,53	1,29	SD	3	-
<i>Qifl.8</i>	umc1139	4,01	<u>42,69</u>	0,27	-0,23	L-14-04B	5,43	7,79	0,83	DC	1,2,3,5	-
<i>Qifl.9</i>	bnlg0430	67,53	32,28	0,26	-0,30	L-14-04B	6,24	8,94	1,12	DC	-	-
<i>Qifl.10</i>	MMC0501	61,84	<u>28,19</u>	0,02	-0,14	L-14-04B	0,52	0,75	6,85	SD	3	-

^a Nome do QTL indicando o caráter, a geração e o número do cromossomo em que o QTL foi detectado (QTL no mesmo cromossomo são diferenciados por letras do alfabeto).

^b Marca refere-se ao primeiro marcador a esquerda do QTL. Posição refere-se à distância, em cM, do primeiro marcador do cromossomo até o QTL.

^c Teste da razão de verossimilhança na posição em que o QTL foi detectado. Valores sublinhados indicam ocorrência de interação QTL x Ambiente significativa.

^d Efeitos aditivos e dominantes dos QTL.

^e Parental que contribuiu com o alelo para aumento do caráter para cada QTL.

^f Ambientes em que o QTL foi detectado: - indica que o QTL não apresentou interação significativa com o ambiente ou, quando apresentou, indica que o QTL não foi detectado em nenhum ambiente, apenas na análise conjunta. 1, 2, 3, 4, 5 e 6 indica que o QTL foi detectado nos ambientes ESA(04/05), ANH(04/05), ESA(05/06), ANH(05/06), ESA(06/07) e ANH(06/07), respectivamente.

^g QTL que foram mapeados em regiões congruentes nos testecrosses.

Apêndice P - QTL para intervalo entre florescimentos (dias) nos TC1. Nome, localização, valor do teste de razão de verossimilhança, efeitos de substituição alélica, direção, porcentagem da variação explicada e ambientes em que foram mapeados

QTL ^a	Marca ^b	Posição ^b	LR ^c	α^d	Direção ^e	R^2_{fen} %	R^2_{gen} %	Ambientes ^f
<i>Qift1.1a</i>	bnlg1014	15,14	<u>35,95</u>	0,17	L-14-04B	2,05	3,53	2,5
<i>Qift1.1b</i>	umc1106	35,33	27,56	0,39	L-14-04B	10,59	18,25	-
<i>Qift1.1c</i>	bnlg1627	43,49	<u>44,90</u>	0,50	L-14-04B	17,37	29,94	-
<i>Qift1.1d</i>	umc1601	114,96	<u>27,47</u>	0,03	L-14-04B	0,09	0,15	3
<i>Qift1.1e</i>	umc1508	160,35	26,03	0,21	L-14-04B	3,11	5,37	-
<i>Qift1.1f</i>	umc1035	186,61	<u>35,53</u>	0,26	L-14-04B	4,86	8,38	1,2,4
<i>Qift1.1g</i>	bnlg0615	198,71	<u>35,69</u>	0,23	L-14-04B	3,75	6,47	2,4
<i>Qift1.2a</i>	umc1464	194,41	<u>31,68</u>	0,24	L-14-04B	4,00	6,90	1,2,3
<i>Qift1.2b</i>	umc1230	210,06	<u>29,83</u>	0,15	L-14-04B	1,64	2,83	1,6
<i>Qift1.4</i>	umc1989	140,77	<u>28,27</u>	-0,13	L-08-05F	1,28	2,21	1
<i>Qift1.5a</i>	UMC1325	19,04	26,88	-0,37	L-08-05F	9,70	16,72	-
<i>Qift1.5b</i>	BNLG1892	102,56	<u>32,23</u>	-0,01	L-08-05F	0,01	0,01	5,6
<i>Qift1.5c</i>	dupssr10	127,89	<u>26,25</u>	0,01	L-14-04B	0,003	0,005	4,6
<i>Qift1.7</i>	umc1426	0,01	27,66	-0,11	L-08-05F	0,80	1,38	-
<i>Qift1.8a</i>	ph420701	12,88	28,87	0,38	L-14-04B	10,09	17,40	-
<i>Qift1.8b</i>	UMC2378	126,62	<u>29,86</u>	0,25	L-14-04B	4,43	7,64	1,2

^a Nome do QTL indicando o caráter, a geração e o número do cromossomo em que o QTL foi detectado (QTL no mesmo cromossomo são diferenciados por letras do alfabeto).

^b Marca refere-se ao primeiro marcador a esquerda do QTL. Posição refere-se à distância, em cM, do primeiro marcador do cromossomo até o QTL.

^c Teste da razão de verossimilhança na posição em que o QTL foi detectado. Valores sublinhados indicam ocorrência de interação QTL x Ambiente significativa.

^d Efeito de substituição alélica dos QTL multiplicado por 10.

^e Parental que contribuiu com o alelo para aumento do caráter para cada QTL.

^f Ambientes em que o QTL foi detectado: - indica que o QTL não apresentou interação significativa com o ambiente ou, quando apresentou, indica que o QTL não foi detectado em nenhum ambiente, apenas na análise conjunta, 1, 2, 3, 4, 5 e 6 indica que o QTL foi detectado nos ambientes ESA(04/05), ANH(04/05), ESA(05/06), ANH(05/06), ESA(06/07) e ANH(06/07), respectivamente.

Apêndice Q - QTL para intervalo entre florescimentos (dias) nos TC2. Nome, localização, valor do teste de razão de verossimilhança, efeitos de substituição alélica, direção, porcentagem da variação explicada e ambientes em que foram mapeados

QTL ^a	Marca ^b	Posição ^b	LR ^c	α^d	Direção ^e	R_{jen}^2 %	R_{gen}^2 %	Ambientes ^f
<u>Qjft2.1a</u>	umc1177	6,01	<u>29,29</u>	0,13	L-14-04B	1,51	2,65	2,3
<u>Qjft2.1b</u>	bnlg1014	14,14	<u>25,99</u>	0,18	L-14-04B	3,09	5,43	3
<u>Qjft2.1c</u>	umc1106	39,33	<u>33,35</u>	0,23	L-14-04B	5,00	8,79	1
<u>Qjft2.1d</u>	bnlg2238	88,16	<u>33,14</u>	-0,08	L-08-05F	0,59	1,03	2,5
<u>Qjft2.1e</u>	umc1508	163,35	<u>27,41</u>	-0,10	L-08-05F	1,01	1,77	-
<u>Qjft2.1f</u>	umc1035	181,61	<u>27,65</u>	-0,10	L-08-05F	0,89	1,57	4
<u>Qjft2.1g</u>	phi0120	283,19	<u>28,86</u>	0,04	L-14-04B	0,18	0,32	2
<u>Qjft2.1h</u>	umc1630	303,69	<u>26,86</u>	0,21	L-14-04B	4,24	7,46	-
<u>Qjft2.4</u>	bnlg1337	178,80	<u>27,81</u>	0,02	L-14-04B	0,03	0,06	5
<u>Qjft2.6</u>	umc1520	165,25	<u>25,58</u>	0,20	L-14-04B	3,53	6,20	-
<u>Qjft2.8</u>	BNLG1352	32,17	<u>25,54</u>	0,19	L-14-04B	3,16	5,56	-

^a Nome do QTL indicando o caráter, a geração e o número do cromossomo em que o QTL foi detectado (QTL no mesmo cromossomo são diferenciados por letras do alfabeto).

^b Marca refere-se ao primeiro marcador a esquerda do QTL. Posição refere-se à distância, em cM, do primeiro marcador do cromossomo até o QTL.

^c Teste da razão de verossimilhança na posição em que o QTL foi detectado. Valores sublinhados indicam ocorrência de interação QTL x Ambiente significativa.

^d Efeito de substituição alélica dos QTL multiplicado por 10.

^e Parental que contribuiu com o alelo para aumento do caráter para cada QTL.

^f Ambientes em que o QTL foi detectado: - indica que o QTL não apresentou interação significativa com o ambiente ou, quando apresentou, indica que o QTL não foi detectado em nenhum ambiente, apenas na análise conjunta. 1, 2, 3, 4, 5 e 6 indica que o QTL foi detectado nos ambientes ESA(04/05), ANH(04/05), ESA(05/06), ANH(05/06), ESA(06/07) e ANH(06/07), respectivamente.

Apêndice R - QTL para altura da planta (cm) nas linhagens S₁. Nome, localização, valor do teste de razão de verossimilhança, efeitos genéticos, direção, porcentagem da variação explicada, ação gênica, ambientes em que foram mapeados e coincidência com QTL mapeados nos testecrosses

QTL ^a	Marca ^b	Posição ^b	LR ^c	a ^d	d ^d	Direção ^e	R^2_{fen} %	R^2_{gen} %	GD	Ação	Ambientes ^f	Coincidência ^g
<i>QapL.1</i>	umc1073	64,26	<u>37,55</u>	1,47	3,28	L-14-04B	3,86	4,68	2,22	SD	1,3,4,5	-
<i>QapL.2a</i>	umc1165	0,01	30,55	3,01	-1,93	L-14-04B	5,59	6,77	0,64	DP	-	-
<i>QapL.2b</i>	bnlg1017	9,99	<u>30,97</u>	2,74	-2,41	L-14-04B	5,33	6,46	0,88	DC	-	-
<i>QapL.2c</i>	dupssr27	52,45	29,54	3,12	4,47	L-14-04B	10,12	12,26	1,43	SD	-	-
<i>QapL.2d</i>	bnlg0381	57,18	28,54	2,16	3,42	L-14-04B	5,40	6,54	1,58	SD	-	-
<i>QapL.3</i>	bnlg1798	104,77	<u>30,37</u>	0,92	-1,17	L-14-04B	0,78	0,95	1,28	SD	4	-
<i>QapL.4</i>	bnlg2162	119,21	<u>35,12</u>	0,48	3,46	L-14-04B	3,19	3,86	7,23	SD	1,3,4,6	-
<i>QapL.5a</i>	UMC2292	5,08	<u>31,80</u>	-1,48	0,90	L-08-05F	1,32	1,60	0,61	DP	4,5	-
<i>QapL.5b</i>	UMC1325	31,04	<u>41,76</u>	-0,46	3,08	L-08-05F	2,54	3,07	6,67	SD	2,4,5	-
<i>QapL.5c</i>	umc1587	41,61	<u>34,96</u>	-0,19	2,06	L-08-05F	1,10	1,34	10,77	SD	2,4,5	-
<i>QapL.5d</i>	bnlg1879	66,13	<u>28,60</u>	-0,46	0,72	L-08-05F	0,24	0,29	1,57	SD	2	-
<i>QapL.5e</i>	umc1056	87,54	<u>29,09</u>	0,53	-0,97	L-14-04B	0,38	0,47	1,83	SD	5	-
<i>QapL.5f</i>	umc1019	183,21	<u>29,12</u>	3,96	-0,87	L-14-04B	8,26	10,01	0,22	DP	1,3	-
<i>QapL.5g</i>	umc1524	195,00	<u>27,21</u>	1,24	-1,45	L-14-04B	1,33	1,61	1,18	DC	5	-
<i>QapL.6a</i>	phi0077	62,70	<u>29,35</u>	-1,05	-0,52	L-08-05F	0,63	0,77	0,50	DP	4	-
<i>QapL.6b</i>	umc1257	85,42	<u>29,55</u>	-0,89	0,88	L-08-05F	0,61	0,73	0,99	DC	-	-
<i>QapL.7</i>	umc1409	53,49	<u>35,08</u>	-2,69	0,11	L-08-05F	3,72	4,50	0,04	A	1,3,4,6	-
<i>QapL.8</i>	umc1034	42,67	<u>29,90</u>	-1,86	1,70	L-08-05F	2,51	3,04	0,92	DC	3,4,6	-
<i>QapL.9a</i>	bnlg0430	72,53	<u>40,81</u>	-3,11	-0,48	L-08-05F	5,00	6,06	0,15	A	1,4,5,6	-
<i>QapL.9b</i>	bnlg1012	110,12	<u>29,39</u>	0,91	1,28	L-14-04B	0,85	1,03	1,41	SD	2	-
<i>QapL.10</i>	umc1319	25,75	<u>29,11</u>	4,14	-3,47	L-14-04B	11,86	14,37	0,84	DC	-	-

^aNome do QTL indicando o caráter, a geração e o número do cromossomo em que o QTL foi detectado (QTL no mesmo cromossomo são diferenciados por letras do alfabeto).

^bMarca refere-se ao primeiro marcador a esquerda do QTL. Posição refere-se à distância, em cM, do primeiro marcador do cromossomo até o QTL.

^cTeste da razão de verossimilhança na posição em que o QTL foi detectado. Valores sublinhados indicam ocorrência de interação QTL x Ambiente significativa.

^dEfeitos aditivos e dominantes dos QTL.

^eParental que contribuiu com o alelo para aumento do caráter para cada QTL.

^fAmbientes em que o QTL foi detectado: - indica que o QTL não apresentou interação significativa com o ambiente ou, quando apresentou, indica que o QTL não foi detectado em nenhum ambiente, apenas na análise conjunta, 1, 2, 3, 4, 5 e 6 indica que o QTL foi detectado nos ambientes ESA(04/05), ANH(04/05), ESA(05/06), ANH(05/06), ESA(06/07) e ANH(06/07), respectivamente.

^gQTL que foram mapeados em regiões congruentes nos testecrosses.

Apêndice S - QTL para altura da planta (cm) nos TC1. Nome, localização, valor do teste de razão de verossimilhança, efeitos de substituição alélica, direção, porcentagem da variação explicada e ambientes em que foram mapeados

QTL ^a	Marca ^b	Posição ^b	LR ^c	α^d	Direção ^e	R^2_{jen} %	R^2_{gen} %	Ambientes ^f
<i>Qapt1.1a</i>	bnlg1014	15,14	<u>25,76</u>	1,14	L-14-04B	1,22	1,59	2
<i>Qapt1.1b</i>	bnlg1627	43,49	<u>33,80</u>	3,14	L-14-04B	9,30	12,14	2,4,5
<i>Qapt1.1c</i>	umc1021	67,59	<u>32,19</u>	3,51	L-14-04B	11,57	15,10	-
<i>Qapt1.1d</i>	umc1035	183,61	<u>25,92</u>	3,52	L-14-04B	11,69	15,25	-
<i>Qapt1.3</i>	umc1659	142,61	<u>25,85</u>	0,04	L-14-04B	0,001	0,002	2,5
<i>Qapt1.5a</i>	BNLG1892	120,56	<u>31,20</u>	-1,76	L-08-05F	2,92	3,81	6
<i>Qapt1.5b</i>	umc1221	141,29	<u>27,80</u>	0,68	L-14-04B	0,44	0,57	-
<i>Qapt1.6</i>	nc0013	151,14	<u>27,04</u>	0,82	L-14-04B	0,64	0,83	1
<i>Qapt1.7a</i>	umc1426	0,01	<u>33,97</u>	-2,48	L-08-05F	5,80	7,57	-
<i>Qapt1.7b</i>	umc1154	180,68	<u>28,70</u>	3,73	L-14-04B	13,13	17,14	-
<i>Qapt1.9</i>	dupssr06	32,56	<u>31,23</u>	2,59	L-14-04B	6,34	8,27	1,6

^a Nome do QTL indicando o caráter, a geração e o número do cromossomo em que o QTL foi detectado (QTL no mesmo cromossomo são diferenciados por letras do alfabeto).

^b Marca refere-se ao primeiro marcador a esquerda do QTL. Posição refere-se à distância, em cM, do primeiro marcador do cromossomo até o QTL.

^c Teste da razão de verossimilhança na posição em que o QTL foi detectado. Valores sublinhados indicam ocorrência de interação QTL x Ambiente significativa.

^d Efeito de substituição alélica dos QTL multiplicado por 10.

^e Parental que contribuiu com o alelo para aumento do caráter para cada QTL.

^f Ambientes em que o QTL foi detectado: - indica que o QTL não apresentou interação significativa com o ambiente ou, quando apresentou, indica que o QTL não foi detectado em nenhum ambiente, apenas na análise conjunta. 1, 2, 3, 4, 5 e 6 indica que o QTL foi detectado nos ambientes ESA(04/05), ANH(04/05), ESA(05/06), ANH(05/06), ESA(06/07) e ANH(06/07), respectivamente.

Apêndice T - QTL para altura da planta (cm) nos TC2. Nome, localização, valor do teste de razão de verossimilhança, efeitos de substituição alélica, direção, porcentagem da variação explicada e ambientes em que foram mapeados

QTL ^a	Marca ^b	Posição ^b	LR ^c	α ^d	Direção ^e	$R^2_{/en}$ %	R^2_{gen} %	Ambientes ^f
<i>Qapt2.1a</i>	umc1106	39,33	<u>29,09</u>	-0,35	L-08-05F	0,10	0,13	2
<i>Qapt2.1b</i>	bnlg1627	49,49	<u>36,95</u>	2,83	L-14-04B	6,54	8,40	1,2,3,5
<i>Qapt2.1c</i>	UMC1128	214,65	<u>36,58</u>	-0,75	L-08-05F	0,46	0,60	4,5
<i>Qapt2.1d</i>	phi0120	285,19	<u>33,27</u>	-0,70	L-08-05F	0,41	0,52	1,5
<i>Qapt2.1e</i>	umc1630	295,69	26,42	-0,23	L-08-05F	0,04	0,06	-
<i>Qapt2.2a</i>	bnlg2277	29,36	44,73	5,60	L-14-04B	25,67	32,97	-
<i>Qapt2.2b</i>	bnlg0125	36,99	38,45	5,37	L-14-04B	23,61	30,32	-
<i>Qapt2.2c</i>	umc1776	42,12	35,43	4,66	L-14-04B	17,74	22,78	-
<i>Qapt2.2d</i>	bnlg0381	67,18	36,43	5,559	L-14-04B	25,285	32,475	-
<i>Qapt2.3</i>	mmc0022	91,35	<u>25,57</u>	1,20	L-14-04B	1,18	1,51	6
<i>Qapt2.4a</i>	UMC1757	18,73	25,91	-0,33	L-08-05F	0,09	0,12	-
<i>Qapt2.4b</i>	umc1051	128,39	<u>27,60</u>	1,55	L-14-04B	1,97	2,53	1
<i>Qapt2.6</i>	umc1887	94,09	25,95	-3,19	L-08-05F	8,35	10,72	-

^a Nome do QTL indicando o caráter, a geração e o número do cromossomo em que o QTL foi detectado (QTL no mesmo cromossomo são diferenciados por letras do alfabeto).

^b Marca refere-se ao primeiro marcador a esquerda do QTL. Posição refere-se à distância, em cM, do primeiro marcador do cromossomo até o QTL.

^c Teste da razão de verossimilhança na posição em que o QTL foi detectado. Valores sublinhados indicam ocorrência de interação QTL x Ambiente significativa.

^d Efeito de substituição alélica dos QTL multiplicado por 10.

^e Parental que contribuiu com o alelo para aumento do caráter para cada QTL.

^f Ambientes em que o QTL foi detectado: - indica que o QTL não apresentou interação significativa com o ambiente ou, quando apresentou, indica que o QTL não foi detectado em nenhum ambiente, apenas na análise conjunta. 1, 2, 3, 4, 5 e 6 indica que o QTL foi detectado nos ambientes ESA(04/05), ANH(04/05), ESA(05/06), ANH(05/06), ESA(06/07) e ANH(06/07), respectivamente.

Apêndice U – QTL para altura da espiga (cm) nas linhagens S₁. Nome, localização, valor do teste de razão de verossimilhança, efeitos genéticos, direção, porcentagem da variação explicada, ação gênica, ambientes em que foram mapeados e coincidência com QTL mapeados nos testecrosses

QTL ^a	Marca ^b	Posição ^b	LR ^c	a ^d	d ^d	Direção ^e	R ² % _{fen}	R ² % _{gen}	GD	Ação	Ambientes ^f	Coincidência ^g
<i>QaeL.1</i>	bnlg1598	167,81	26,70	0,77	3,08	L-14-04B	5,02	6,08	4,01	SD	-	-
<i>QaeL.2a</i>	dupssr21	103,70	29,71	-0,84	-0,30	L-08-05F	0,71	0,86	0,35	DP	1,2	-
<i>QaeL.2b</i>	BNLG1036	115,41	26,96	-1,20	0,21	L-08-05F	1,38	1,67	0,18	A	1,2	<i>QaeL.2a</i>
<i>QaeL.4</i>	bnlg2162	119,21	28,51	0,59	2,12	L-14-04B	2,44	2,96	3,61	SD	-	-
<i>QaeL.5a</i>	umc1587	41,61	31,33	-0,18	1,43	L-08-05F	1,00	1,21	7,77	SD	5	-
<i>QaeL.5b</i>	bnlg1879	56,13	44,22	-1,90	0,54	L-08-05F	3,53	4,28	0,28	DP	1,5,6	-
<i>QaeL.5c</i>	umc1524	195,00	34,55	0,35	-2,53	L-14-04B	3,13	3,80	7,21	SD	4,5	-
<i>QaeL.5d</i>	phi0128	233,44	27,10	0,55	-1,88	L-14-04B	1,95	2,37	3,40	SD	-	-
<i>QaeL.6a</i>	umc1257	87,42	31,46	-0,53	1,29	L-08-05F	1,05	1,28	2,44	SD	6	-
<i>QaeL.6b</i>	umc1887	93,09	33,18	-0,41	1,00	L-08-05F	0,63	0,77	2,42	SD	6	-
<i>QaeL.7a</i>	umc1632	41,77	31,60	-2,52	0,58	L-08-05F	6,14	7,44	0,23	DP	-	-
<i>QaeL.7b</i>	umc1409	46,49	32,12	-2,08	0,06	L-08-05F	4,09	4,96	0,03	A	1,3,4,6	-
<i>QaeL.8</i>	bnlg1176	101,69	28,09	1,00	-1,39	L-14-04B	1,85	2,25	1,40	SD	1,3,4,5	-

^a Nome do QTL indicando o caráter, a geração e o número do cromossomo em que o QTL foi detectado (QTL no mesmo cromossomo são diferenciados por letras do alfabeto).

^b Marca refere-se ao primeiro marcador a esquerda do QTL. Posição refere-se à distância, em cM, do primeiro marcador do cromossomo até o QTL.

^c Teste da razão de verossimilhança na posição em que o QTL foi detectado. Valores sublinhados indicam ocorrência de interação QTL x Ambiente significativa.

^d Efeitos aditivos e dominantes dos QTL.

^e Parental que contribuiu com o alelo para aumento do caráter para cada QTL.

^f Ambientes em que o QTL foi detectado: - indica que o QTL não apresentou interação significativa com o ambiente ou, quando apresentou, indica que o QTL não foi detectado em nenhum ambiente, apenas na análise conjunta, 1, 2, 3, 4, 5 e 6 indica que o QTL foi detectado nos ambientes ESA(04/05), ANH(04/05), ESA(05/06), ANH(05/06), ESA(06/07) e ANH(06/07), respectivamente.

^g QTL que foram mapeados em regiões congruentes nos testecrosses.

Apêndice V - QTL para altura da espiga (cm) nos TC1. Nome, localização, valor do teste de razão de verossimilhança, efeitos de substituição alélica, direção, porcentagem da variação explicada e ambientes em que foram mapeados

QTL ^a	Marca ^b	Posição ^b	LR ^c	α^d	Direção ^e	$R^2_{/en}$ %	R^2_{gen} %	Ambientes ^f
<i>Qaetl.1a</i>	bnlg2238	88,16	27,04	1,38	L-14-04B	1,72	2,11	-
<i>Qaetl.1b</i>	umc1601	126,96	39,78	3,94	L-14-04B	13,93	17,12	6
<i>Qaetl.1c</i>	umc1508	160,35	26,63	2,38	L-14-04B	5,07	6,24	-
<i>Qaetl.1d</i>	umc1035	177,61	29,42	2,64	L-14-04B	6,25	7,69	-
<i>Qaetl.2</i>	umc1633	206,71	29,33	3,94	L-14-04B	13,93	17,12	-
<i>Qaetl.3a</i>	umc1659	143,61	31,68	-2,61	L-08-05F	6,13	7,54	1,4,6
<i>Qaetl.3b</i>	umc1320	157,96	26,91	-2,96	L-08-05F	7,85	9,65	-
<i>Qaetl.4a</i>	umc1276	9,01	25,37	0,51	L-14-04B	0,23	0,28	4
<i>Qaetl.4b</i>	UMC1757	16,73	27,32	0,27	L-14-04B	0,06	0,08	3,4
<i>Qaetl.4c</i>	bnlg0252	73,34	27,10	2,08	L-14-04B	3,87	4,76	6
<i>Qaetl.5a</i>	phi0113	54,22	25,98	-1,28	L-08-05F	1,47	1,81	0
<i>Qaetl.5b</i>	UMC1853	166,57	34,66	-3,11	L-08-05F	8,65	10,64	-
<i>Qaetl.7</i>	bnlg0434	78,17	26,39	-0,72	L-08-05F	0,46	0,57	6
<i>Qaetl.9a</i>	umc1170	24,12	27,63	2,95	L-14-04B	7,82	9,62	-
<i>Qaetl.9b</i>	dupssr06	31,56	31,75	3,28	L-14-04B	9,64	11,85	-
<i>Qaetl.9c</i>	bnlg0430	67,53	26,79	0,90	L-14-04B	0,73	0,90	-

^a Nome do QTL indicando o caráter, a geração e o número do cromossomo em que o QTL foi detectado (QTL no mesmo cromossomo são diferenciados por letras do alfabeto).

^b Marca refere-se ao primeiro marcador a esquerda do QTL. Posição refere-se à distância, em cM, do primeiro marcador do cromossomo até o QTL.

^c Teste da razão de verossimilhança na posição em que o QTL foi detectado. Valores sublinhados indicam ocorrência de interação QTL x Ambiente significativa.

^d Efeito de substituição alélica dos QTL multiplicado por 10.

^e Parental que contribuiu com o alelo para aumento do caráter para cada QTL.

^f Ambientes em que o QTL foi detectado: - indica que o QTL não apresentou interação significativa com o ambiente ou, quando apresentou, indica que o QTL não foi detectado em nenhum ambiente, apenas na análise conjunta, 1, 2, 3, 4, 5 e 6 indica que o QTL foi detectado nos ambientes ESA(04/05), ANH(04/05), ESA(05/06), ANH(05/06), ESA(06/07) e ANH(06/07), respectivamente.

Apêndice W - QTL para altura da espiga (cm) nos TC2. Nome, localização, valor do teste de razão de verossimilhança, efeitos de substituição alélica, direção, porcentagem da variação explicada e ambientes em que foram mapeados

QTL ^a	Marca ^b	Posição ^b	LR ^c	α^d	Direção ^e	R_{fen}^2 %	R_{gen}^2 %	Ambientes ^f
<i>Qaet2.1a</i>	umc1035	185,61	<u>35,89</u>	2,34	L-14-04B	5,25	6,72	3,5
<i>Qaet2.1b</i>	UMC1278	206,09	<u>29,77</u>	-0,30	L-08-05F	0,09	0,11	1,2
<i>Qaet2.1c</i>	UMC1128	213,65	<u>32,08</u>	-0,40	L-08-05F	0,15	0,20	2
<i>Qaet2.1d</i>	umc1630	294,69	<u>26,21</u>	0,63	L-14-04B	0,38	0,49	-
<i>Qaet2.2a</i>	BNLG1036	121,41	<u>36,29</u>	-3,01	L-08-05F	8,67	11,09	2,5
<i>Qaet2.2b</i>	bnlg1396	128,17	<u>31,67</u>	-2,31	L-08-05F	5,10	6,52	2
<i>Qaet2.2c</i>	umc1633	206,71	<u>27,15</u>	1,31	L-14-04B	1,64	2,10	2
<i>Qaet2.3</i>	umc1659	147,61	<u>28,71</u>	-2,25	L-08-05F	4,82	6,16	2,3
<i>Qaet2.4</i>	umc1051	128,39	<u>32,62</u>	0,61	L-14-04B	0,36	0,46	2,3
<i>Qaet2.5a</i>	bnlg1902	96,41	<u>29,79</u>	-3,67	L-08-05F	12,89	16,47	-
<i>Qaet2.5b</i>	mmc0081	164,89	<u>25,34</u>	-2,32	L-08-05F	5,15	6,58	-
<i>Qaet2.5c</i>	UMC1853	168,57	<u>25,84</u>	-2,33	L-08-05F	5,17	6,61	-
<i>Qaet2.10a</i>	MMC0501	62,84	<u>27,10</u>	-1,44	L-08-05F	1,97	2,52	5
<i>Qaet2.10b</i>	UMC2069	75,46	<u>28,37</u>	-1,26	L-08-05F	1,51	1,93	5
<i>Qaet2.10c</i>	bnlg1526	104,83	<u>28,83</u>	-1,05	L-08-05F	1,05	1,34	3,6

^a Nome do QTL indicando o caráter, a geração e o número do cromossomo em que o QTL foi detectado (QTL no mesmo cromossomo são diferenciados por letras do alfabeto).

^b Marca refere-se ao primeiro marcador a esquerda do QTL. Posição refere-se à distância, em cM, do primeiro marcador do cromossomo até o QTL.

^c Teste da razão de verossimilhança na posição em que o QTL foi detectado. Valores sublinhados indicam ocorrência de interação QTL x Ambiente significativa.

^d Efeito de substituição alélica dos QTL multiplicado por 10.

^e Parental que contribuiu com o alelo para aumento do caráter para cada QTL.

^f Ambientes em que o QTL foi detectado: - indica que o QTL não apresentou interação significativa com o ambiente ou, quando apresentou, indica que o QTL não foi detectado em nenhum ambiente, apenas na análise conjunta, 1, 2, 3, 4, 5 e 6 indica que o QTL foi detectado nos ambientes ESA(04/05), ANH(04/05), ESA(05/06), ANH(05/06), ESA(06/07) e ANH(06/07), respectivamente.

Apêndice X - QTL para posição relativa da espiga nas linhagens S₁. Nome, localização, valor do teste de razão de verossimilhança, efeitos genéticos, direção, porcentagem da variação explicada, ação gênica, ambientes em que foram mapeados e coincidência com QTL mapeados nos testecrosses

QTL ^a	Marca ^b	Posição ^b	LR ^c	a ^d	d ^d	Direção ^e	R ² _{fen} %	R ² _{gen} %	GD	Ação	Ambientes ^f	Coincidência ^g
<i>QrL.1a</i>	umc1177	0,01	<u>32,11</u>	-0,53	0,01	L-08-05F	2,21	2,63	0,02	A	1,2,6	-
<i>QrL.1b</i>	umc1035	182,61	<u>29,55</u>	0,19	-0,07	L-14-04B	0,31	0,37	0,36	DP	1	<i>Qrt1.1</i>
<i>QrL.1c</i>	bnlg0615	200,71	<u>36,52</u>	-0,05	0,29	L-08-05F	0,35	0,42	5,40	SD	-	-
<i>QrL.1d</i>	UMC1278	203,09	<u>36,62</u>	-0,08	0,31	L-08-05F	0,43	0,51	3,88	SD	3	-
<i>QrL.1e</i>	UMC1128	215,65	<u>31,49</u>	-0,19	0,28	L-08-05F	0,58	0,69	1,49	SD	3	-
<i>QrL.1f</i>	phi0037	236,68	<u>36,45</u>	-0,02	0,22	L-08-05F	0,19	0,23	8,92	SD	-	-
<i>QrL.1g</i>	umc1431	262,55	<u>32,99</u>	0,17	-0,54	L-14-04B	1,35	1,60	3,13	SD	2,3	-
<i>QrL.2a</i>	umc1845	40,15	<u>26,61</u>	-0,29	0,23	L-08-05F	0,88	1,05	0,79	DP	2,3	-
<i>QrL.2b</i>	umc1633	202,71	<u>26,30</u>	0,51	0,22	L-14-04B	2,24	2,66	0,44	DP	-	<i>Qrt1.2c</i>
<i>QrL.4</i>	bnlg1337	175,80	<u>26,16</u>	-0,32	-0,13	L-08-05F	0,88	1,05	0,39	DP	5	-
<i>QrL.5a</i>	umc1587	40,61	<u>27,14</u>	0,09	0,01	L-14-04B	0,07	0,08	0,10	A	-	-
<i>QrL.5b</i>	phi0113	55,22	<u>42,32</u>	-0,19	-0,22	L-08-05F	0,47	0,56	1,14	DC	5,6	-
<i>QrL.5c</i>	umc1056	74,54	<u>38,47</u>	-0,87	0,55	L-08-05F	7,03	8,37	0,64	DP	-	-
<i>QrL.5d</i>	bnlg1902	94,41	<u>27,03</u>	-0,82	0,20	L-08-05F	5,41	6,43	0,24	DP	-	<i>Qrt2.5</i>
<i>QrL.5e</i>	umc1524	195,00	<u>27,55</u>	-0,09	-0,65	L-08-05F	1,73	2,06	7,62	SD	4,5	<i>Qrt1.5e</i>
<i>QrL.8a</i>	bnlg1176	103,69	<u>39,19</u>	1,03	-0,74	L-14-04B	10,49	12,48	0,71	DP	-	-
<i>QrL.8b</i>	bnlg1607	144,20	<u>28,26</u>	-0,10	-0,54	L-08-05F	1,22	1,45	5,51	SD	2	-
<i>QrL.9</i>	bnlg1401	36,17	<u>25,93</u>	0,79	-0,29	L-14-04B	5,19	6,17	0,36	DP	-	-
<i>QrL.10</i>	UMC2069	74,46	<u>29,46</u>	-0,24	0,01	L-08-05F	0,47	0,56	0,06	A	2	<i>Qrt2.10b</i>

^a Nome do QTL indicando o caráter, a geração e o número do cromossomo em que o QTL foi detectado (QTL no mesmo cromossomo são diferenciados por letras do alfabeto).

^b Marca refere-se ao primeiro marcador a esquerda do QTL. Posição refere-se à distância, em cM, do primeiro marcador do cromossomo até o QTL.

^c Teste da razão de verossimilhança na posição em que o QTL foi detectado. Valores sublinhados indicam ocorrência de interação QTL x Ambiente significativa.

^d Efeitos aditivos e dominantes dos QTL multiplicados por 100.

^e Parental que contribuiu com o alelo para aumento do caráter para cada QTL.

^f Ambientes em que o QTL foi detectado: - indica que o QTL não apresentou interação significativa com o ambiente ou, quando apresentou, indica que o QTL não foi detectado em nenhum ambiente, apenas na análise conjunta, 1, 2, 3, 4, 5 e 6 indica que o QTL foi detectado nos ambientes ESA(04/05), ANH(04/05), ESA(05/06), ANH(05/06), ESA(06/07) e ANH(06/07), respectivamente.

^g QTL que foram mapeados em regiões congruentes nos testecrosses.

QTL ^a	Marca ^b	Posição ^b	LR ^c	α^d	Direção ^e	R_{fen}^2 %	R_{gen}^2 %	Ambientes ^f
<i>Qpretl.1</i>	umc1035	173,61	40,88	0,94	L-14-04B	9,05	11,13	-
<i>Qpretl.2a</i>	dupssr21	104,70	40,33	0,00	L-08-05F	0,00003	0,00003	-
<i>Qpretl.2b</i>	BNLG1036	115,41	31,42	0,04	L-14-04B	0,02	0,02	-
<i>Qpretl.2c</i>	umc1633	206,71	36,52	1,31	L-14-04B	17,48	21,49	-
<i>Qpretl.2d</i>	umc1230	212,06	36,19	1,13	L-14-04B	12,94	15,90	-
<i>Qpretl.5a</i>	mmc0081	158,89	49,93	-1,04	L-08-05F	10,90	13,40	1,4,5
<i>Qpretl.5b</i>	UMC1853	170,57	48,20	-1,10	L-08-05F	12,29	15,11	1,4,5
<i>Qpretl.5c</i>	umc1019	182,21	33,64	-0,95	L-08-05F	9,17	11,27	1,4,5
<i>Qpretl.5d</i>	mmc0481	186,00	32,49	-0,79	L-08-05F	6,40	7,86	4,5
<i>Qpretl.5e</i>	umc1524	201,00	25,91	-0,86	L-08-05F	7,54	9,26	-
<i>Qpretl.5f</i>	UMC2216	204,01	34,49	-0,79	L-08-05F	6,37	7,83	4,5
<i>Qpretl.5g</i>	BNLG1306	227,82	25,61	-0,45	L-08-05F	2,09	2,57	5
<i>Qpretl.5h</i>	phi0128	258,44	25,55	-0,21	L-08-05F	0,46	0,57	3,4
<i>Qpretl.7</i>	dupssr13	164,94	29,16	-0,13	L-08-05F	0,17	0,21	3
<i>Qpretl.9a</i>	umc1893	49,21	28,87	1,05	L-14-04B	11,28	13,87	-
<i>Qpretl.9b</i>	bnlg0430	65,53	29,73	0,88	L-14-04B	7,81	9,60	-
<i>Qpretl.10a</i>	UMC2250	116,22	28,68	-0,54	L-08-05F	2,97	3,65	1
<i>Qpretl.10b</i>	umc1506	142,89	29,34	-1,03	L-08-05F	10,78	13,25	-
<i>Qpretl.10c</i>	umc1569	149,89	27,49	-0,94	L-08-05F	8,93	10,98	-

^a Nome do QTL indicando o caráter, a geração e o número do cromossomo em que o QTL foi detectado (QTL no mesmo cromossomo são diferenciados por letras do alfabeto).

^b Marca refere-se ao primeiro marcador a esquerda do QTL. Posição refere-se à distância, em cM, do primeiro marcador do cromossomo até o QTL.

^c Teste da razão de verossimilhança na posição em que o QTL foi detectado. Valores sublinhados indicam ocorrência de interação QTL x Ambiente significativa.

^d Efeito de substituição alélica dos QTL multiplicado por 10.

^e Parental que contribuiu com o alelo para aumento do caráter para cada QTL.

^f Ambientes em que o QTL foi detectado: - indica que o QTL não apresentou interação significativa com o ambiente ou, quando apresentado, indica que o QTL não foi detectado em nenhum ambiente, apenas na análise conjunta, 1, 2, 3, 4, 5 e 6 indica que o QTL foi detectado nos ambientes ESA(04/05), ANH(04/05), ESA(05/06), ANH(05/06), ESA(06/07) e ANH(06/07), respectivamente.

Apêndice Z - QTL para posição relativa da espiga nos TC2. Nome, localização, valor do teste de razão de verossimilhança, efeitos de substituição alélica, direção, porcentagem da variação explicada e ambientes em que foram mapeados

QTL ^a	Marca ^b	Posição ^b	LR ^c	α^d	Direção ^e	R^2_{fen} %	R^2_{gen} %	Ambientes ^f
<i>Qpret2.1a</i>	umc1601	129,96	<u>27,35</u>	0,83	L-14-04B	6,80	8,45	2
<i>Qpret2.1b</i>	bnlg2057	159,75	26,64	0,17	L-14-04B	0,27	0,34	-
<i>Qpret2.2a</i>	bnlg0125	32,99	30,56	-0,78	L-08-05F	6,04	7,51	-
<i>Qpret2.2b</i>	BNLG1036	113,41	<u>39,14</u>	-0,69	L-08-05F	4,73	5,88	1,2,4,5
<i>Qpret2.2c</i>	bnlg1396	128,17	<u>36,61</u>	-0,53	L-08-05F	2,78	3,46	1,3,5
<i>Qpret2.4</i>	umc1051	128,39	<u>28,81</u>	-0,26	L-08-05F	0,67	0,83	2,3
<i>Qpret2.5</i>	bnlg1902	97,41	27,33	-1,25	L-08-05F	15,41	19,15	-
<i>Qpret2.6</i>	umc1614	121,20	<u>27,42</u>	-0,22	L-08-05F	0,48	0,59	0
<i>Qpret2.10a</i>	MMC0501	58,84	<u>28,31</u>	-0,56	L-08-05F	3,05	3,79	5
<i>Qpret2.10b</i>	UMC2069	72,46	<u>25,90</u>	-0,23	L-08-05F	0,51	0,64	5

^a Nome do QTL indicando o caráter, a geração e o número do cromossomo em que o QTL foi detectado (QTL no mesmo cromossomo são diferenciados por letras do alfabeto).

^b Marca refere-se ao primeiro marcador a esquerda do QTL. Posição refere-se à distância, em cM, do primeiro marcador do cromossomo até o QTL.

^c Teste da razão de verossimilhança na posição em que o QTL foi detectado. Valores sublinhados indicam ocorrência de interação QTL x Ambiente significativa.

^d Efeito de substituição alélica dos QTL multiplicado por 10.

^e Parental que contribuiu com o alelo para aumento do caráter para cada QTL.

^f Ambientes em que o QTL foi detectado: - indica que o QTL não apresentou interação significativa com o ambiente ou, quando apresentou, indica que o QTL não foi detectado em nenhum ambiente, apenas na análise conjunta, 1, 2, 3, 4, 5 e 6 indica que o QTL foi detectado nos ambientes ESA(04/05), ANH(04/05), ESA(05/06), ANH(05/06), ESA(06/07) e ANH(06/07), respectivamente.

Apêndice AA - QTL para comprimento da espiga (cm) nas linhagens S₁. Nome, localização, valor do teste de razão de verossimilhança, efeitos genéticos, direção, porcentagem da variação explicada, ação gênica, ambientes em que foram mapeados e coincidência com QTL de produção mapeados nos testecrosses

QTL ^a	Marca ^b	Posição ^b	LR ^c	a ^d	d ^d	Direção ^e	R ² _{fen} %	R ² _{gen} %	GD	Ação	Ambientes ^f	Coincidência ^g
<i>QceL.1</i>	umc1431	250,55	<u>30,26</u>	-0,26	2,27	L-08-05F	1,83	2,16	8,77	SD	1,4,5	-
<i>QceL.2</i>	umc1265	18,39	<u>46,84</u>	-2,03	-0,05	L-08-05F	2,86	3,38	0,03	A	3,6	-
<i>QceL.3</i>	mmc0022	90,35	<u>27,67</u>	1,51	2,34	L-14-04B	3,49	4,12	1,55	SD	1,5	<i>Qpgt.3c; Qpgt.2.3a</i>
<i>QceL.4a</i>	UMC2082	30,41	<u>44,22</u>	-0,70	-2,75	L-08-05F	2,96	3,50	3,92	SD	3,5	-
<i>QceL.4b</i>	umc1652	50,88	29,05	-0,68	-2,67	L-08-05F	2,80	3,31	3,93	SD	-	-
<i>QceL.4c</i>	umc1088	56,54	26,04	-1,16	-2,73	L-08-05F	3,52	4,17	2,35	SD	-	-
<i>QceL.5a</i>	bnlg1902	98,41	<u>38,24</u>	-1,23	-0,18	L-08-05F	1,06	1,25	0,14	A	-	<i>Qpgt.1.5b</i>
<i>QceL.5b</i>	BNLG1892	108,56	<u>44,81</u>	-2,39	-0,30	L-08-05F	4,00	4,73	0,12	A	1,3,5	-
<i>QceL.5c</i>	dupssr10	120,89	<u>45,03</u>	-2,20	0,23	L-08-05F	3,39	4,01	0,11	A	1,2,5,6	-
<i>QceL.5d</i>	mmc0081	145,89	<u>40,37</u>	-1,58	0,70	L-08-05F	1,90	2,25	0,44	DP	1,2,6	-
<i>QceL.7a</i>	umc1409	69,49	<u>26,76</u>	0,49	-2,61	L-14-04B	2,53	3,00	5,31	SD	5,6	-
<i>QceL.7b</i>	UMC1275	87,26	<u>35,62</u>	0,69	-1,30	L-14-04B	0,92	1,09	1,88	SD	1,5	-
<i>QceL.8</i>	umc1034	57,67	<u>28,17</u>	-1,66	1,78	L-08-05F	3,00	3,55	1,07	DC	3,4,5,6	<i>Qpgt.2.8b</i>
<i>QceL.9a</i>	umc1107	75,67	<u>32,20</u>	-1,82	1,36	L-08-05F	2,95	3,48	0,75	DP	1,2,5,6	-
<i>QceL.9b</i>	bnlg1012	89,12	<u>33,50</u>	-2,17	2,89	L-08-05F	6,18	7,30	1,33	SD	1,2,5,6	-
<i>QceL.10</i>	umc1038	149,74	<u>34,33</u>	-3,81	-1,10	L-08-05F	10,51	12,43	0,29	DP	-	-

^a Nome do QTL indicando o caráter, a geração e o número do cromossomo em que o QTL foi detectado (QTL no mesmo cromossomo são diferenciados por letras do alfabeto).

^b Marca refere-se ao primeiro marcador a esquerda do QTL. Posição refere-se à distância, em cM, do primeiro marcador do cromossomo até o QTL.

^c Teste da razão de verossimilhança na posição em que o QTL foi detectado. Valores sublinhados indicam ocorrência de interação QTL x Ambiente significativa.

^d Efeitos aditivos e dominantes dos QTL multiplicado por 10.

^e Parental que contribuiu com o alelo para aumento do caráter para cada QTL.

^f Ambientes em que o QTL foi detectado: - indica que o QTL não apresentou interação significativa com o ambiente ou, quando apresentou, indica que o QTL não foi detectado em nenhum ambiente, apenas na análise conjunta, 1, 2, 3, 4, 5 e 6 indica que o QTL foi detectado nos ambientes ESA(04/05), ANH(04/05), ESA(05/06), ANH(05/06), ESA(06/07) e ANH(06/07), respectivamente.

^g QTL para produção de grãos que foram mapeados em regiões congruentes nos testecrosses.

Apêndice AB - QTL para diâmetro da espiga (cm) nas linhagens S₁. Nome, localização, valor do teste de razão de verossimilhança, efeitos genéticos, direção, porcentagem da variação explicada, ação gênica, ambientes em que foram mapeados e coincidência com QTL de produção mapeados nos testecrosses

QTL ^a	Marca ^b	Posição ^b	LR ^c	a ^d	d ^d	Direção ^e	R ² _{fen} %	R ² _{gen} %	GD	Ação	Ambientes ^f	Coincidência ^g
<i>QdeL.1</i>	umc1106	15,33	<u>25,98</u>	-12,91	22,71	L-08-05F	0,47	0,52	1,76	SD	5,6	-
<i>QdeL.2</i>	UMC2023	151,96	<u>35,16</u>	-27,79	-40,11	L-08-05F	1,74	1,92	1,44	SD	1,2,4	-
<i>QdeL.3</i>	umc1659	145,61	<u>34,45</u>	7,56	-19,09	L-14-04B	0,26	0,29	2,53	SD	1	-
<i>QdeL.5a</i>	mmc0481	186,00	<u>32,73</u>	-11,68	-54,36	L-08-05F	1,78	1,97	4,65	SD	3,4,5,6	-
<i>QdeL.5b</i>	bnlg278	191,01	<u>32,32</u>	-13,57	-51,11	L-08-05F	1,64	1,82	3,77	SD	3,4,5,6	<u>Qpgt1.5c</u>
<i>QdeL.5c</i>	umc1524	197,00	<u>29,24</u>	-13,41	-37,12	L-08-05F	0,96	1,06	2,77	SD	4,6	-
<i>QdeL.5d</i>	BNLG1711	264,66	<u>54,90</u>	86,83	-40,79	L-14-04B	9,24	10,20	0,47	DP	-	-
<i>QdeL.6</i>	nc0013	154,14	<u>27,08</u>	-47,93	-11,10	L-08-05F	2,60	2,88	0,23	DP	-	-
<i>QdeL.7a</i>	UMC2160	30,23	<u>28,23</u>	43,01	15,34	L-14-04B	2,17	2,40	0,36	DP	2,3,5	-
<i>QdeL.7b</i>	umc1632	40,77	<u>25,79</u>	51,68	13,45	L-14-04B	3,05	3,37	0,26	DP	-	-
<i>QdeL.7c</i>	umc1409	62,49	<u>32,07</u>	60,44	26,99	L-14-04B	4,43	4,90	0,45	DP	2,3,5,6	-
<i>QdeL.7d</i>	dupssr13	156,94	<u>25,88</u>	49,95	-65,16	L-14-04B	5,10	5,63	1,30	SD	-	-
<i>QdeL.8a</i>	BNLG1352	42,17	<u>28,91</u>	-18,89	98,02	L-08-05F	5,70	6,29	5,19	SD	-	<u>Qpgt1.8c; Qpgt2.8a</u>
<i>QdeL.8b</i>	umc1034	44,67	<u>29,00</u>	-18,08	105,54	L-08-05F	6,51	7,19	5,84	SD	-	<u>Qpgt2.8b</u>
<i>QdeL.9</i>	bnlg0430	56,53	<u>33,69</u>	-77,06	22,21	L-08-05F	6,83	7,54	0,29	DP	-	<u>Qpgt2.9b</u>
<i>QdeL.10</i>	umc1038	149,74	<u>48,40</u>	-101,62	29,12	L-08-05F	11,87	13,11	0,29	DP	-	-

^a Nome do QTL indicando o caráter, a geração e o número do cromossomo em que o QTL foi detectado (QTL no mesmo cromossomo são diferenciados por letras do alfabeto).

^b Marca refere-se ao primeiro marcador a esquerda do QTL. Posição refere-se à distância, em cM, do primeiro marcador do cromossomo até o QTL.

^c Teste da razão de verossimilhança na posição em que o QTL foi detectado. Valores sublinhados indicam ocorrência de interação QTL x Ambiente significativa.

^d Efeitos aditivos e dominantes dos QTL multiplicado por 1000.

^e Parental que contribuiu com o alelo para aumento do caráter para cada QTL.

^f Ambientes em que o QTL foi detectado: - indica que o QTL não apresentou interação significativa com o ambiente ou, quando apresentado, indica que o QTL não foi detectado em nenhum ambiente, apenas na análise conjunta, 1, 2, 3, 4, 5 e 6 indica que o QTL foi detectado nos ambientes ESA(04/05), ANH(04/05), ESA(05/06), ANH(05/06), ESA(06/07) e ANH(06/07), respectivamente.

^g QTL para produção de grãos que foram mapeados em regiões congruentes nos testecrosses.

Apêndice AC - QTL para número de fileiras de grãos nas linhagens S₁. Nome, localização, valor do teste de razão de verossimilhança, efeitos genéticos, direção, porcentagem da variação explicada, ação gênica, ambientes em que foram mapeados e coincidência com QTL de produção mapeados nos testecrosses

QTL ^a	Marca ^b	Posição ^b	LR ^c	a ^d	d ^d	Direção ^e	R ² _{fen} %	R ² _{gen} %	GD	Ação	Ambientes ^f	Coincidência ^g
<i>Qnfl.1a</i>	umc1508	163,35	33,44	2,79	27,91	L-14-04B	4,34	4,67	0,52	DP	-	-
<i>Qnfl.1b</i>	umc1035	173,61	37,71	2,86	28,57	L-14-04B	4,49	4,83	0,49	DP	-	-
<i>Qnfl.2a</i>	bnlg0125	36,99	38,33	3,33	33,32	L-14-04B	6,30	6,78	0,56	DP	-	-
<i>Qnfl.2b</i>	bnlg2248	45,92	34,01	2,96	29,61	L-14-04B	5,81	6,25	0,84	DC	-	-
<i>Qnfl.2c</i>	dupssr27	49,45	33,42	3,06	30,60	L-14-04B	6,09	6,55	0,81	DC	-	-
<i>Qnfl.2d</i>	UMC2023	156,96	25,41	0,40	4,01	L-14-04B	3,14	3,38	8,82	SD	-	-
<i>Qnfl.5a</i>	UMC2292	6,08	25,88	-0,85	-8,52	L-08-05F	0,52	0,56	0,97	DC	4	<i>Qpgt1.5a; Qpgt2.5</i>
<i>Qnfl.5b</i>	bnlg278	189,01	27,94	-1,31	-13,14	L-08-05F	1,78	1,92	1,49	SD	-	<i>Qpgt1.5c</i>
<i>Qnfl.5c</i>	BNLG1711	264,66	30,28	3,14	31,45	L-14-04B	4,91	5,28	0,16	A	-	-
<i>Qnfl.8</i>	bnlg1176	109,69	43,90	3,74	37,42	L-14-04B	7,15	7,70	0,29	DP	1,2,3,4,5,6	-
<i>Qnfl.9</i>	UMC2393	10,01	31,36	2,72	27,20	L-14-04B	3,90	4,20	0,39	DP	1,3,4,6	-
<i>Qnfl.10</i>	UMC2069	80,46	35,86	4,14	41,37	L-14-04B	9,25	9,95	0,45	DP	-	-

^a Nome do QTL indicando o caráter, a geração e o número do cromossomo em que o QTL foi detectado (QTL no mesmo cromossomo são diferenciados por letras do alfabeto).

^b Marca refere-se ao primeiro marcador a esquerda do QTL. Posição refere-se à distância, em cM, do primeiro marcador do cromossomo até o QTL.

^c Teste da razão de verossimilhança na posição em que o QTL foi detectado. Valores sublinhados indicam ocorrência de interação QTL x Ambiente significativa.

^d Efeitos aditivos e dominantes dos QTL multiplicados por 10.

^e Parental que contribuiu com o alelo para aumento do caráter para cada QTL.

^f Ambientes em que o QTL foi detectado: - indica que o QTL não apresentou interação significativa com o ambiente ou, quando apresentado, indica que o QTL não foi detectado em nenhum ambiente, apenas na análise conjunta. 1, 2, 3, 4, 5 e 6 indica que o QTL foi detectado nos ambientes ESA(04/05), ANH(04/05), ESA(05/06), ANH(05/06), ESA(06/07) e ANH(06/07), respectivamente.

^g QTL para produção de grãos que foram mapeados em regiões congruentes nos testecrosses.

Apêndice AD - QTL para número de grãos por fileira nas linhagens S₁. Nome, localização, valor do teste de razão de verossimilhança, efeitos genéticos, direção, porcentagem da variação explicada, ação gênica, ambientes em que foram mapeados e coincidência com QTL de produção mapeados nos testecrosses

QTL ^a	Marca ^b	Posição ^b	LR ^c	a ^d	d ^d	Direção ^e	R ² _{fen} %	R ² _{gen} %	GD	Ação	Ambientes ^f	Coincidência ^g
<i>Qng/L.2</i>	umc1464	194,41	<u>30,19</u>	0,33	-0,14	L-14-04B	0,83	0,96	0,42	DP	1,2	-
<i>Qng/L.3a</i>	mmc0022	69,35	33,10	0,72	-0,53	L-14-04B	4,72	5,46	0,73	DP	-	<i>Qpgt1.3c;Qpgt2.3a</i>
<i>Qng/L.3b</i>	bnlg1754	184,87	26,66	0,21	0,79	L-14-04B	2,54	2,93	3,77	SD	-	<i>Qpgt2.3b</i>
<i>Qng/L.5a</i>	BNLG1892	102,56	<u>30,92</u>	-0,58	-0,31	L-08-05F	2,79	3,23	0,53	DP	3,4,6	-
<i>Qng/L.5b</i>	dupssr10	126,89	26,32	-0,52	-0,45	L-08-05F	2,73	3,15	0,87	DC	-	-
<i>Qng/L.7</i>	umc1409	53,49	26,61	0,64	-0,43	L-14-04B	3,67	4,24	0,67	DP	-	-
<i>Qng/L.8</i>	bnlg1176	100,69	<u>28,56</u>	0,33	-0,24	L-14-04B	1,01	1,17	0,73	DP	3	-
<i>Qng/L.9a</i>	bnlg0430	69,53	<u>32,83</u>	-0,65	0,55	L-08-05F	4,10	4,74	0,85	DC	1,2,3,5,6	<i>Qpgt2.9b</i>
<i>Qng/L.9b</i>	umc1107	74,67	<u>34,10</u>	-0,62	0,42	L-08-05F	3,39	3,92	0,69	DP	1,2,3,5,6	-

^a Nome do QTL indicando o caráter, a geração e o número do cromossomo em que o QTL foi detectado (QTL no mesmo cromossomo são diferenciados por letras do alfabeto).

^b Marca refere-se ao primeiro marcador a esquerda do QTL. Posição refere-se à distância, em cM, do primeiro marcador do cromossomo até o QTL.

^c Teste da razão de verossimilhança na posição em que o QTL foi detectado. Valores sublinhados indicam ocorrência de interação QTL x Ambiente significativa.

^d Efeitos aditivos e dominantes dos QTL.

^e Parental que contribuiu com o alelo para aumento do caráter para cada QTL.

^f Ambientes em que o QTL foi detectado: - indica que o QTL não apresentou interação significativa com o ambiente ou, quando apresentou, indica que o QTL não foi detectado em nenhum ambiente, apenas na análise conjunta, 1, 2, 3, 4, 5 e 6 indica que o QTL foi detectado nos ambientes ESA(04/05), ANH(04/05), ESA(05/06), ANH(05/06), ESA(06/07) e ANH(06/07), respectivamente.

^g QTL para produção de grãos que foram mapeados em regiões congruentes nos testecrosses.

Apêndice AE - QTL para profundidade de grãos (cm) nas linhagens S₁. Nome, localização, valor do teste de razão de verossimilhança, efeitos genéticos, direção, porcentagem da variação explicada, ação gênica, ambientes em que foram mapeados e coincidência com QTL de produção mapeados nos testecrosses

QTL ^a	Marca ^b	Posição ^b	LR ^c	a ^d	d ^d	Direção ^e	R ² % ^{fen}	R ² % ^{gen}	GD	Ação	Ambientes ^f	Coincidência ^g
<i>QpfgL.1</i>	umc1106	15,33	<u>34,62</u>	-10,05	15,54	L-08-05F	2,75	3,18	1,55	SD	4,5,6	-
<i>QpfgL.2</i>	umc1560	189,52	<u>28,71</u>	-4,04	-5,19	L-08-05F	0,37	0,43	1,28	SD	4	-
<i>QpfgL.3a</i>	bnlg1452	48,08	<u>32,69</u>	10,53	-2,08	L-14-04B	1,40	1,62	0,20	A	1,3	<i>Qpgt1.3b</i>
<i>QpfgL.3b</i>	mnc0022	104,35	<u>27,29</u>	-8,80	-21,33	L-08-05F	3,78	4,37	2,42	SD	-	<i>Qpgt2.3a</i>
<i>QpfgL.4</i>	bnlg0589	164,23	<u>30,39</u>	10,18	-1,56	L-14-04B	1,30	1,50	0,15	A	4,5	-
<i>QpfgL.5</i>	phi0128	264,44	<u>32,21</u>	16,60	3,66	L-14-04B	3,50	4,04	0,22	DP	-	-
<i>QpfgL.6</i>	nc0013	159,14	<u>25,44</u>	-9,15	-1,67	L-08-05F	1,06	1,22	0,18	A	3	-
<i>QpfgL.7a</i>	UMC2160	29,23	<u>29,92</u>	14,99	7,77	L-14-04B	3,16	3,65	0,52	DP	-	-
<i>QpfgL.7b</i>	umc1632	38,77	<u>25,58</u>	15,31	11,59	L-14-04B	3,74	4,32	0,76	DP	-	-
<i>QpfgL.8</i>	ph420701	12,88	<u>28,41</u>	16,79	-3,82	L-14-04B	3,59	4,14	0,23	DP	-	-
<i>QpfgL.9</i>	bnlg0430	67,53	<u>31,93</u>	-23,51	13,63	L-08-05F	8,01	9,25	0,58	DP	-	<i>Qpgt2.9b</i>
<i>QpfgL.10</i>	umc1196	149,70	<u>46,40</u>	-29,72	-2,73	L-08-05F	11,00	12,70	0,09	A	1,2,3,4,5,6	-

^a Nome do QTL indicando o caráter, a geração e o número do cromossomo em que o QTL foi detectado (QTL no mesmo cromossomo são diferenciados por letras do alfabeto).

^b Marca refere-se ao primeiro marcador a esquerda do QTL. Posição refere-se à distância, em cM, do primeiro marcador do cromossomo até o QTL.

^c Teste da razão de verossimilhança na posição em que o QTL foi detectado. Valores sublinhados indicam ocorrência de interação QTL x Ambiente significativa.

^d Efeitos aditivos e dominantes dos QTL multiplicado por 1000.

^e Parental que contribuiu com o alelo para aumento do caráter para cada QTL.

^f Ambientes em que o QTL foi detectado: - indica que o QTL não apresentou interação significativa com o ambiente ou, quando apresentado, indica que o QTL não foi detectado em nenhum ambiente, apenas na análise conjunta. 1, 2, 3, 4, 5 e 6 indica que o QTL foi detectado nos ambientes ESA(04/05), ANH(04/05), ESA(05/06), ANH(05/06), ESA(06/07) e ANH(06/07), respectivamente.

^g QTL para produção de grãos que foram mapeados em regiões congruentes nos testecrosses.

Apêndice AF - QTL para peso médio de grãos (gramas) nas linhagens Si. Nome, localização, valor do teste de razão de verossimilhança, efeitos genéticos, direção, porcentagem da variação explicada, ação gênica, ambientes em que foram mapeados e coincidência com QTL de produção mapeados nos testecrosses

QTL ^a	Marca ^b	Posição ^b	LR ^c	a ^d	d ^d	Direção ^e	R ² _{fen} %	R ² _{gen} %	GD	Ação	Ambientes ^f	Coincidência ^g
<i>QpmgL.1a</i>	umc1177	2,01	<u>27,50</u>	-0,28	-0,21	L-08-05F	0,03	0,04	0,76	DP	5	-
<i>QpmgL.1b</i>	umc1106	22,33	25,73	-2,10	-0,81	L-08-05F	1,54	1,80	0,39	DP	-	-
<i>QpmgL.1c</i>	bnlg1627	49,49	26,82	-2,25	2,48	L-08-05F	2,67	3,10	1,10	DC	-	<i>Qpgt1.1a</i>
<i>QpmgL.1d</i>	umc1073	59,26	<u>29,05</u>	-2,07	2,36	L-08-05F	2,32	2,70	1,14	DC	1,3,6	<i>Qpgt1.1b</i>
<i>QpmgL.1e</i>	umc1508	160,35	27,63	2,62	-2,38	L-14-04B	3,18	3,71	0,91	DC	-	-
<i>QpmgL.1f</i>	umc1035	186,61	25,75	-2,97	0,94	L-08-05F	3,03	3,53	0,32	DP	-	-
<i>QpmgL.1g</i>	bnlg0615	200,71	33,88	-3,56	0,52	L-08-05F	4,20	4,88	0,15	A	-	-
<i>QpmgL.1h</i>	UMC1278	203,09	33,89	-3,50	0,47	L-08-05F	4,05	4,71	0,13	A	-	-
<i>QpmgL.1i</i>	UMC1128	216,65	29,39	-2,82	0,42	L-08-05F	2,64	3,07	0,15	A	-	-
<i>QpmgL.1j</i>	umc1431	272,55	27,77	-3,36	0,55	L-08-05F	3,74	4,36	0,16	A	-	-
<i>QpmgL.1k</i>	phi0120	282,19	27,62	-2,93	0,61	L-08-05F	2,87	3,34	0,21	DP	-	-
<i>QpmgL.2a</i>	UMC2023	151,96	<u>29,74</u>	-2,10	2,44	L-08-05F	2,41	2,81	1,17	DC	2,4	-
<i>QpmgL.2b</i>	UMC2129	164,74	<u>33,32</u>	-2,04	0,61	L-08-05F	1,43	1,66	0,30	DP	2,4	<i>Qpgt1.2</i>
<i>QpmgL.3a</i>	umc1320	160,96	31,78	4,03	-3,43	L-14-04B	7,25	8,44	0,85	DC	-	-
<i>QpmgL.3b</i>	bnlg1754	182,87	28,39	3,47	-1,22	L-14-04B	4,18	4,87	0,35	DP	-	<i>Qpgt2.3b</i>
<i>QpmgL.7</i>	umc1426	13,01	26,60	-3,43	2,44	L-08-05F	4,82	5,61	0,71	DP	-	-
<i>QpmgL.8a</i>	ph420701	12,88	<u>28,38</u>	1,52	-0,28	L-14-04B	0,77	0,89	0,19	A	2	<i>Qpgt1.8a</i>
<i>QpmgL.8b</i>	UMC2378	112,62	<u>30,92</u>	-1,93	0,37	L-08-05F	1,24	1,45	0,19	A	3,5	-

^a Nome do QTL indicando o caráter, a geração e o número do cromossomo em que o QTL foi detectado (QTL no mesmo cromossomo são diferenciados por letras do alfabeto).

^b Marca refere-se ao primeiro marcador a esquerda do QTL. Posição refere-se à distância, em cM, do primeiro marcador do cromossomo até o QTL.

^c Teste da razão de verossimilhança na posição em que o QTL foi detectado. Valores sublinhados indicam ocorrência de interação QTL x Ambiente significativa.

^d Efeitos aditivos e dominantes dos QTL.

^e Parental que contribuiu com o alelo para aumento do caráter para cada QTL.

^f Ambientes em que o QTL foi detectado: - indica que o QTL não apresentou interação significativa com o ambiente ou, quando apresentado, indica que o QTL não foi detectado em nenhum ambiente, apenas na análise conjunta, 1, 2, 3, 4, 5 e 6 indica que o QTL foi detectado nos ambientes ESA(04/05), ANH(04/05), ESA(05/06), ANH(05/06), ESA(06/07) e ANH(06/07), respectivamente.

^g QTL para produção de grãos que foram mapeados em regiões congruentes nos testecrosses.

Apêndice AG - QTL para prolificidade (espigas planta¹) nas linhagens S₁. Nome, localização, valor do teste de razão de verossimilhança, efeitos genéticos, direção, porcentagem da variação explicada, ação gênica, ambientes em que foram mapeados e coincidência com QTL mapeados nos testecrosses

QTL ^a	Marca ^b	Posição ^b	LR ^c	a ^d	d ^d	Direção ^e	R ² % ^f	R ² % ^g	GD	Ação	Ambientes ^f	Coincidência ^g
<u>QproLL.1a</u>	umc1021	68,59	29,32	-2,15	3,62	L-08-05F	2,95	3,56	1,69	SD	-	-
<u>QproLL.1b</u>	umc1035	188,61	26,65	-1,85	4,54	L-08-05F	3,63	4,38	2,45	SD	-	-
<u>QproLL.1c</u>	bnlg0615	196,71	28,27	-2,62	4,73	L-08-05F	4,77	5,76	1,81	SD	-	-
<u>QproLL.1d</u>	UMC1278	207,09	33,37	-2,98	4,35	L-08-05F	4,84	5,84	1,46	SD	-	-
<u>QproLL.1e</u>	UMC1128	211,65	31,99	-2,78	3,94	L-08-05F	4,08	4,93	1,42	SD	-	-
<u>QproLL.1f</u>	phi0037	230,68	30,33	-1,44	2,09	L-08-05F	1,12	1,36	1,45	SD	-	-
<u>QproLL.2</u>	bnlg1396	127,17	40,51	-0,54	2,69	L-08-05F	1,03	1,25	4,99	SD	5	-
<u>QproLL.3a</u>	bnlg1144	43,96	34,26	0,92	0,25	L-14-04B	0,23	0,28	0,28	DP	1	Qpgt1.3a
<u>QproLL.3b</u>	bnlg602	56,12	36,95	0,98	-1,13	L-14-04B	0,42	0,51	1,15	DC	1	-
<u>QproLL.3c</u>	mmc0022	82,35	25,97	1,72	-4,67	L-14-04B	3,66	4,42	2,71	SD	1,5	Qpgt1.3c; Qpgt2.3a
<u>QproLL.3d</u>	bnlg1754	171,87	26,40	-1,20	-0,28	L-08-05F	0,39	0,48	0,23	DP	2	Qpgt2.3b
<u>QproLL.4a</u>	bnlg0252	57,34	28,96	-1,41	1,04	L-08-05F	0,67	0,81	0,74	DP	2,5	-
<u>QproLL.4b</u>	umc1086	126,52	30,60	2,90	1,18	L-14-04B	2,41	2,91	0,41	DP	1,3	Qpgt2.4c
<u>QproLL.5a</u>	umc1056	81,54	31,92	-1,92	1,70	L-08-05F	1,35	1,63	0,89	DC	1,5	-
<u>QproLL.5b</u>	bnlg1902	93,41	26,96	-0,81	-0,12	L-08-05F	0,18	0,21	0,15	A	5	Qpgt1.5b
<u>QproLL.5c</u>	umc1680	194,02	30,62	0,86	-3,11	L-14-04B	1,47	1,78	3,64	SD	5,6	-
<u>QproLL.5d</u>	umc1524	196,00	28,01	0,95	-3,11	L-14-04B	1,52	1,83	3,27	SD	5,6	-
<u>QproLL.5e</u>	UMC2216	214,01	25,75	0,36	-1,89	L-14-04B	0,50	0,61	5,28	SD	5	Qpgt1.5d
<u>QproLL.6</u>	umc1887	89,09	32,84	3,40	4,35	L-14-04B	5,54	6,69	1,28	SD	-	-
<u>QproLL.7</u>	umc1426	17,01	26,70	1,87	0,33	L-14-04B	0,94	1,14	0,17	A	2,3	-
<u>QproLL.8a</u>	ph420701	23,88	37,64	-1,91	2,60	L-08-05F	1,85	2,24	1,36	SD	1,3	Qpgt1.8a
<u>QproLL.8b</u>	phi0119	28,58	38,21	-2,35	2,64	L-08-05F	2,38	2,88	1,12	DC	1,3	Qpgt1.8b
<u>QproLL.9</u>	bnlg0430	61,53	26,58	-1,18	3,26	L-08-05F	1,77	2,14	2,77	SD	5	Qpgt2.9b

^a Nome do QTL indicando o caráter, a geração e o número do cromossomo em que o QTL foi detectado (QTL no mesmo cromossomo são diferenciados por letras do alfabeto).

^b Marca refere-se ao primeiro marcador a esquerda do QTL. Posição refere-se à distância, em cM, do primeiro marcador do cromossomo até o QTL.

^c Teste da razão de verossimilhança na posição em que o QTL foi detectado. Valores sublinhados indicam ocorrência de interação QTL x Ambiente significativa.

^d Efeitos aditivos e dominantes dos QTL multiplicados por 100.

^e Parental que contribuiu com o alelo para aumento do caráter para cada QTL.

^f Ambientes em que o QTL foi detectado: - indica que o QTL não apresentou interação significativa com o ambiente ou, quando apresentou, indica que o QTL não foi detectado em nenhum ambiente, apenas na análise conjunta, 1, 2, 3, 4, 5 e 6 indica que o QTL foi detectado nos ambientes ESA(04/05), ANH(04/05), ESA(05/06), ANH(05/06), ESA(06/07) e ANH(06/07), respectivamente.

^g QTL para produção de grãos que foram mapeados em regiões congruentes nos testecrosses.

