**ÍNDICE PARA SELEÇÃO DE LINHAGENS ENDOGÂMICAS
DE MILHO (*Zea mays* L.) VISANDO POPULAÇÕES
SINTÉTICAS BASEADO EM MARCADORES GENÉTICOS**

GLAUCE CRISTINA RICARDO RUMIN

Engenheira Agrônoma

Orientador: Prof. Dr. **ROLAND VENCOVSKY**

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

PIRACICABA
Estado de São Paulo – Brasil
Março - 2000

ERRATA

GLAUCE CRISTINA RICARDO RUMIN. Índice para a seleção de linhagens endogâmicas de milho (*Zea mays* L.) visando populações sintéticas baseado em marcadores genéticos

p.	item	linha	onde se lê	leia-se
20	2.3.1	décima primeira	... populações segregantes.	... populações segregantes quaisquer.
22	2.3.1	vigésima	Jansen et al. (1994)	Jansen et al. (1995)
29	3.2.1	décima	das	da
30	3.2.1.2	vigésima	indivíduos homozigóticos	locos homozigóticos
31	3.2.1.2	primeira	indivíduos homozigóticos	locos homozigóticos
31	3.2.1.2	quarta e quinta	... A_1 e A_2 , e adotando a convenção A_1 para o alelo associados a genes que aumentam o valor da característica, o desvio genotípico...	... A_1 e A_2 , o desvio genotípico...
31	3.2.1.2	décima oitava	6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14 e 15	5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13 e 14
32	3.2.1.2	segunda	tabela 16	tabela 15
33	3.2.1.3	quarta	... respectivamente. O segundo ...	... respectivamente. Essa seleção inicial por cromossomo foi necessária devido à presença de um número maior de variáveis x que y, ou seja, de um número maior de marcas do que de progênies. O segundo ...
33	3.2.1.3	décima terceira	X_i	x_i
33	3.2.1.3	décima nona	X_{ij}	x_{ij}
33	3.2.1.3	vigésima	X_{ij}	x_{ij}
34	3.2.1.3	segunda	homozigótica nesse loco	Heterozigótica nesse loco
45	4.1	oitava	5,19**	3,57**
47	4.2	segunda e quinta	sondas	marcas
47	4.3	décima	sondas	Marcas
47	4.3	décima quinta	valor genotípico	efeito genotípico
48	4.3	terceira e décima nona	valor genotípico	efeito genotípico
49	4.3	terceira	valor genotípico	efeito genotípico
50	4.3	terceira	valor genotípico	efeito genotípico
50	4.3	vigésima quinta	sonda	marca
50	4.3	vigésima sexta e trigésima primeira	sondas	marcas
51	4.3	segunda, terceira, quarta e sexta	sondas	marcas
51	4.4	vigésima quarta	8.228,7	9.228,7
52	4.5.1	décima quinta	... o comportamento ...	... função do comportamento ...
53	4.5.1	primeira	X_j	x_j
56	4.5.3	quinta	sondas	marcas
80	4.6	vigésima primeira	323,45	232,45
81	4.6	primeira	sondas	marcas
82	4.6	décima primeira	0,90	0,09
83	4.6	primeira	linhagens), ...	68 linhagens), ...

Dados Internacionais de Catalogação na Publicação (CIP)
DIVISÃO DE BIBLIOTECA E DOCUMENTAÇÃO - Campus "Luiz de Queiroz"/USP

Rumin, Glaucé Cristina Ricardo

Índice para seleção de linhagens endogâmicas de milho (*Zea mays L.*) visando populações sintéticas baseado em marcadores genéticos / Glaucé Cristina Ricardo Rumin. - - Piracicaba, 2000.

201 p.

Dissertação (mestrado) - - Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, 2000.
Bibliografia.

1. Cruzamento vegetal 2. Diversidade genética 3. Endogamia 4. Linhagem vegetal
5. Marcador genético 6. Milho 7. População de planta I. Título

CDD 633.15

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

Prof. Dr. Roland Vencovsky

Prof. Dr. Roland Vencovsky

Dedico este trabalho ao Prof. Dr. Roland Vencovsky, pela dedicação demonstrada para que atingíssemos os objetivos traçados inicialmente, bem como pelas inúmeras demonstrações de amizade e consideração. Mais que um orientador, o professor Vencovsky foi sempre um companheiro de trabalho.

AGRADECIMENTOS

Ao Prof. Dr. Roland Vencovsky, pela orientação eficiente que muito contribuiu para o meu amadurecimento profissional ao longo desses anos de convivência.

Ao Dr. Fernando Ajudarte Neto, Gerente de Pesquisas e Desenvolvimento da E.B.S. Empresa Brasileira de Sementes Ltda / Grupo Zeneca, pela oportunidade de realizar este trabalho e também pelo apoio no decorrer do curso.

Aos professores e funcionários do Departamento de Genética da ESALQ.

Aos amigos do Curso de Pós-Graduação, em especial a Alexandre S. G. Coelho e Heider D. Silva que colaboraram na elaboração deste trabalho, a Fernando S. T. Miranda, companheiro de trabalhos e de estudos e também aos colegas da Zeneca Sementes que ajudaram na correção dos originais com suas sugestões.

Ao CNPQ, pelo auxílio financeiro.

SUMÁRIO

RESUMO	vii
SUMMARY	x
1. INTRODUÇÃO	1
2. REVISÃO DE LITERATURA	3
2.1.Quantificação da diversidade genética.....	3
2.2.Predição do desempenho de híbridos simples.....	7
2.3.Seleção assistida por marcadores moleculares.....	12
2.3.1.Detecção de QTL's	20
3. MATERIAL E MÉTODOS.....	28
3.1.Material	28
3.2.Métodos.....	29
3.2.1.Métodos biométricos.....	29
3.2.1.1.Delineamento experimental	29
3.2.1.2.Determinação dos alelos favoráveis associados às marcas	30
3.2.1.3.Detecção das marcas com efeitos significativos	32
3.2.1.4.Determinação da variância genética atribuída aos marcadores.....	34
3.2.2.Métodos moleculares	36
3.2.2.1.Genotipagem das plantas-mãe das linhagens.....	36
3.2.2.2.Distribuição das marcas pelo genoma.....	37
4.RESULTADOS E DISCUSSÃO	43
4.1.Análises básicas	43
4.2.Cobertura do genoma pelas marcas utilizadas	46
4.3.Detecção das marcas de efeito significativo	47

4.4.Cálculo de $\hat{p}$ para as marcas escolhidas.....	51
4.5.Construção do índice de seleção.....	52
4.5.1.Composição do índice.....	52
4.5.2.Tabela dialética e seleção de linhagens.....	54
4.5.3.Critérios de avaliação dos sintéticos.....	55
4.6.Aplicação do índice de seleção.....	56
 5. CONCLUSÕES.....	 90
 REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....	 92
 APÊNDICE.....	 100

ÍNDICE PARA SELEÇÃO DE LINHAGENS ENDOGÂMICAS DE MILHO (*Zea Mays L.*) VISANDO POPULAÇÕES SINTÉTICAS BASEADO EM MARCADORES GENÉTICOS

Autora: GLAUCE CRISTINA RICARDO RUMIN

Orientador: Prof. Dr. ROLAND VENCOVSKY

RESUMO

O objetivo deste trabalho foi propor e aplicar um índice de seleção de linhagens visando a geração de sintéticos de milho, baseado em valores de produtividade de grãos e em dados de genotipagem de marcadores RFLP.

Como material básico utilizou-se uma população F_2 proveniente do cruzamento entre duas linhagens homozigóticas do grupo ISSS, integrantes do programa de melhoramento da Empresa Garst Seeds. Dessa população obtiveram-se 68 linhagens S_2 , sem controle genealógico, cujas plantas-mãe foram genotipadas considerando 157 locos RFLP. Amostras de DNA foram coletadas de plântulas no estágio de duas folhas. A distância média entre os locos marcadores foi de 15,30 cM. As linhagens foram submetidas a *topcross*, sendo o genitor masculino uma linhagem homozigótica do grupo heterótico Lancaster. As progênies assim resultantes foram avaliadas em experimentos de blocos incompletos com oito tratamentos comuns (híbridos simples), com duas repetições e instalados em quatro locais em Iowa, Slater, EUA, no ano de 1996. A densidade de semeadura foi de 59.304 plantas/ha. Os dados de produtividade de grãos em kg/ha foram submetidos a análises de variância que também forneceram as médias ajustadas das progênies em cada local e na média dos locais. Essas médias serviram de base para os cálculos posteriores. Para descartar os locos marcadores não associados a

QTL's do caráter estudado utilizou-se processo de regressão múltipla (*stepwise*) em cada cromossomo separadamente, tomando-se os níveis de probabilidade $P < 0,10$ e $P < 0,15$ para entrada e permanência dos locos marcadores respectivamente no grupo dos considerados associados. O conjunto todo desses locos considerados foi posteriormente tomado para compor o modelo de regressão linear múltipla, cujos coeficientes de regressão parcial (b_j) foram estimados por quadrados mínimos. Estimou-se também a proporção (p) da variância genética entre progênies explicada pelos marcadores selecionados e o correspondente coeficiente de determinação R^2 .

Os experimentos foram de boa precisão detectando-se significância dos efeitos de progênie por local (exceto em um deles) e na média sobre os locais, bem como a significância da interação progênies x locais. Dos 157 locos identificaram-se 18 significativamente associados na média dos locais, explicando 74,7% da variação genética entre progênies. Por local os marcadores explicaram de 23,9 % a 100 % da variação genética entre progênies.

O índice de seleção proposto, relativamente ao par de linhagens i e i' , é do tipo $I_{ii'} = L_{ii'} + D_{ii'}$, sendo $L_{ii'}$ função do comportamento *per se* das linhagens e $D_{ii'}$ medida da complementaridade genética entre o par. $L_{ii'}$ e $D_{ii'}$ são estimáveis a partir dos coeficientes b_j e da constituição genotípica das linhagens. Os 2278 valores de $I_{ii'}$ foram organizados em tabela dialélica tomando-se a média $\bar{I}_i$ para identificar as linhagens candidatas a compor o sintético. Para fins de comparação, sintéticos também foram organizados com base apenas nas médias das progênies *topcross*. Evitaram-se sintéticos contendo frequências nulas ($q = 0$) de marcadores ligados a alelos favoráveis de QTL's. A constituição dos sintéticos considerados ideais variou de um local para outro, havendo no entanto determinadas linhagens superiores comuns a todos eles. O tamanho desses sintéticos foi de 13, 7, 5, 7 e 10 linhagens selecionadas para os locais 1, 2, 3, 4 e para a média dos locais respectivamente. O uso do índice elevou a frequência

dos alelos RFLP's associados a alelos favoráveis de QTL's nos sintéticos selecionados ($\bar{q}$) em comparação com o sintético selecionado pelas médias *topcross*. O mesmo pode-se dizer com relação ao efeito genotípico médio ($\bar{b}$) referente a cada sintético.

Linhagens com frequência elevada de marcas associadas a QTL's favoráveis foram detectadas por ambos os métodos. Considerando as 15 melhores linhagens segundo os dois critérios, oito delas eram coincidentes e com relação às 10 melhores a coincidência foi de seis linhagens. As linhagens muito boas apresentaram, além de excelente valor *per se*, alta capacidade de combinação com a maioria das outras, sendo portanto detectadas por ambos os métodos. Nas linhagens logo abaixo das superiores a coincidência deixou de existir devido à exploração da complementaridade, que o índice detecta e o *topcross* não. Tanto o índice como os *topcrosses* foram eficientes em elevar os valores de $\bar{q}$ nos sintéticos considerados ideais, quando comparados com o sintético amplo (68 linhagens). Porém, o índice levou à produção de sintéticos com valores de $\bar{q}$ maiores que os obtidos pelo critério do *topcross*, o que é uma indicação da importância da complementação genética na elevação da frequência dos alelos favoráveis nos sintéticos. A utilização de um índice como o proposto só é viável se, de início, for utilizado um número suficientemente grande de locos marcadores para a cobertura adequada do genoma.

INDEX FOR SELECTION OF INBRED LINES AIMED AT MAYZE SYNTHETIC POPULATIONS BASED ON GENETIC MARKERS

Author: GLAUCE CRISTINA RICARDO RUMIN

Adviser: Prof. Dr. ROLAND VENCOVSKY

SUMMARY

The purpose of this work was to propose and apply an index based on data of grain yield and RFLP markers, for selecting inbred lines aimed at generating synthetic maize populations.

As material, an F_2 segregating population derived from a cross between two ISSS inbred lines was used. These lines are part of the Garst Seeds Co. breeding programme. From that population, 68 S_2 lines were extracted and topcrossed with a Lancaster homozygous line as pollen parent. Seed parents were genotyped for 157 RFLP markers and DNA samples were extracted from plants at the two leaves stage. The average distance between marker loci was 15.30 cM. The topcross progenies were evaluated through incomplete block design experiments containing eight commercial hybrids as common entries and two replications. The experiments were set up in four locations in Iowa, USA, in 1996, with 59.304 plants/ha. Adjusted topcross progeny means, obtained from the analyses of variance of yield data (kg/ha), were used for subsequent calculations. Marker loci significantly associated with yield QTL's were identified through stepwise regressions analyses, for each chromosome separately. These markers were subsequently taken as elements of a multiple linear regression model, for estimation of the partial regression coefficients (b_j), the proportion (p) of the genetic variance among progenies explained by the markers and the R^2 coefficient.

Precision of experiments was very good (low CV's). Significance was found for progeny effects (in three locations) and progenies x locations effects. For the means over locations, 18 marker loci were found significantly associated with yield QTL's, which explained 74,7% of the genetic variance among progenies. Within locations this percentage ranged from 23,9% to 100%.

For pair of lines i and i' , the proposed index is given by $I_{ii'} = L_{ii'} + D_{ii'}$ where $L_{ii'}$ relates to the performance of lines *per se* and $D_{ii'}$ is a measure of genetic complementarity between the lines. Both quantities are estimable on the bases of the b_j coefficients and the marker loci genotypes of the lines. The 2278 $I_{ii'}$ values were organised in a diallel table and the marginal means $\bar{I}_i$ taken as criterion for selection of the lines as candidates for the synthetic population. For comparison, lines were also selected simply on the basis of the topcross means. Synthetics were discarded, whenever, for any given marker locus, a zero frequency ($q = 0$) of marker alleles associated with favourable QTL alleles was found. The number of selected lines for the synthetic considered ideal, varied among locations. The numbers 13, 7, 5, 7 and 10 lines were found for locations 1, 2, 3, 4 and for the average over locations, respectively. The index was found more efficient than the topcross criterion for increasing the frequency of marker alleles associated with favourable QTL alleles ($\bar{q}$). The same could also be said for the mean genotypic effect $\bar{b}$, averaged over marker loci. Superior lines carrying a higher number of QTL alleles were identified through both criteria. Considering the best 15 lines, eight coincided for both methods. With 10 superior lines the coincidence was of 60%. These lines are expected to have a superior performance *per se*, in addition to high general combining ability. Such a coincidence was not found for lines ranking immediately below the superior ones, in which case the index is expected to be a better criterion, as it includes a measure of genetic complementarity of a given line with all others ($\bar{D}_i$). This is not accomplished by the topcross mean criterion. Another positive aspect of the index is that a homologue of a diallel table can be constructed without actually obtaining all pairs of crosses between lines. It is clear that such

an index is expected to be efficient only if a sufficiently large number of marker loci is used, in order to achieve an adequate coverage of the genome.

1. INTRODUÇÃO

A síntese de populações é uma etapa importante num programa de melhoramento de híbridos de milho. Em geral estas populações devem apresentar alta frequência de alelos favoráveis para servirem como fontes de extração de genótipos superiores.

Um grande desafio imposto ao melhorista é a construção de sintéticos. Exige-se eficiência e grande precisão dos experimentos de campo quando se avaliam linhagens quanto ao comportamento *per se* e em cruzamentos com testadores específicos. Linhagens endogâmicas, além disso, devem ser complementares em sua estrutura genética, de forma a maximizar a probabilidade de se obter linhagens mais próximas do genótipo ideal após a recombinação. Porém, uma dificuldade inerente à seleção é a ausência de inferências diretas sobre a estrutura genética das linhagens, o que pode diminuir a eficiência da seleção. No caso da síntese de novas populações, essa informação é importante porque diz respeito à complementaridade do material a ser recombinado, aumentando-se a chance de se elevar a frequência dos alelos favoráveis no produto final.

Índices de seleção são ferramentas adequadas ao melhoramento de populações, devido à abordagem multivariada que considera um conjunto de características. Assim, mesmo que não se maximize a eficiência da seleção de uma característica isoladamente, atinge-se um valor genético superior para a população como um todo, quando se considera o conjunto de características componentes do índice. Mais

recentemente os índices passaram a ter importância maior devido ao crescente emprego de marcadores genéticos como auxiliares na seleção.

Esse trabalho teve por objetivos:

- a) propor um índice de seleção de linhagens endogâmicas de milho visando a formação de sintéticos, nele incluindo informações oriundas de experimentos a campo bem com dados de genotipagem das plantas-mãe das linhagens por marcadores RFLP;
- b) orientar na escolha dos melhores sintéticos, aplicando o índice com dados obtidos em quatro locais distintos e com a média dos dados sobre os locais;
- c) comparar a seleção de linhagens baseada no índice com a seleção convencional.

2. REVISÃO DE LITERATURA

Um grande desafio num programa de melhoramento de plantas é a avaliação dos genótipos e a confiabilidade dos dados experimentais, principalmente para características de herança complexa, como a produtividade de grãos. Godshalk et al. (1990) afirmam que o objetivo principal de muitos programas de melhoramento é o de otimizar a eficiência da seleção das características de herança quantitativa. Assim, esforços têm sido feitos para integrar algumas técnicas de biologia molecular aos procedimentos convencionais de melhoramento de plantas, uma vez que diversos estudos demonstraram a sua aplicabilidade e eficiência na avaliação dessas características.

Os marcadores moleculares podem servir como ferramenta útil em vários aspectos do melhoramento de plantas, tais como a descrição de variedades, a construção de mapas genéticos, a medida das distâncias genéticas entre as linhagens e o próprio processo de seleção. A seguir, serão abordados pontos relativos ao uso de marcadores moleculares na medida das distâncias genéticas e no processo de seleção assistida por marcadores, com ênfase no milho.

2. 1. Quantificação da diversidade genética

Devido à impossibilidade de predição do comportamento dos híbridos por meio do valor *per se* das linhagens, é necessário avaliar os seus cruzamentos, onerando os custos dos programas de melhoramento. No caso da produtividade de grãos em milho,

os fortes efeitos da dominância no controle genético desse caráter são a causa da baixa correlação entre o valor das linhagens e o dos respectivos híbridos (Hallauer & Miranda Filho, 1981).

Conhecer a base genética do material disponível auxilia na definição de estratégias num programa de melhoramento. A utilidade dos marcadores moleculares para o conhecimento das relações genéticas entre linhagens e populações têm sido apontada por vários pesquisadores. Os estudos de Lee et al. (1989) concluem que os marcadores RFLP são uma alternativa potencial aos testes de campo, quando se deseja organizar linhagens de milho em grupos heteróticos distintos.

A medida da distância genética entre genótipos pode ser feita de diversas formas. Interessados em desenvolver métodos para calcular a similaridade genética, tanto entre linhagens endogâmicas como entre híbridos de milho, Smith & Smith (1992) compararam quatro métodos diferentes. Os autores utilizaram a distância modificada de Rogers baseada em 21 locos de isoenzimas, a distância genética medida por 38 sondas de RFLP's, o coeficiente de parentesco de Malécot baseado nos dados de pedigree e a distância genética de Troyer obtida a partir da depressão por endogamia determinada pela produtividade de grãos. Concluíram que a distância de Troyer e a distância baseada no padrão de bandas de RFLP's são adequadas para se determinar a distância genética entre híbridos de milho, e os resultados obtidos concordaram com as relações de pedigree já conhecidas. Esses dois métodos podem ser úteis na determinação da similaridade entre híbridos comerciais vendidos aos agricultores, e também podem ajudar a encontrar possíveis violações aos direitos de propriedade intelectual. Os RFLP's apresentam como vantagens adicionais o fato de serem de obtenção mais rápida e de custo inferior quando comparados a testes de campo, além de não sofrerem influência dos efeitos ambientais.

Trabalhando com 57 linhagens endogâmicas de milho pertencentes a grupos heteróticos *flint* e *dent* de ciclo precoce, Messmer et al. (1992) testaram a utilidade dos RFLP's para detectar a diversidade entre as linhagens e separá-las em grupos heteróticos distintos. Para tal, as linhagens foram genotipadas e 188 sondas foram utilizadas. Aproximadamente metade das sondas detectaram polimorfismo nos dois grupos, e 25% das combinações foram específicas para cada grupo. Assim, os autores concluíram ser possível limitar os RFLP's a um menor número de sondas com maior poder discriminatório entre as linhagens de diferentes grupos heteróticos.

Mumm & Dudley (1994) classificaram 148 linhagens endogâmicas de milho através de análise de agrupamento baseada em RFLP's, e as associações encontradas entre as linhagens foi de forma geral coincidente com a informação do pedigree. As linhagens foram dirigidas para os grupos heteróticos predominantes, e posteriormente classificadas em subconjuntos dentro de cada grupo heterótico. Assim, este método pode ser útil em orientar e reduzir os testes de campo com linhagens de resposta heterótica desconhecida. Os autores advertem que, apesar de as 46 combinações sonda-enzima terem sido suficientes para classificar as linhagens, esse número de marcadores pode estar no limite mínimo exigido para a distinção entre elas.

Mumm et al. (1994) continuaram o estudo anteriormente conduzido por Mumm & Dudley em 1994, classificando 148 linhagens endogâmicas de milho através de análise de agrupamento baseada em RFLP's. Foram aplicados quatro diferentes métodos de classificação, dois deles baseados no coeficiente de similaridade de Gower e outros dois baseados na fórmula de similaridade genética de Nei e Li. As linhagens foram agrupadas de forma semelhante pelos diferentes métodos, e estas informações coincidem com as fornecidas pelos dados de pedigree, sugerindo que há um agrupamento natural entre as linhagens estudadas.

Trabalhando com milho doce, Gerdes & Tracy (1994) apontaram a utilidade das técnicas moleculares, especialmente os RFLP's, no julgamento correto das relações genéticas entre as linhagens endogâmicas na ausência de informação de pedigree. Baseados nos dados de RFLP e de pedigree, a maior parte das linhagens endogâmicas de milho doce estudadas puderam ser separadas em dois grandes grupos heteróticos, facilitando a definição de ações dentro de um programa de melhoramento.

Lorenzen et al. (1995) destacam a utilidade dos RFLP's na análise de pedigree de soja. Foram identificados 97 locos RFLP's que se mostraram mais adequados para a cobertura do genoma de soja que os marcadores citados em estudos anteriores.

Hahn et al. (1995) estudaram 57 linhagens endogâmicas elite de milho pertencentes aos grupos heteróticos *flint* e *dent*. Os objetivos do trabalho foram: (1) investigar a proporção de variação explicada por marcadores RAPD nestes materiais, (2) examinar a utilidade dos RAPD's em dirigir linhagens para grupos heteróticos distintos e (3) comparar as medidas de similaridade genética por RAPD, coeficiente de parentesco de Malécot e similaridade genética por RFLP. Os autores concluíram que os RAPD's, em número limitado no estudo, foram menos adequados para estimar o parentesco entre linhagens endogâmicas de milho que os RFLP's, que propiciaram boa cobertura do genoma. Citam, ainda, que os marcadores RAPD apresentam menor custo quando comparados com os RFLP's, mas que essa vantagem econômica dos RAPD's sobre os RFLP's diminui de forma gradativa, à medida que o número de indivíduos analisados aumenta. Portanto os autores concluíram que os RFLP's foram o melhor sistema de marcadores para elucidar relações genéticas entre linhagens de milho.

2. 2. Predição do desempenho de híbridos simples

Para avaliar o desempenho de híbridos gerados a partir de linhagens endogâmicas, muito trabalho é necessário na condução de cruzamentos específicos, consumindo tempo e recursos financeiros. A redução do número de cruzamentos necessários facilitaria o trabalho do melhorista, além de economizar recursos do programa de melhoramento. Assim, vários estudos foram conduzidos com o objetivo de verificar correlações entre os genótipos dos pais, fornecidos pelos marcadores moleculares, e o comportamento de seus híbridos em testes de campo.

Godshalk et al. (1990), ao avaliar linhagens endogâmicas de milho e o desempenho de seus híbridos simples, sugerem que os RFLP's são eficientes em posicionar linhagens em grupos heteróticos distintos, não encontrando, entretanto, nenhuma relação entre a distância genética das linhagens e o desempenho de seus híbridos. Os autores também encontraram diferenças genéticas significativas entre as linhagens que pertenciam a um mesmo grupo heterótico. Apesar dessa variação dentro de grupos, os autores concluíram, pelo padrão geral de dispersão das linhagens, que os RFLP's são ferramentas úteis para a identificação de combinações superiores de linhagens endogâmicas oriundas de diferentes grupos heteróticos.

Investigando as relações entre as linhagens, a predição da heterose e a performance de seus híbridos simples, Melchinger et al. (1990) trabalharam com linhagens endogâmicas de milho e concluíram que os RFLP's podem ser usados para examinar as relações de parentesco entre as linhagens, inclusive atribuindo linhagens de origem desconhecida a grupos heteróticos adequados. Porém, os resultados também sugeriram que as medidas de distâncias genéticas baseadas em RFLP's têm uso limitado para a predição heterótica de híbridos simples, não podendo ser utilizadas para esse fim no caso de híbridos obtidos pelo cruzamento de linhagens não aparentadas.

Dudley et al. (1991), trabalhando com linhagens endogâmicas de milho, avaliaram RFLP's e isoenzimas quanto à eficiência desses marcadores para (1) prever o potencial de produtividade dos híbridos, (2) separar linhagens em grupos heteróticos distintos e (3) determinar quais das linhagens componentes de um híbrido simples estão mais próximas de uma linhagem doadora no caso de retrocruzamentos. Os autores utilizaram a distância modificada de Rogers como medida de diversidade genética entre as linhagens, e observaram que, apesar de a análise de agrupamento baseada nessa distância confirmar as informações de pedigree, esteve em desacordo com o agrupamento baseado na produtividade. Portanto, não foi possível inferir o comportamento dos híbridos pela distância genética entre as linhagens que os compõem, pois a correlação entre essas informações foi baixa. Porém, ao se atribuir um valor ao híbrido (baseado nos valores genotípicos mais altos associados aos locos marcadores) detectaram correlações positivas ($r = 0,78$) entre o valor atribuído ao híbrido e a produtividade de grãos. Dos 10 híbridos analisados, os seis mais produtivos também apresentaram um alto valor atribuído ao híbrido.

Quanto maior o número de marcadores utilizados, maior o valor preditivo sobre o desempenho de híbridos. Bernardo (1992) destaca que, para que os marcadores possam ser usados como preditores de desempenho de híbridos, certas condições devem ser respeitadas, tais como: (1) o caráter a ser selecionado deve apresentar efeitos de dominância pronunciados, (2) os grupos heteróticos dos genitores devem ser complementares e as frequências alélicas nos locos negativamente correlacionadas, (3) a característica em questão deve apresentar herdabilidade alta (4) a frequência alélica média entre os genitores deve variar dentro de um limite estreito (5) pelo menos 30% a 50% dos QTL's devem estar ligados aos marcadores e (6) não apresentar mais do 20% a 30% dos marcadores dispersos ao acaso ou não apresentando ligação com os QTL's.

Messmer et al. (1993) analisaram 29 linhagens de milho de origem européia, sendo 18 do grupo *flint* e 11 do grupo *dent*. Os autores compararam informações de

pedigri geradas pelo coeficiente de Malécot com os dados de similaridade genética oriundos de RFLP's dentro dos grupos. Encontraram correlação altamente significativa ($P < 0,01$) entre as duas medidas, com valores de 0,71 para o grupo *flint* e 0,80 para o grupo *dent*. Defendem a utilização de RFLP's para identificação de linhagens e grupos heteróticos e afirmam que, havendo uma boa cobertura do genoma pelos marcadores, e número de sondas superior a 100, a medida de similaridade genética dada por RFLP's é significativamente mais precisa que o coeficiente de Malécot para aferir parentesco entre as linhagens.

Stubber (1994) aborda a importância da heterose e a necessidade de se desenvolver métodos confiáveis para identificar populações ou linhagens com fatores genéticos desejados, identificar e mapear esses fatores em linhagens e populações divergentes, realizar a introgressão desses fatores em linhagens elite e prever o comportamento de híbridos sem a necessidade de testar todas as combinações possíveis. Apesar de os dados de marcadores moleculares, em geral, serem concordantes com os dados de pedigree quando se observa a formação de grupos heteróticos entre as linhagens, a predição do comportamento de híbridos só tem sido possível entre linhagens pertencentes a um mesmo grupo heterótico.

Informações precisas sobre a base genética das populações e linhagens são importantes para se determinar as estratégias de melhoramento e de conservação de germoplasma. Para Dubreuil et al. (1996) a ordenação precisa de linhagens endogâmicas em grupos heteróticos é um pré-requisito para a utilização eficiente do germoplasma. O exame dos dados de pedigree, das comparações fenotípicas, e da capacidade de combinação com vários testadores são as formas tradicionais de se utilizar a informação sobre o germoplasma. Porém, esses descritores apresentam limitações. A informação sobre o pedigree não leva em conta o efeito causado pela seleção, e os delineamentos *topcross* envolvendo vários testadores e várias características agronômicas são muito caros e despendem muito tempo na sua condução. Os RFLP's têm se mostrado eficientes

na identificação de linhagens endogâmicas ou híbridos de milho altamente aparentados, mas têm falhado em prever a heterose da produtividade de grãos nos cruzamentos entre linhagens não aparentadas. Os resultados encontrados neste estudo, consistentes com relação aos trabalhos anteriores, indicam que as classificações baseadas em marcadores são úteis, tanto na escolha de combinações de linhagens a serem avaliadas em experimentos com híbridos como na escolha de genitores em programas de melhoramento.

Lanza et al. (1997) apontaram o uso de marcadores RAPD para (1) avaliar a divergência genética entre linhagens endogâmicas de milho, (2) dirigí-las para grupos heteróticos adequados e (3) correlacionar o desempenho do cruzamento com a divergência genética das linhagens genitoras. Os autores verificaram correlações diretas e positivas entre as distâncias baseadas em RAPD's e a produtividade de grãos nos híbridos usando linhagens de germoplasma tropical. Para obter essas correlações, foi considerado o padrão de agrupamento dos dendogramas e essas informações ajudaram a estabelecer grupos heteróticos. Os resultados mostraram que as distâncias baseadas em RAPD's foram eficientes em estabelecer grupos consistentes, e podem ser usadas para auxiliar a escolha dos cruzamentos a serem realizados entre linhagens de milho tropical oriundas de população de base ampla, reduzindo dessa forma o número necessário de cruzamentos a serem produzidos.

Kozumplik et al. (1996) utilizaram marcadores como isoenzimas, RFLP's e SSR's com o objetivo de detectar QTL's responsáveis pela produtividade de grãos, altura de planta e dispersão de pólen em germoplasma exótico de milho, além de determinar a relação entre o grau de heterozigosidade dos alelos marcadores e o nível de produtividade de grãos. Os estudos foram conduzidos em duas populações geradas a partir de variedades croatas de polinização aberta. Em cada população, 169 famílias F_3 foram avaliadas em dois ambientes, e as 20 famílias mais produtivas bem como as 20 famílias menos produtivas de cada uma das populações originais foram utilizadas para a

deteccção dos QTL's. Não foram encontrados QTL's em comum nas duas populações estudadas. As 20 famílias mais produtivas apresentaram grau de heterozigosidade maior quando comparadas com as 20 famílias menos produtivas em ambas as populações.

Como a genotipagem dos pais por si só não é capaz de determinar o desempenho dos híbridos simples, os dados dos marcadores moleculares têm sido associados a novas metodologias de análise de forma a obter correlações entre genitores e o comportamento da descendência. O método conhecido como BLUP (melhor preditor linear não viesado) têm sido utilizado com o objetivo de predizer o comportamento dos híbridos com base nas linhagens genitoras, e resultados favoráveis têm sido encontrados por vários pesquisadores. Bernardo (1994) utilizou o procedimento BLUP para avaliar o desempenho de híbridos simples quanto à produtividade de grãos em milho, baseando-se nos dados de RFLP das linhagens genitoras e na produtividade de grãos de um conjunto aparentado de cruzamentos. O objetivo do trabalho foi avaliar e mostrar a utilidade do método BLUP na predição do desempenho dos híbridos simples, e também testar o método quanto à mensuração da relação genética. Foram calculadas as correlações entre os valores preditos e observados de produtividade de grãos, e essas correlações variaram de 0,654 a 0,800. Os valores das correlações foram mais altos quando a variância genética dominante estava incluída no modelo e também quando os coeficientes de parentesco foram oriundos dos RFLP's no lugar dos dados de pedigree. As correlações permaneceram estáveis através de valores de variância genética diferentes e arbitrários aos quais foram submetidas. Os resultados encontrados sugerem que, quando se usa o método BLUP, a produtividade de grãos de híbridos simples de milho pode ser efetivamente predita baseando-se nos dados de RFLP dos genitores e na produtividade de grãos de um conjunto parcial de híbridos simples.

2. 3. Seleção assistida por marcadores moleculares

Com o advento dos marcadores moleculares, a possibilidade de seu uso no processo de seleção de plantas sugeria algumas vantagens que não poderiam ser obtidas com os métodos convencionais. Uma das vantagens previstas foi a diminuição do tempo necessário de seleção, pelo enfoque direto nas regiões de interesse. A vantagem da seleção dirigida teria ainda maior importância em se tratando de características com baixa herdabilidade. No caso dos retrocruzamentos, além da diminuição do tempo e do monitoramento dos segmentos alvo, a seleção assistida por marcadores ainda possibilitaria o controle da entrada de segmentos não desejáveis. Assim, muitos estudos foram conduzidos para verificar a eficiência da seleção assistida por marcadores moleculares quando comparada com os métodos de seleção convencional. Os resultados encontrados mostraram que a superioridade de um método em relação ao outro depende da situação avaliada.

No intuito de demonstrar a utilidade dos marcadores, Lande & Thompson (1990) compararam a seleção assistida por marcadores com métodos tradicionais de seleção fenotípica, através de índices de seleção com o objetivo de maximizar a taxa de ganho genético em caracteres quantitativos. Os autores também incluíram no estudo as limitações estatísticas na eficiência da seleção assistida por marcadores, incluindo o poder de detecção de associações entre os locos marcadores e os QTL's, assim como os erros de amostragem na estimativa dos coeficientes de ponderação do índice de seleção. Concluíram que a eficiência da seleção artificial pode ser aumentada substancialmente com o uso de marcadores moleculares.

Trabalhando com programas de introgressão, Hospital et al. (1992) mostraram a importância dos marcadores moleculares, tão mais úteis quanto mais conhecida for sua posição de mapeamento. Os autores demonstraram que a seleção

assistida por marcadores pode levar a um ganho de tempo de duas gerações, quando comparada às condições normalmente utilizadas, e abordam ainda os efeitos do tempo e da intensidade de seleção, tamanho da população e posição dos marcadores. Afirmam que a seleção deve ser feita o mais cedo possível e a intensidade de seleção ser maior se os marcadores se encontrarem muito próximos do gene a ser incorporado, sem se prestar atenção aos cromossomos não portadores. Os autores destacam três pontos importantes na busca de uma estratégia ótima de seleção num programa de introgressão:

- 1) Para o cromossomo portador do segmento a ser incorporado, a resposta à seleção é função tanto da distância entre os marcadores e o gene, quanto da proporção dos indivíduos selecionados;
- 2) Após se proceder à seleção, focalizando a atenção nos cromossomos portadores dos segmentos a serem incorporados, ainda é possível selecionar visando os cromossomos não portadores. Porém, o sucesso dessa segunda etapa depende da intensidade de seleção praticada na fase inicial;
- 3) Comparando o uso da seleção assistida nos diferentes ciclos seletivos, a seleção será mais eficiente se praticada nos ciclos finais.

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

Beavis et al. (1994) conduziram um estudo em milho para verificar se regiões do genoma poderiam ser identificadas numa amostra pequena, embora típica, de *topcrosses* e de progênes $F_{2:4}$, oriundas do cruzamento entre as linhagens B14 x MO17. Foram identificadas regiões importantes para 24 características agrônômicas, usando mapeamento por intervalo e estimativas simultâneas de modelos de QTL's múltiplos. O número médio de QTL's identificados foi de cerca de três a cinco por caráter. A maioria

dos QTL's identificados foram os mesmos para os caracteres correlacionados. Verificaram que QTL's relacionados à produtividade de grãos não se encontravam nas mesmas regiões relatadas em estudos anteriores sobre o cruzamento entre B14 x MO17. Isso pode ser devido a fatores, tais como: (1) origem das linhagens genitoras, (2) tipo de progênie, (3) diferentes efeitos de interação genótipos x ambientes e (4) utilização de amostras pequenas e diferentes. Os resultados indicam que a amostragem das progênies é a mais provável explicação para as diferenças encontradas, e deve ser cuidadosamente levada em conta em estudos de detecção de QTL's.

Leon et al. (1995) trabalhando com girassol, utilizaram RFLP's com o objetivo de identificar marcadores ligados a QTL's afetando a quantidade de óleo na semente, a porcentagem de óleo no endosperma e a proporção do endosperma em relação à semente. Os autores concluíram que o uso de RFLP's pode identificar os retrocruzamentos com as constituições alélicas desejadas, e dirigir a seleção nestas regiões e combinações de QTL's. Afirmam, ainda, que os RFLP's podem ser úteis em incrementar os componentes relativos à porcentagem de óleo na semente sem afetar outras características. Os QTL's caracterizados por ligações desfavoráveis ou efeitos pleiotrópicos podem ser monitorados mais cuidadosamente na seleção dos retrocruzamentos.

Com o objetivo de colaborar no uso adequado de germoplasma exótico em programas de melhoramento de milho temperado, Ragot et al. (1995) utilizaram isoenzimas e RFLP's para identificar QTL's e monitorar a introgressão dos segmentos favoráveis em germoplasma temperado. Foram detectados QTL's afetando a produtividade de grãos e o número de espigas por plantas, e a estabilidade dos QTL's através dos ambientes foi alta. Os QTL's de efeito significativo encontrados no material exótico puderam então ser utilizados no germoplasma temperado através de retrocruzamentos. Segundo os autores, a vantagem de se monitorar retrocruzamentos com marcadores moleculares é a possibilidade de inserção controlada de fragmentos

exóticos no germoplasma adaptado, diminuindo-se o risco da introdução simultânea de características indesejáveis.

O uso de marcadores com o objetivo de aumentar a eficiência dos retrocruzamentos também foi citado por Openshaw et al. (1994). A seleção auxiliada por marcadores para o genitor recorrente pode aumentar significativamente a eficiência dos programas de retrocruzamento, por permitir ao melhorista selecionar plantas que apresentem maior proporção do genoma do genitor recorrente, e selecionar os indivíduos com conversões melhores e mais próximas do alelo a ser incorporado. Em termos práticos, isso significa aumentar a probabilidade de se obter conversões desejadas e diminuir o tempo necessário para se alcançar essas conversões. No planejamento de um programa de retrocruzamentos assistido por marcadores, deve-se considerar a economia de tempo com o auxílio dos marcadores, o número de marcadores necessários, e o número de genótipos a avaliar. Através de simulação de dados, os autores verificaram que os métodos de retrocruzamento que incluíam o uso de marcadores foram todos mais eficientes quando comparados ao método tradicional.

Para Selig et al. (1999) a transferência de germoplasma oriundo de linhagens de milho exóticas para linhagens americanas apresentou alguns resultados positivos. Porém, essa transferência pode ser otimizada com o uso de marcadores moleculares, através da introgressão de segmentos específicos associados aos efeitos desejados, evitando a transferência simultânea de segmentos cromossômicos não relacionados ao caráter. O uso dos marcadores moleculares auxiliou na superação de problemas que ocorreram no passado, como a introgressão de grandes porções cromossômicas do germoplasma exótico não associadas ao caráter desejado.

Através de simulação, Edwards & Page (1994) comparam as respostas obtidas com a seleção assistida por marcadores e a seleção recorrente convencional para espécies alógamas anuais. Foram utilizados 25 QTL's em seis modelos diferentes, três

para a seleção assistida por marcadores e três para a seleção convencional. Os modelos envolvendo seleção assistida apresentaram diferentes taxas de recombinação entre marcadores e QTL's, com valores variando de 5%, 10% e 20% de recombinação em cada um dos modelos. No caso da seleção convencional, o que diferenciou os modelos foi a herdabilidade do caráter, variando de 0,10, 0,20 e 0,40 para cada caso. A resposta inicial com seleção assistida foi mais rápida que a seleção convencional em todos os modelos. Porém, essa vantagem não se manteve no caso de perda do desequilíbrio de ligação entre marcador e QTL (20% de recombinação). Mesmo no caso de baixa herdabilidade ($h^2=0,10$) a seleção convencional superou a seleção assistida ao longo dos ciclos, reforçando que a eficiência da seleção assistida por marcadores está relacionada à existência de desequilíbrio de ligação. A seleção assistida também é afetada pela distância existente entre os marcadores e os QTL's e, se os marcadores estiverem muito próximos ao QTL, a seleção assistida é notavelmente superior à seleção convencional. O grande benefício da seleção assistida foi acelerar a resposta à seleção nos modelos utilizados nesse estudo. Os autores supõe que os marcadores não são afetados pelo ambiente, tornando possível a condução dos experimentos e da seleção em estufas. Assim, enquanto a seleção convencional exigiu dois anos por ciclo, a seleção assistida necessitou de meio ano por ciclo de seleção.

A diminuição no desequilíbrio de ligação com o passar dos ciclos é um fato que prejudica a seleção recorrente assistida por marcadores. Bearzoti (1997) trabalhou com seleção recorrente assistida por marcadores em espécies autógamas através de simulações, e verificou que esse tipo de seleção foi pouco eficiente por mais de um ciclo seletivo. Considerando apenas um ciclo seletivo, a seleção assistida por marcadores foi eficiente, e o tamanho das subpopulações utilizadas constituiu-se em importante fator afetando a eficiência por seleção assistida no primeiro ciclo seletivo, demandando algumas centenas de progênies para que a eficiência da seleção assistida em relação à convencional seja obtida.

Bubeck et al. (1993) trabalharam com três populações de milho com o objetivo de identificar QTL's e o tipo de ação gênica para resistência ao fungo *Cercospora*, em famílias segregantes oriundas de cruzamentos simples, utilizando RFLP's. Os autores também procuraram determinar a consistência dos QTL's em relação a ambientes e populações. Os QTL's foram identificados baseando-se na média dos danos causados pelo fungo para cada população nos três ambientes, e também para cada ambiente envolvendo a média das três populações. Foi identificada uma região no cromossomo 2, associada à resistência ao fungo, nas três populações, e encontrou-se ação gênica aditiva para aproximadamente todos os marcadores associados com a resistência.

Num trabalho de seleção recorrente em milho, Edwards & Johnson (1994) compararam a seleção assistida por RFLP's com a seleção fenotípica convencional e observaram que, para características de herdabilidade baixa, como é o caso da produção de grãos, a seleção assistida conduz a progressos superiores em relação à seleção convencional. Porém, o inverso ocorre para características com alta herdabilidade, no caso a qualidade de grãos. Há também o problema de correlações negativas entre as características, em que a seleção assistida melhorou um caráter em prejuízo de outro. Os autores ainda ressaltam que as respostas à seleção auxiliada por RFLP para as duas populações estudadas foram diferentes, produzindo resultados satisfatórios na população A e resultados insatisfatórios na B, concluindo então que a eficiência da seleção dependerá da população utilizada.

Goldman et al. (1994) trabalharam na identificação de associações RFLP-QTL relacionadas com o teor de óleo e o peso de sementes em milho, num cruzamento específico entre duas populações divergentes. As plantas utilizadas no cruzamento citado foram oriundas do cruzamento de duas populações de alto e baixo teor de proteína, que passaram por 76 ciclos de seleção divergente para concentração de óleo e para peso de sementes. As populações resultantes dessa seleção forneceram as plantas para o

cruzamento utilizado neste estudo. Os autores verificaram que agrupamentos de dois ou mais locos marcadores na mesma região cromossômica estavam significativamente associados com a concentração de óleo em quatro diferentes regiões, e outras quatro regiões para peso de sementes. As regiões encontradas para o teor de óleo confirmam dados publicados por outros pesquisadores. Assim, pela detecção de poucos agrupamentos de locos associados com regiões genômicas controlando a concentração de óleo, os autores concluíram que o uso de RFLP's na seleção assistida por marcadores é viável para o desenvolvimento de germoplasma de milho com alto teor de óleo.

Stromberg et al. (1994) compararam os ganhos obtidos com a seleção assistida por marcadores com os alcançados pelo melhoramento convencional num programa de melhoramento de milho. O resultado alcançado com a seleção assistida por marcadores não apresentou diferenças significativas em relação ao melhoramento convencional nesse estudo, e uma das possíveis razões para este fato foi a baixa cobertura do genoma pelos 32 marcadores utilizados. Quatro dos 20 braços cromossômicos não apresentavam nenhum marcador, e cinco braços cromossômicos tinham apenas um marcador. Com a melhor cobertura dos cromossomos, associações loco-característica significativas poderiam ter sido detectadas, e ligações mais próximas estabelecidas, o que poderia levar a um aumento de ligações loco-característica-alelo no conjunto de dados utilizado.

Berke & Rocheford (1995) conduziram um estudo em milho com o intuito de determinar o número e a localização cromossômica dos QTL's controladores do florescimento masculino, da altura de planta e de espiga, do peso de sementes e da concentração de proteína, óleo e amido nas sementes. As análises de variância detectaram associações significativas ($P < 0,05$) entre os vários locos RFLP's e as características fenotípicas. O número de marcadores encontrados foi de 16, 18, 14, 27, 16, 31 e 28, para o florescimento masculino, altura de plantas, altura de espigas, peso de sementes, concentração de proteínas, concentração de óleo e concentração de amido

respectivamente. As regiões onde os QTL's foram detectados coincidem com dados existentes na literatura. Os autores ainda observaram que, para uma mesma característica, a direção da dominância e o tipo de ação gênica presente nos locos variaram nas diferentes regiões genômicas, exceto para a concentração de proteína, onde a dominância e a sobredominância estavam sempre associados ao baixo teor de proteína.

A incorporação de genes de resistência qualitativa é uma importante estratégia de controle da helmintosporiose do milho. Ogliari (1999) comparou um par de linhagens quase isogênicas que diferiam entre si pela presença de um gene de resistência a *E. turcicum*, chamado de HtP. Foram identificados dois marcadores microssatélites ligados a esse loco, e testes envolvendo a inoculação de cinco isolados brasileiros de *E. turcicum* sobre conjunto de linhagens isogênicas portadoras de diferentes genes de resistência a helmintosporiose, permitiram verificar que o gene HtP é um novo gene ou uma forma alélica alternativa do já descrito gene Ht₁. O gene HtP confere resistência às raças portadoras de amplo espectro de virulência (123 e 23r) e, portanto, a autora recomendou sua introgressão em cultivares híbridas e variedades comerciais de milho nacionais.

Outra forma de obter ganhos genéticos com o auxílio de marcadores moleculares seria orientando os cruzamentos para que se formassem populações de desempenho superior. Assim, Bernardo (1999) definiu o acasalamento assistido por marcadores (MAM) como o cruzamento de indivíduos que apresentam marcadores genotípicos semelhantes. O autor utilizou simulação para: (1) comparar a resposta a seleção associada com MAM, cruzamentos baseados no fenótipo (PAM), e cruzamentos ao acaso (RM), e (2) determinar quando MAM é útil em programas de melhoramento. A simulação foi feita para 200 indivíduos, em cruzamento entre duas linhagens, em 25 gerações de seleção. Foram utilizados 100 marcadores codominantes distribuídos ao acaso pelos 10 cromossomos do milho. O autor verificou que a perda da heterozigosidade dos QTL's foi maior em MAM que em PAM ou RM. Para esquemas de

melhoramento de longo prazo, RM mostrou-se mais promissor que os outros métodos. O procedimento MAM só foi útil no melhoramento de curto prazo, especialmente em condições de herdabilidade e pressão de seleção baixas.

2. 3. 1. Detecção de QTL's

Para que a seleção assistida por marcadores seja eficiente, é necessário um mapa de ligação altamente saturado por marcadores. É preciso inicialmente identificar associações entre marcadores e QTL's, e posteriormente usar essas informações para desenvolver linhagens e populações superiores (Dudley, 1993).

Duas maneiras tradicionais de identificar e mapear QTL's são as seguintes: métodos baseados em cruzamentos entre linhagens que diferem entre si para a característica de interesse e métodos baseados em populações segregantes. O delineamento experimental mais eficiente para localizar QTL's envolve cruzamentos entre linhagens que apresentem alelos fixados de forma alternada tanto nos QTL's quanto nos locos marcadores, devido ao máximo desequilíbrio de ligação entre os locos. Geralmente, populações endogâmicas divergentes são cruzadas para produzir a geração F_1 , que é então retrocruzada para um dos pais ou ambos, ou então cruzada entre si para produzir a geração F_2 . Em espécies que toleram endogamia, obtêm-se linhagens endogâmicas recombinantes a partir da autofecundação de indivíduos da geração F_2 (Falconer, & Mackay, 1996).

Deve-se considerar, também, o número de QTL's que afetam a característica. Para Dudley (1993) quando a característica é controlada por um grande número de QTL's, sendo alguns de pequeno efeito, a probabilidade de se identificar marcadores ligados a todos os QTL's é baixa. Em plantas, associações marcador - QTL podem ser descobertas usando-se linhagens autofecundadas oriundas de populações F_2 ou de

retrocruzamentos, avaliadas em experimentos com repetições conduzidos em diferentes ambientes, o que permite aumentar a precisão da estimativa das associações marcador - QTL. Com um grande número de marcadores ligados aos QTL's, é preciso selecionar aqueles que serão usados na seleção assistida. No caso da seleção de uma única característica, deve-se escolher os locos que serão usados e combinar essas informações.

Ajmone-Marsan et al. (1996) discutiram os efeitos de tamanho pequeno de amostras e a inconsistência ao longo dos ambientes na detecção dos QTL's em milho. Para estimar os efeitos do tamanho da população na detecção dos QTL's, os autores analisaram uma pequena amostra de progênies segregantes, derivadas do cruzamento entre duas linhagens, que foi comparada com uma amostra maior, oriunda do mesmo cruzamento, já estudada anteriormente para a detecção de QTL's. O estudo mostrou a confirmação de QTL's detectados nas duas amostras, a despeito do tamanho pequeno de uma delas. Poderia ser dito que o tamanho da amostra tem pouca influência na detecção dos efeitos dos QTL's, mas os autores não descartam a possibilidade de terem tido sorte na escolha da amostra pequena. Assim, advertem que a extrapolação desses resultados para outras populações deve ser vista com precaução, mas afirmam que os QTL's detectados para a produtividade de grãos foram consistentes ao longo dos ambientes, independentemente do tamanho de amostra utilizado, sendo então de utilidade no melhoramento assistido por marcadores.

Outro ponto importante é o tamanho da população utilizada nos estudos de detecção de QTL's. Segundo Moreau et al. (1999) o poder de detecção de associações entre marcadores e QTL's e seus efeitos são de difícil estimação quando se trabalha com populações pequenas. Estes resultados implicam na necessidade da avaliação de numerosos indivíduos pelos marcadores moleculares. Os autores citaram Knapp & Bridges (1990), que mostraram aumento do poder de resolução no mapeamento de QTL's com um maior número de linhagens avaliadas por experimento. Ainda, devido aos efeitos da interação genótipos x ambientes, os fenótipos precisam ser avaliados em

diferentes locais, mesmo que seja apenas uma repetição por local. Todos esses elementos sugerem que pode ser de maior valor avaliar as linhagens em um maior número de locais em experimentos sem repetições do que usar repetições em um menor número de locais. Os autores propõem um método em que os valores genéticos são divididos em duas partes, uma explicada pelos marcadores e outra parte não explicada. Essas duas partes foram identificadas no mesmo passo, sendo que a heterogeneidade espacial foi levada em consideração em experimentos sem repetições, conduzidos em onze locais diferentes. Essa abordagem é importante quando se deseja detectar o valor genético de indivíduos em cada experimento. Se o interesse for selecionar indivíduos para adaptação geral, cada experimento pode ser interpretado como uma repetição. Quando muitos experimentos são utilizados, o interesse em se considerar a heterogeneidade espacial diminui ao se aumentar o número de locais. Porém, considerar a heterogeneidade espacial aumenta a precisão dos valores genotípicos, o que permite usar menos experimentos para se atingir o mesmo ganho genético. Os autores enfatizam que, quando os genótipos são testados em um número pequeno de locais, considerar a heterogeneidade espacial diminui o risco de se chegar a ganhos genéticos insignificantes, caso os ambientes sejam muito heterogêneos.

A interação genótipos x ambientes, de grande importância para a maioria dos caracteres quantitativos, só pode ser abordada analisando separadamente os dados coletados em vários ambientes. Jansen et al. (1994) demonstram uma abordagem analítica, chamada *multiple QTL mapping* ou MQM, que adapta tanto o mapeamento de múltiplos QTL's quanto a interação genótipos x ambientes. O estudo aponta as vantagens do MQM quando comparado com mapeamento por intervalos ou IM, na detecção e mapeamento de múltiplos genes envolvidos na expressão de caracteres quantitativos, especialmente tratando-se de dados oriundos de vários ambientes. O procedimento de MQM apresenta dois estágios, sendo que no primeiro de identificação dos marcadores importantes e da interação marcadores x ambientes foi obtida pelo método de regressão múltipla *backward*, aplicado em todos os marcadores e ambientes. No segundo estágio, a

probabilidade de um suposto QTL foi acessada de cada localização no mapa, como em IM, mas os marcadores pré selecionados foram usados como co-fatores, exceto para os marcadores flanqueadores do intervalo em estudo. Com o método MQM os autores encontraram evidência de 12 QTL's, quatro deles apresentando interação QTL's x ambientes.

Schön et al. (1994) mapearam e caracterizaram QTL's relacionados ao desempenho de dois *topcrosses* em milho, e discutiram a eficiência destes QTL's através dos diferentes ambientes e testadores. Os objetivos do trabalho foram: (1) estimar o número de QTL's com efeitos genéticos significativos envolvidos na expressão da característica, (2) determinar a magnitude de seus efeitos genéticos, (3) determinar a consistência dos QTL's para um dado testador através dos ambientes e (4) julgar a consistência dos QTL's através dos testadores. As características avaliadas foram o conteúdo de proteína, o peso das sementes e a altura das plantas. Os autores encontraram boa concordância dos QTL's detectados através dos ambientes nos dois *topcrosses* envolvidos. Quanto aos testadores, verificaram resultados altamente consistentes para o peso de sementes e a altura de plantas, o que não ocorreu para o conteúdo de proteína.

Lee et al. (1996) avaliaram uma população de soja por marcadores RFLP com o objetivo de: (1) identificar QTL's relacionados à altura da planta, tombamento e ciclo e (2) examinar a consistência da detecção dos QTL's em diferentes ambientes. Pela análise de variância, 11 marcadores relacionados à altura de planta e oito relacionados ao tombamento explicaram a maior parte da variabilidade genética dessas características em análises combinadas dos locais. Dos 11 marcadores relacionados à altura da planta e dos oito relacionados ao tombamento, apenas dois para altura de planta e um para o tombamento foram detectados em todos os locais, indicando a inconsistência dos QTL's através dos ambientes. Para o ciclo reprodutivo, os QTL's encontrados nos diferentes ambientes foram coincidentes. Dos cinco marcadores que explicavam a característica no conjunto dos três locais, quatro estavam presentes em todos os locais. Os resultados

desse trabalho indicaram que o nível de consistência dos QTL's através dos ambientes é dependente da característica avaliada.

Segundo Veldboom & Lee (1996) estudos sobre o mapeamento de QTL's conduzidos em diferentes ambientes podem levar à identificação de genes associados a condições de estresse, além de ajudar na compreensão de alguns tipos de interação genótipos x ambientes. Assim, conduziram um trabalho com o objetivo de investigar a ocorrência de QTL's relacionados ao florescimento e à altura das plantas em dois ambientes distintos e verificar a relação genética entre os QTL's e as características correlacionadas. Os resultados obtidos sugerem que os QTL's detectados tanto em condições de estresse como na ausência de estresse apresentam efeitos relativamente consistentes em relação à contribuição dos genitores e a localização no genoma. Tanto para a produtividade de grãos quanto para as características morfológicas, cerca de 50% dos QTL's foram detectados nos dois ambientes. Os QTL's de efeito pronunciado num ambiente nem sempre foram detectados no outro ambiente, o que indica que a magnitude do efeito de um QTL não significa necessariamente sua consistência ao longo dos ambientes.

Para que as associações marcador - QTL sejam úteis no melhoramento de plantas, elas precisam ser consistentes ao longo das populações dentro de um grupo heterótico e ao longo das linhagens de diferente *background* genético usadas como testadores (Kerns et al., 1999). Os autores afirmam que a identificação de QTL's é afetada por fatores como: 1) geração avaliada, 2) magnitude das diferenças entre os alelos, 3) precisão dos dados e 4) número de indivíduos na população usada no mapeamento. Quanto maior o efeito e quanto menor o desvio padrão do erro, maior é a probabilidade de detecção dos QTL's (Dudley, 1992, citado pelos autores). Os efeitos dos alelos considerados como favoráveis nesse estudo eram relativos a características agrônomicas de milho, e foram testados quanto à sua significância no nível de $P < 0,05$. Os autores concluíram que, dentro dos *topcrosses*, a detecção de QTL's significativos é

função da variância genética gerada pelo cruzamento e da interação com os alelos dos testadores no QTL. Os resultados dos *topcrosses* apoiaram esta conclusão, pois o cruzamento oriundo do testador ISSS identificou mais marcadores significativos, mais regiões com associações marcador-QTL significativas e mais variação na análise de regressão múltipla do que o cruzamento com o testador Lancaster.

Ma & Sorrells (1995) utilizaram RFLP's para estudar a restauração da fertilidade conferida pelos genes *Rf* em linhagens de trigo R113 e Primepi. Os autores concluíram que RFLP's são uma forma sensível de se identificar genes relacionados com a restauração da fertilidade, por não apresentarem os efeitos de confusão dos aneuplóides, que complica a análise dos monossômicos. Também não necessitam da classificação dos dados fenotípicos, geralmente arbitrários, o que previne a detecção de genes de efeito pequeno. Numa população grande, com boa cobertura do genoma pelos marcadores moleculares e o uso de repetições para os dados fenotípicos, pode-se obter informações completas e precisas sobre esses genes.

Há várias formas de se testar a significância relacionada a locos marcadores, e uma delas é a aplicação de um teste estatístico como o teste t, por exemplo, em cada loco. A desvantagem dessa abordagem está em não considerar os efeitos de sobreposição das sondas. Assim, sondas similares, marcando um mesmo segmento ou boa parte dele, podem ser identificadas como significativas simultaneamente, sem considerar que se trata da mesma região cromossômica. Outro ponto negativo das comparações independentes é o aparecimento de falsos positivos, ou a probabilidade de um loco ser detectado como significativo por acaso, que está associado com o nível de significância utilizado. Assim, métodos de abordagem múltipla dos locos são mais recomendados para a seleção das sondas.

Para Falconer & Mackay (1996) detectar QTL's ligados a um único marcador através da frequência de recombinação entre marcador e QTL pode levar a

valores genotípicos subestimados. A confusão das estimativas dos efeitos aditivos e de dominância de um QTL ligado a um único marcador pode ser resolvida quando se consideram pares de marcadores ligados ao QTL, o que é chamado de mapeamento por intervalo ou *interval mapping*. Esse método é comumente citado nos trabalhos de diversos autores, além de ser utilizado em aplicativos próprios para o mapeamento de QTL's.

Matioli¹ afirma que o método de verossimilhança é mais adequado à identificação de marcadores associados a QTL's do que testes independentes, pois utiliza informações de todos os locos em conjunto, aumentando o poder de análise. Porém o autor destaca que a eficiência do método depende do tamanho da amostra, da quantidade de marcadores e da sua distribuição ao longo do genoma.

Outra forma de se conseguir uma abordagem múltipla dos locos é através de análise de regressão. Moreau et al. (1999) cita o uso do procedimento *stepwise* na seleção de marcadores de efeito significativo. Como os autores trabalharam com experimentos em vários ambientes, aplicaram o procedimento *stepwise* em cada local separadamente, e os marcadores selecionados nesta primeira etapa foram submetidos simultaneamente a uma nova regressão *stepwise* para avaliação do conjunto. Os marcadores retidos no nível de significância de 5% foram os escolhidos para participar do modelo e explicar a característica. Também Kerns et al. (1999) utilizaram o procedimento *stepwise* na detecção de marcadores relacionados com a expressão de várias características agronômicas de milho. Os autores trabalharam com os limites $P < 0,10$ para entrada e permanência no modelo, e o coeficiente R^2 da regressão foi utilizado como medida da variação explicada pelos marcadores.

¹ MATIOLI, S. R. (Instituto de Ciências Biológicas, Universidade de São Paulo, SP). Anotações de curso, 1999.

Na seleção das sondas, o nível de significância estatística utilizado pelos autores varia conforme o trabalho e conforme a característica. Assim, Godshalk et al. (1990) utilizaram diferentes níveis de significância para as características avaliadas, sendo 0,01% de probabilidade para a umidade do grão, acamamento e altura de espiga, e 1% de probabilidade para a produtividade de grãos. Dentre as sondas utilizadas, 12 estavam associadas à produtividade de grãos, 16 controlavam a umidade dos grãos, 14 associadas à altura de espiga e finalmente 32 sondas associadas ao acamamento.

Quando se tem um grande número de locos marcadores, e um teste de significância estatística é aplicado em cada loco, certos efeitos declarados como significativos podem não o ser, o que é chamado de falsos positivos ou erro Tipo I. Assim, ao se usar o nível de significância 0,05 numa amostra com 100 marcadores, onde para cada marcador foi realizado um teste, cinco testes dentre os 100 poderão se mostrar significativos sem que haja associação real entre o loco marcador e o QTL. Como o número de marcadores utilizados geralmente é grande, um número apreciável de erros Tipo I é esperado. Lander & Botstein (1989, citados por Dudley, 1993) sugerem o uso do nível de significância equivalente a 0,001 com o intuito de reduzir o número de falsos positivos. Porém, ao se diminuir a probabilidade de ocorrência de erro Tipo I, aumenta-se a probabilidade de aparecimento de erro Tipo II, que é a aceitação da hipótese de nulidade sendo ela falsa. Assim, autores como Bubeck et al. (1993) preferem usar o nível 0,05 de probabilidade.

Estudando caracteres agronômicos em abóboras, Kennard & Havey (1995) admitem que falsos positivos podem ocorrer no nível de significância $P < 0,05$, e sugerem que se confirme a detecção QTL's encontrados em gerações posteriores, como retrocruzamentos. Na seleção e descarte de QTL's significativos, os autores compararam o uso do programa Mapmaker com o procedimento de regressão múltipla *backward*. Ambos os métodos levaram a resultados semelhantes, sendo que o programa Mapmaker detectou associações mais significativas (maior poder de resolução).

3. MATERIAL E MÉTODOS

Os dados utilizados neste estudo foram gerados pelo departamento de pesquisa e desenvolvimento da empresa Garst Seeds, componente do grupo Zeneca, com base em Slater, Iowa, EUA, no ano agrícola de 1996.

3. 1. Material

Inicialmente, foi produzido um sintético através do cruzamento de duas linhagens endogâmicas pertencentes ao grupo ISSS, gerando os indivíduos da geração F_1 , que foram cruzados para originar a geração F_2 . Da geração F_2 obtida deste cruzamento, extraíram-se plantas que foram autofecundadas gerando as progênes S_1 . Essas progênes S_1 foram autofecundadas sem controle genealógico e geraram as 68 progênes S_2 utilizadas neste estudo.

As progênes S_2 foram avaliadas em *topcrosses* representando o genitor feminino. Como testador, ou genitor masculino, utilizou-se uma linhagem endogâmica pertencente ao grupo heterótico Lancaster. Os experimentos ainda continham híbridos simples comerciais da empresa Garst Seeds como testemunhas ou tratamentos comuns.

Cada genitor feminino dos *topcrosses* foi genotipado por RFLP's, e para isso amostras de DNA foram coletadas das plântulas de milho no estágio de duas folhas.

3. 2. Métodos

A metodologia adotada pode ser separada em biométrica e molecular, conforme segue.

3. 2. 1. Métodos biométricos

Neste trabalho, foram utilizados experimentos conduzidos em diferentes ambientes para a avaliação da produtividade de grãos das progênes. Os resultados coletados nos experimentos foram usados na obtenção das médias ajustadas das progênes, na detecção das marcas significativas bem como na determinação das variância genética atribuída aos marcadores.

3. 2. 1. 1. Delineamento experimental

No ano agrícola de 1996, as 68 progênes em *topcrosses* foram avaliadas em quatro locais diferentes, que se concentraram no estado de Iowa, EUA, na região caracterizada como *Corn Belt* americano.

O delineamento experimental utilizado foi em blocos incompletos com testemunhas comuns, como sugerido por Gomes (1990), por possibilitar a comparação entre progênes presentes nos diferentes blocos. Cada bloco conteve tratamentos regulares (cruzamentos entre as progênes S_2 e o testador) e tratamentos comuns ou testemunhas (híbridos simples comerciais da empresa Garst Seeds). Cada experimento

contou com duas repetições e três blocos incompletos com oito testemunhas cada um. O número de progênies presentes nos blocos foi de 30, 20 e 18, para os blocos um, dois e três, respectivamente. As testemunhas, presentes em todos os blocos, possibilitaram o ajuste das médias das progênies.

A característica medida nos experimentos e utilizada neste trabalho foi a produtividade de grãos, mensurada em kg/ha. Outras características agronômicas foram medidas, mas estas serão consideradas em trabalhos posteriores. A densidade de plantio utilizada foi de 24.000 plantas por acre, o que corresponde a 59.304 plantas por hectare, de acordo com os padrões da empresa Garst Seeds.

As análises de variância, segundo o delineamento em blocos incompletos, foram executadas com o programa SAS (SAS Institute, 1999), com os valores de produtividade de grãos coletados em cada um dos quatro locais. Dessa forma foram obtidas as médias ajustadas das progênies para cada local e para a análise conjunta. Estas médias foram utilizadas posteriormente nos procedimentos de análise genética.

3. 2. 1. 2. Determinação dos alelos favoráveis associados às marcas

Os alelos favoráveis associados às marcas foram identificados em cada loco marcador separadamente, considerando todas as progênies avaliadas. Inicialmente foi preciso definir a média de produtividade de grãos, em kg/ha, das progênies que apresentavam o mesmo genótipo. Apenas os indivíduos homozigóticos foram considerados nestes cálculos, feitos com os dados da genotipagem e com as médias ajustadas das progênies. Como os experimentos foram instalados em quatro locais diferentes, as médias dos homozigotos foram calculadas para cada local e também para a análise conjunta.

Definida a média em kg/ha dos indivíduos homozigóticos para as marcas RFLP, passou-se à identificação dos homozigotos favoráveis. Para isso, foi feito um contraste entre as médias dos homozigotos, conforme a definição de Falconer & Mackay (1996). Considerando o loco A, com dois alelos marcadores A₁ e A₂, e adotando a convenção A₁ para o alelo associado a genes que aumentam o valor da característica, o desvio genotípico é representado por:

$$"a" = \frac{\left(\bar{Y}_{A_1A_1} - \bar{Y}_{A_2A_2} \right)}{2}$$

sendo,

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

$\bar{Y}_{A_1A_1}$ = média dos indivíduos com o genótipo marcador A₁A₁, e

$\bar{Y}_{A_2A_2}$ = média dos indivíduos com o genótipo marcador A₂A₂.

Quando o homozigoto contrastado apresentou um valor "a" positivo, foi considerado favorável. Em caso de valor "a" negativo, o homozigoto foi classificado como desfavorável. Uma vez definidos quais eram os homozigotos favoráveis e desfavoráveis, os locos foram codificados para as análises de regressão posteriores. Ao homozigoto favorável atribuiu-se o valor 1, e o homozigoto desfavorável recebeu o valor -1. Quando o genótipo apresentava apenas uma cópia do alelo favorável recebeu o valor 0. Nas tabelas 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14 e 15 do apêndice podem ser observados os dados referentes à codificação dos genótipos das plantas-mãe das linhagens, para as

sondas utilizadas nos cromossomos 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9 e 10, respectivamente. A tabela 16 do apêndice mostra os dados referentes às sondas 154 a 157.

O cálculo dos valores genotípicos, conforme demonstrado acima, só seria possível em locos contendo apenas dois alelos, o que ocorreu na maioria das 157 sondas utilizadas. Nestes locos, considerou-se alelo favorável aquele cujo homozigoto apresentava um valor "*a*" positivo. Porém, cerca de 30% dos locos apresentavam alelos múltiplos, havendo desta forma mais de duas classes de homozigotos. Neste caso, o homozigoto que apresentou um valor maior em kg/ha foi considerado como favorável, e recebeu o valor 1. Quando apenas uma cópia de seus alelos estava presente num indivíduo, este foi considerado heterozigoto para o alelo favorável e recebeu o valor 0. Os indivíduos que não apresentaram nenhuma cópia do alelo favorável receberam valor -1.

Esse procedimento foi realizado para todos os 157 locos marcadores utilizados neste estudo, e repetido para cada um dos quatro locais e para a análise conjunta. Com a codificação loco a loco das progênes e as médias ajustadas de produtividade de grãos, foram feitas as análises de regressão para a determinação das sondas significativas e dos valores genotípicos associados às sondas, como será visto no próximo item.

3. 2. 1. 3. Detecção das marcas com efeitos significativos

Após a definição dos alelos favoráveis associados às marcas e a codificação das progênes em cada loco, foi possível identificar quais marcadores apresentavam efeito significativo para a característica produtividade de grãos, através de análises de regressão executadas pelo programa SAS (SAS Institute, 1999), conforme segue.

Primeiramente, as marcas foram submetidas ao procedimento de regressão múltipla *stepwise* para cada cromossomo separadamente, que identificou as marcas significativas dentro dos níveis de significância $P < 0,10$ e $P < 0,15$, para entrada e permanência no grupo, respectivamente. O segundo passo foi executar uma análise de regressão múltipla reunindo todos os cromossomos, com as marcas selecionadas pelo *stepwise*; aquelas que apresentaram efeitos significativos neste modelo foram utilizadas nos cálculos posteriores. A análise de regressão múltipla forneceu os coeficientes parciais de regressão b_j e o coeficiente de determinação R^2 , utilizado como medida da proporção da soma de quadrados entre *topcrosses* explicada pelos marcadores utilizados. A detecção das marcas significativas foi feita nos quatro locais separadamente e na análise conjunta.

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

$$Y_i = \mu + b_1 X_{i1} + b_2 X_{i2} + \dots + b_j X_{ij} + \dots + b_m X_{im} + \bar{d}_i, \text{ em que}$$

Y_i é a média ajustada da produtividade de grãos da progênie (*topcross*) i ($i = 1, 2, \dots, n$).

μ é o intercepto.

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

X_{ij} é uma variável matemática indicativa do estado genotípico da progênie i , no loco marcador j , valendo 1, 0 ou -1. Como já mencionado, X_{ij} valerá 1 se a progênie for homozigótica na marca j e tiver QTL's favoráveis associados a essa condição; será -1

para os homozigotos com QTL's desfavoráveis associados e será 0 se a progênie for homozigótica nesse loco marcador j .

$\bar{d}_i$ é um desvio em relação ao modelo e engloba o erro experimental médio ocorrido na observação Y_i bem como qualquer insuficiência paramétrica do modelo.

Observa-se, nesse modelo, que os coeficientes b_j são equivalentes a efeitos aditivos, ou seja, efeitos aditivos associados às marcas. No caso, por exemplo, de um só QTL (Q, q) ligado à marca $M (M_1, M_2)$ em que os efeitos genotípicos são dados por:

$QQ: \mu + a$; $Qq: \mu + d$; $qq: \mu - a$, e a fração de recombinação entre Q e M é c , tem-se que $b = a(1 - 2c)$, se as frequências alélicas forem 0,5. Percebe-se que, nestas condições, há correspondência entre b e o desvio genotípico " a ", mostrado anteriormente.

3. 2. 1. 4. Determinação da variância genética atribuída aos marcadores

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

$$\hat{p} = \frac{\hat{\sigma}_m^2}{\hat{\sigma}_g^2} = \frac{\hat{\sigma}_m^2}{\hat{\sigma}_m^2 + \hat{\sigma}_h^2}$$

em que,

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

$\hat{\sigma}_g^2$ = variância genética entre as progênies;

$\hat{\sigma}_m^2$ = variância genética explicada pelos marcadores;

$\hat{\sigma}_h^2$ = variância genética não explicada pelos marcadores;

Na tabela 1 são apresentadas as esperanças dos quadrados médios utilizadas no cálculo de $\hat{p}$ para cada local. O coeficiente de determinação calculado corresponde a $R^2 = SQ_{regressão} / SQ_{total \text{ entre progênies}}$.

Tabela 1: Esquema da análise de variância e esperanças dos quadrados médios. Análise por local.

FV	GL	E(QM)
progênies	(t - 1)	$\sigma^2 + r(\sigma_h^2 + \sigma_m^2)$
regressão	k	$\sigma^2 + r\sigma_h^2 + \left[\frac{r(t-1)}{k} \right] \sigma_m^2$
desvios	(t - k - 1)	$\sigma^2 + r\sigma_h^2$
erro	t(r - 1)	σ^2
total	tr - 1	

t = número de progênies

k = número de marcadores

r = número de repetições

Para realizar a análise conjunta sobre locais, isolando-se os efeitos de regressão (marcas) e desvios, foi feita uma adaptação proposta por Silva¹ do método de análise mostrado por Bearzoti & Vencovsky (1998), tratando-se de pesquisa ainda em desenvolvimento.

3. 2. 2. Métodos moleculares

Para maior clareza, os métodos moleculares foram subdivididos em dois itens, conforme dado a seguir.

3. 2. 2. 1. Genotipagem das plantas-mãe das linhagens

Os procedimentos de laboratório foram realizados pelo departamento de pesquisas e desenvolvimento da empresa Garst Seeds, com base em Slater, Iowa, EUA, utilizando o protocolo GENTRA, patenteado pela empresa. Esse protocolo permite a obtenção de *mini-DNA preps* a partir de plântulas de milho no estágio de duas folhas, oferecendo ao laboratório uma capacidade de obtenção de 800-1000 amostras de plantas individuais por dia.

A genotipagem de RFLP's foi realizada para cada genitor feminino dos *topcrosses*. Para a combinação sonda - enzima, usaram-se as enzimas de restrição Eco RI e Hind III. As análises de eletroforese foram realizadas em gel de agarose a 1%, em instrumentação Pharmacia, a 85 V por duas horas, e os *southern blots* feitos imediatamente a seguir, em equipamento Pharmacia, transferindo-se o DNA para membranas Hvbond-N. As sondas foram preparadas com marcação radioativa (P_{32}). A fixação do DNA nas membranas, pré-hibridação, hibridação com as sondas marcadas e

¹SILVA, H. D. (Universidade Federal de Uberlândia, MG). Variância genética explicada por marcadores moleculares em análises conjuntas. (Em elaboração)

revelação foram realizadas segundo os procedimentos propostos em Current Protocols in Molecular Biology (Harvard Medical School, 1994). A genotipagem foi realizada manualmente, atribuindo-se códigos de letras ao polimorfismo de RFLP's detectado. Os dados foram então transferidos a uma base de dados para que se executassem os cálculos relativos à análise genética.

3. 2. 2. 2. Distribuição das marcas pelo genoma

Neste trabalho foram utilizadas 157 marcas RFLP, distribuídas pelos dez cromossomos do milho. O número de marcadores utilizados por cromossomo, bem como o número de regiões cromossômicas investigadas podem ser observados na tabela 2. A coluna referente à média em centiMorgans foi calculada dividindo-se o comprimento do cromossomo, em *cM*, pelo número de intervalos produzidos pelas sondas no mesmo cromossomo, considerando-se suas extremidades. Notam-se cinco sondas extras, que detectaram polimorfismo, mas cujo o grupo de ligação não havia sido determinado.

Tabela 2: Número de sondas RFLP utilizadas por cromossomo e número de intervalos abrangidos do genoma de milho.

Cromossomos	Número de sondas	Número de intervalos	Média (<i>cM</i>)
1	22	17	16,70
2	15	13	15,68
3	22	16	11,31
4	16	7	28,61
5	21	19	11,57
6	13	12	13,26
7	11	11	16,32
8	10	9	19,03
9	17	13	11,12
10	6	7	20,04
Extras	4	-	-

Média (*cM*): valor obtido através da divisão do comprimento do cromossomo (em *cM*) pelo número de intervalos produzidos pelas marcas utilizadas no mesmo cromossomo.

Nas tabelas 3 a 12 pode ser observada a distribuição das 152 sondas utilizadas nos dez cromossomos do milho, bem como a distância em *cM* entre os

marcadores. Os cinco segmentos extras que não correspondiam a nenhum dos cromossomos, representados pelas sondas 154 a 157, não foram apresentados nas tabelas.

Tabela 3: Distribuição das marcas RFLP e distância em *cM* entre elas no cromossomo 1 do milho.

<i>Regiões cobertas</i>	<i>Sondas utilizadas</i>	<i>Distância entre marcas</i>	<i>Distância acumulada</i>
início		0	0
1	S1	46.5	46.5
2	S2 / S3	24.0	70.5
3	S4	37.6	108.1
4	S5	8.5	117.0
5	S6 / S7	5.2	122.2
6	S8	3.6	125.8
7	S9 / S10	35.9	161.7
8	S11	15.2	176.9
9	S12	0.6	177.5
10	S13 / S14 / S15	4.6	182.1
11	S16 / S17	1.2	183.3
12	S18	39.9	223.2
13	S19	3.7	226.9
14	S20	3.8	230.7
15	S21	5.5	236.2
16	S22	30.5	266.7
fim		17.2	283.9

Tabela 4: Distribuição das marcas RFLP e distância em *cM* entre elas no cromossomo 2 do milho.

<i>Regiões cobertas</i>	<i>Sondas utilizadas</i>	<i>Distância entre marcas</i>	<i>Distância acumulada</i>
início		0	0
1	S23 / S24	23.3	23.3
2	S25	24.3	47.6
3	S26	15.1	62.7
4	S27	2.7	65.4
5	S28	1.3	66.7
6	S30 / S31	16.3	83.0
7	S29	13.4	96.4
8	S32	2.9	99.3
9	S33 / S34	3.2	102.5
10	S35	8.7	111.2
11	S36	10.7	121.9
12	S37	27.7	149.6
fim		54.3	203.9

Tabela 5: Distribuição das marcas RFLP e distância em *cM* entre elas no cromossomo 3 do milho.

<i>Regiões cobertas</i>	<i>Sondas utilizadas</i>	<i>Distância entre marcas</i>	<i>Distância acumulada</i>
início		0	0
1	S38	4,7	4,7
2	S39	14,9	19,6
3	S40	27,0	46,6
4	S41	11,0	57,6
5	S42 / S43 / S44 / S45 / S46	1,8	59,4
6	S47	6,6	66,0
7	S48	0,6	66,6
8	S50	11,8	78,4
9	S49	7,3	85,7
10	S51	18,7	104,4
11	S52	28,2	132,6
12	S53	12,1	144,7
13	S54	3,7	148,4
14	S55 / S56 / S57	21,0	169,4
15	S58 / S59	4,1	173,5
fim		7,4	180,9

Tabela 6: Distribuição das marcas RFLP e distância em *cM* entre elas no cromossomo 4 do milho.

<i>Regiões cobertas</i>	<i>Sondas utilizadas</i>	<i>Distância entre marcas</i>	<i>Distância acumulada</i>
início		0	0
1	S60 / S61 / S62 / S63	48,9	48,9
2	S64 / S65 / S66 / S67	49,2	98,1
3	S68 / S69 / S70 / S71	22,3	120,4
4	S72	35,7	156,1
5	S73 / S74	4,2	161,1
6	S75	34,4	195,5
fim		4,8	200,3

Tabela 7: Distribuição das marcas RFLP e distância em *cM* entre elas no cromossomo 5 do milho.

<i>Regiões cobertas</i>	<i>Sondas utilizadas</i>	<i>Distância entre marcas</i>	<i>Distância acumulada</i>
início		0	0
1	S76	12,4	12,4
2	S77	39,6	52,0
3	S78	2,9	54,9
4	S79	30,7	85,6
5	S80	4,1	89,7
6	S81 / S82	7,1	96,8
7	S83	6,4	103,2
8	S84	11,3	114,5
9	S85 / S86	7,0	121,5
10	S87	10,0	131,5
11	S88	9,2	140,7
12	S89	6,2	146,9
13	S90	4,2	151,1
14	S91	1,8	152,9
15	S92	18,7	171,6
16	S93 / S94	12,3	183,9
17	S95	13,3	197,2
18	S96	7,7	204,9
fim		14,9	219,8

Tabela 8: Distribuição das marcas RFLP e distância em *cM* entre elas no cromossomo 6 do milho.

<i>Regiões cobertas</i>	<i>Sondas utilizadas</i>	<i>Distância entre marcas</i>	<i>Distância acumulada</i>
início		0	0
1	S97	6,9	6,9
2	S98	20,1	27,0
3	S99	12,7	39,7
4	S100	16,9	56,6
5	S101 / S102	2,5	59,1
6	S103 / S104	29,3	88,4
7	S105	4,2	92,6
8	S106	18,7	111,3
9	S107	18,1	129,4
10	S108	12,7	142,1
11	S109	4,9	147,0
fim		12,1	159,1

Tabela 9: Distribuição das marcas RFLP e distância em *cM* entre elas no cromossomo 7 do milho.

<i>Regiões cobertas</i>	<i>Sondas utilizadas</i>	<i>Distância entre marcas</i>	<i>Distância acumulada</i>
início		0	0
1	S110	49,1	49,1
2	S111	13,0	62,1
3	S112	10,5	72,6
4	S113 / S114	16,2	88,8
5	S115	9,5	98,3
6	S116	2,6	100,9
7	S117	9,7	110,6
8	S118	10,5	121,1
9	S119	36,2	157,3
10	S120	12,0	169,3
fim		10,2	179,5

Tabela 10: Distribuição das marcas RFLP e distância em *cM* entre elas no cromossomo 8 do milho.

<i>Regiões cobertas</i>	<i>Sondas utilizadas</i>	<i>Distância entre marcas</i>	<i>Distância acumulada</i>
início		0	0
1	S121	0	0
2	S122	36,1	36,1
3	S123	21,9	58,0
4	S124	5,4	63,4
5	S125	40,9	105,9
6	S126	33,7	139,6
7	S127 / S128	22,3	161,9
8	S129 / S130	5,4	167,3
fim		4,0	171,3

Tabela 11: Distribuição das marcas RFLP e distância em cM entre elas no cromossomo 9 do milho.

<i>Regiões cobertas</i>	<i>Sondas utilizadas</i>	<i>Distância entre marcas</i>	<i>Distância acumulada</i>
início		0	0
1	S131	16,4	16,4
2	S132 / S133	11,5	27,9
3	S134	7,3	35,2
4	S135	8,7	43,9
5	S136 / S137	11,4	55,3
6	S138	9,0	64,3
7	S139 / S140	4,0	68,3
8	S141	8,4	76,7
9	S142	14,7	91,4
10	S143	2,5	93,9
11	S144	16,0	109,9
12	S145 / S146 / S147	1,3	111,2
fim		33,4	144,6

Tabela 12: Distribuição das marcas RFLP e distância em cM entre elas no cromossomo 10 do milho.

<i>Regiões cobertas</i>	<i>Sondas utilizadas</i>	<i>Distância entre marcas</i>	<i>Distância acumulada</i>
início		0	0
1	S147	55,3	55,3
2	S148	19,8	75,1
3	S149	9,4	84,5
4	S150	9,1	93,6
5	S151	3,5	97,1
6	S152	29,0	126,1
fim		14,2	140,3

4. RESULTADOS E DISCUSSÃO

4. 1. Análises básicas

As médias ajustadas das progênies obtidas para cada local e para o conjunto dos locais podem ser vistas na tabela 4 do apêndice. A análise da variância para cada um dos locais pode ser observada nas tabelas 13, 14, 15 e 16. A tabela 17 apresenta a análise da variância para o conjunto dos locais.

Tabela 13: Análise da variância da produtividade de grãos (kg/ha). *Topcrosses* e testemunhas de milho. Local 1, Iowa, EUA, 1996.

<i>FV</i>	<i>GL</i>	<i>QM</i>	<i>F</i>
<i>Repetições</i>	1	187.170,78	0,30
<i>Repetições / blocos</i>	4	5.273.631,62	8,53 **
<i>[tratamentos]</i>	[75]	[1.191.815,19]	[1,93**]
<i>Progênies aj.</i>	67	1.091.056,60	1,76 **
<i>Marcas(regressão)</i>	14	1.518.808,16	1,55
<i>Desvios</i>	53	978.065,63	1,58*
<i>Testemunhas</i>	7	1.714.838,95	2,77 *
<i>progênies vs. testemunhas</i>	1	4.281.474,24	6,93 **
<i>Resíduo</i>	101	618.213,69	
<i>total</i>	181		
<i>CV</i>	7,8		
<i>média</i>	10.073,5		

Tabela 14: Análise da variância da produtividade de grãos (kg/ha). *Topcrosses* e testemunhas de milho. Local 2, Iowa, EUA, 1996.

<i>FV</i>	<i>GL</i>	<i>QM</i>	<i>F</i>
<i>Repetições</i>	1	17.199,48	0,02
<i>Repetições / blocos</i> <i>[tratamentos]</i>	4 [75]	30.357.503,64 [1.967.833,24]	34,10 ** [2,21**]
<i>Progênes aj.</i>	67	1.687.972,17	1,90 **
<i>marcas (regressão)</i>	11	4.732.470,70	4,34 **
<i>Desvios</i>	56	1.089.945,67	1,22
<i>Testemunhas</i>	7	1.731.097,05	1,94
<i>progênes vs. testemunhas</i>	1	22.375.678,19	25,13 **
<i>Resíduo</i>	88	890.369,62	
<i>total</i>	168		
<i>CV</i>	10,6		
<i>média</i>	8.927,8		

Tabela 15: Análise da variância da produtividade de grãos (kg/ha). *Topcrosses* e testemunhas de milho. Local 3, Iowa, EUA, 1996.

<i>FV</i>	<i>GL</i>	<i>QM</i>	<i>F</i>
<i>Repetições</i>	1	1.234.638,51	2,41
<i>Repetições / blocos</i> <i>[tratamentos]</i>	4 [75]	5.785.939,31 [1.956.878,68]	11,27 ** [3,81**]
<i>Progênes aj.</i>	67	991.085,15	1,93 **
<i>marcas (regressão)</i>	14	3.677.208,88	13,06 **
<i>Desvios</i>	53	281.543,02	0,54
<i>Testemunhas</i>	7	3.809.301,08	7,42 **
<i>progênes vs. testemunhas</i>	1	53.698.088,25	104,63 **
<i>Resíduo</i>	74	513.196,39	
<i>total</i>	154		
<i>CV</i>	7,8		
<i>média</i>	9.142,3		

Tabela 16: Análise da variância da produtividade de grãos (kg/ha). *Topcrosses* e testemunhas de milho. Local 4, Iowa, EUA, 1996.

<i>FV</i>	<i>GL</i>	<i>QM</i>	<i>F</i>
<i>repetições</i>	1	741.391,68	1,47
<i>repetições / blocos</i>	4	1.391.311,27	2,76*
<i>[tratamentos]</i>	[75]	[770.620,94]	[1,53*]
<i>progênes aj.</i>	67	710.371,68	1,41
<i>marcas (regressão)</i>	16	1.572.093,80	5,19**
<i>desvios</i>	51	440.027,49	0,87
<i>testemunhas</i>	7	839.008,72	1,66
<i>progênes vs. testemunhas</i>	1	4.328.606,76	8,58**
<i>resíduo</i>	95	504.602,72	
<i>total</i>	175		
<i>CV</i>	8,2		
<i>média</i>	8.720,2		

Tabela 17: Análise conjunta da variância da produtividade de grãos (kg/ha). *Topcrosses* e testemunhas de milho. Quatro locais, Iowa, EUA, 1996.

<i>FV</i>	<i>GL</i>	<i>QM</i>	<i>F</i>
<i>locais</i>	3	63.953.769,67	66,93**
<i>repetições / locais</i>	4	545.100,11	-
<i>blocos / repetições / locais</i>	16	10.702.096,46	-
<i>[tratamentos]</i>	[75]	[3.033.829,45]	[3,20**]
<i>[tratamentos x locais]</i>	[225]	[951.106,20]	[1,50**]
<i>progênes aj.</i>	67	1.872.262,06	2,19**
<i>marcas (regressão)</i>	18	4.380.854,08	4,60**
<i>desvios</i>	49	950.738,46	1,11
<i>testemunhas</i>	7	4.894.455,90	4,83**
<i>progênes vs. testemunhas</i>	1	67.834.459,50	9,55**
<i>progênes x locais</i>	201	852.907,07	1,35*
<i>testemunhas x locais</i>	21	1.012.500,64	1,60*
<i>(progênes vs. testemunhas) x locais</i>	3	7.100.686,81	11,21**
<i>resíduo</i>	358	633.256,71	
<i>total</i>	681		
<i>CV</i>	8,6		
<i>média</i>	9.228,7		

Verificando os valores dos coeficientes de variação (CV) nas tabelas 13 a 17, nota-se que a precisão dos experimentos foi muito boa. A produtividade também foi elevada, variando de 8.720,2 a 10.073,5 kg/ha nos quatro locais, o que reflete condições favoráveis para o desenvolvimento das plantas. Em três dos locais detectou-se significância dos efeitos de progênies, pelo teste F; apenas no local quatro essa significância não foi alcançada, provavelmente devido à interação do tipo genótipos x ambientes. Na análise conjunta (tabela 17) é preciso ressaltar a significância dos efeitos gerais de progênies bem como a interação progênies x locais.

Tais resultados indicam boa qualidade dos resultados para as finalidades desta pesquisa. A significância da fonte de variação progênies x locais, por sua vez, é um alerta para a possibilidade de se obter resultados não totalmente concordantes de um local para outro, nas análises genéticas subsequentes.

4. 2. Cobertura do genoma pelas marcas utilizadas

Para que a seleção assistida por marcadores seja eficaz, é imprescindível a boa cobertura do genoma pelas marcas utilizadas. Além da necessidade de um grande número de sondas, é importante também que elas estejam bem distribuídas entre e dentro de todos os cromossomos, caso contrário não haverá a inspeção de todas as regiões que possam estar envolvidas na manifestação do caráter.

Conforme já mencionado, no presente trabalho a distância entre sondas variou de 11,12 a 28,61 cM nos dez cromossomos do milho, com média de 15,30 cM para todos os cromossomos. Segundo Falconer & MacKay (1996), um espaçamento de aproximadamente 20 cM entre os marcadores é suficiente para uma boa cobertura do genoma tendo em vista a seleção de QTL's em programas de melhoramento. Observa-se que essa distância mínima foi de forma geral respeitada nos cromossomos, com exceção

no cromossomo 4, cujo valor médio de cobertura foi de 28,61 cM. Outro ponto importante diz respeito ao valor do intervalo de posicionamento entre sondas nos cromossomos. Verificou-se que em alguns casos a distância entre os intervalos foi maior que 20 cM, enquanto em outros essa distância foi bem menor. Ocorreu também o posicionamento de várias sondas num mesmo ponto do cromossomo. É importante que se evite a saturação de regiões cromossômicas em detrimento de outras, pois todos os pontos devem ser investigados quanto à sua participação na manifestação do caráter, para que a seleção assistida possa apresentar vantagens em relação à seleção convencional.

4. 3. Detecção das marcas de efeito significativo

As sondas selecionadas pelo procedimento *stepwise* em cada cromossomo podem ser vistas nas tabelas 18, 19, 20, 21 e 22, para os locais 1, 2, 3, 4 e para a média dos locais, respectivamente.

Tabela 18: Detecção de marcas significativas por cromossomo. Produtividade de grãos de milho (kg/ha). Local 1, Iowa, EUA. 1996.

Cromossomos	Marcas selecionadas	Valor genotípico da marca associada à produtividade de grãos (kg/ha)
1	S4	255,07
1	S11	-563,40
1	S14	779,78
2	S24	304,09
2	S27	204,76
2	S34	178,26
4	S69	200,71
5	S95	148,14
6	S109	-27,07
7	S112	223,61
7	S119	215,40
7	S120	214,49
8	S132	95,33
10	S150	113,61

Tabela 19: Detecção de marcas significativas por cromossomo. Produtividade de grãos de milho (kg/ha). Local 2, Iowa, EUA. 1996.

Cromossomos	Marcas selecionadas	Valor genotípico da marca associada à produtividade de grãos (kg/ha)
1	S4	-29,78
1	S11	-371,38
1	S14	396,55
2	S26	111,79
2	S27	450,44
8	S132	230,50
9	S136	165,98
9	S143	318,74
9	S148	360,68
10	S152	194,28
10	S154	293,67

Tabela 20: Detecção de marcas significativas por cromossomo. Produtividade de grãos de milho (kg/ha). Local 3, Iowa, EUA. 1996.

Cromossomos	Marcas selecionadas	Valor genotípico da marca associada à produtividade de grãos (kg/ha)
1	S2	252,32
2	S32	120,51
3	S42	258,27
3	S48	368,75
3	S49	89,88
4	S60	179,16
5	S82	23,86
5	S83	280,55
5	S94	150,41
6	S98	127,90
7	S112	108,30
8	S127	233,22
9	S142	-12,42
10	S150	217,98

Tabela 21: Detecção de marcas significativas por cromossomo. Produtividade de grãos de milho (kg/ha). Local 4, Iowa, EUA. 1996.

Cromossomos	Marcas selecionadas	Valor genotípico da marca associada à produtividade de grãos (kg/ha)
1	S15	156,81
2	S25	79,13
2	S27	-6,84
4	S65	36,00
4	S67	123,69
4	S70	209,00
5	S76	187,95
5	S92	81,97
6	S99	98,91
6	S105	165,62
6	S107	159,38
6	S109	135,73
7	S110	108,31
9	S138	94,79
9	S142	138,38
e	S159	74,34

Tabela 22: Detecção de marcas significativas por cromossomo. Produtividade de grãos de milho (kg/ha). Análise conjunta dos quatro locais, Iowa, EUA. 1996.

Cromossomos	Marcas selecionadas	Valor genotípico da marca associada à produtividade de grãos (kg/ha)
1	S2	53,03
1	S4	18,84
1	S15	153,26
2	S27	209,30
2	S30	90,48
2	S34	155,65
3	S49	133,56
3	S57	60,69
5	S82	589,46
6	S98	-508,36
6	S105	79,24
7	S110	-12,85
8	S132	102,48
9	S141	58,44
9	S142	137,90
9	S143	135,31
9	S148	104,58
10	S152	144,75

Nas marcas detectadas, as estimativas dos valores genotípicos mostraram-se bastante contrastantes, não só de uma sonda para outra como de um local para outro. Apesar da manifestação da possível interação de sondas x locais, há várias delas identificadas como importantes em pelo menos dois dos locais simultaneamente. Em alguns casos, observaram-se valores genotípicos muito baixos associados às marcas. Tais marcas, apesar dos valores baixos na regressão múltipla, apresentaram significância no processo *stepwise* por cromossomo, e por essa razão foram incluídas no modelo.

Também verificou-se que as sondas selecionadas nos quatro locais utilizados neste estudo não foram sempre as mesmas, o que pode ser consequência da interação QTL x ambiente. A observação mais cautelosa mostra, porém, que regiões importantes

foram detectadas na maior parte dos casos, para os locais 1, 2 e 4. No local 2 não foram seleccionadas sondas em regiões detectadas como importantes nos outros locais, que é o caso da zona abrangida pelas sondas 11 a 15 no cromossomo 1. Verificou-se também, neste local, a ausência de sondas significativas referentes aos cromossomos 5, 6 e 7, o que não ocorreu nos outros locais. O local dois também apresentou o menor número de sondas significativas (11) quando comparado com 14, 14 e 16 sondas significativas para os locais 1, 3 e 4, respectivamente. Comparando a análise de variância do local 2 com a dos outros locais, observa-se que neste o coeficiente de variação foi maior, apesar de se encontrar ainda dentro dos limites de precisão de experimentos de campo. Porém, isso pode estar ligado a uma condição ambiental menos favorável, que poderia ter influenciado a manifestação plena da característica, impedindo a expressão de alguns QTL's responsáveis pela produtividade de grãos que não puderam então ser detectados pela análise de regressão.

4. 4. Cálculo de $\hat{p}$ para as marcas escolhidas

Os valores de $\hat{p}$ e do R^2 , bem como alguns resultados obtidos nas análises de variância, podem ser vistos na tabela 23.

Tabela 23: Resultados principais das análises de variância e valores calculados de $\hat{p}$ e R^2 . Quatro locais e análise conjunta, Iowa, EUA. 1996.

Locais	média	CV	QMprog	$\hat{p}$	R^2	Marcas
1	10.073,5	7,81	1.091.056,6	0,239	29,09	14
2	8.927,8	10,57	1.687.972,2	0,745	43,88	11
3	9.142,3	7,84	991.085,2	(1,480)	77,53	14
4	8.720,2	8,14	710.371,7	(1,299)	52,84	16
Conjunta	8.228,7	8,62	1.872.262,1	0,747	62,86	18

Verificando as estimativas do parâmetro p para os quatro locais na tabela 24 notam-se diferentes valores. O uso dos marcadores moleculares, no entanto, fica justificado em geral e principalmente na média dos locais. Pode-se verificar, também, que os valores obtidos de $\hat{p}$ foram superiores aos valores do coeficiente de determinação R^2 , também utilizado como medida da variação explicada pelos marcadores. O parâmetro p se apresenta, portanto, como forma mais sensível de quantificação desse fenômeno.

4. 5. Construção do índice de seleção

Conforme já mencionado, o objetivo deste estudo foi o de desenvolver um índice de seleção de linhagens para a montagem de sintéticos em milho, baseado nos valores de produtividade de grãos e nos dados da genotipagem de RFLP's. A seguir serão dados os fundamentos relativos à construção do índice.

4. 5. 1. Composição do índice

A composição do índice de seleção baseia-se nos coeficientes b_j de regressão e na constituição genotípica das linhagens. Inclui o comportamento próprio (*per se*) de cada linhagem (L_i) bem como uma medida da complementaridade genotípica de cada linhagem com as demais ($D_{ii'}$).

Considerando a linhagem i e sendo m o número de locos marcadores pertinentes, a quantidade $L_i' = \left(\sum_j b_j x_{ij} \right) / m$ reflete o comportamento próprio dessa linhagem. Por sua vez $L_{max} = \left(\sum_j |b_j| \right) / m$ é uma medida do comportamento da

linhagem ideal, ou seja, aquela em que todos os valores X_j são iguais a 1. Neste estudo, resolveu-se tomar L_i como fração de $L_{\max}$, o que reflete o afastamento da linhagem i em relação a esse máximo, ou seja $L_i = L_i / L_{\max}$. Da mesma forma, para a linhagem i' , tem-se $L_{i'} = L_{i'} / L_{\max}$.

Para a combinação das linhagens i, i' , portanto, o índice utilizado é dado por

$$I_{ii'} = L_{ii'} + D_{ii'} \quad (1)$$

sendo $L_{ii'} = (L_i + L_{i'}) / 2$. O parâmetro $D_{ii'}$, por sua vez, é constituído de $D_{ii'} = D_{ii'} / D_{\max}$, com

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

$$D_{\max} = 2 \sqrt{\sum_j b_j^2 / m}$$

A quantidade $D_{ii'}$ é uma distância euclidiana entre as linhagens i e i' , baseada nos valores genotípicos aditivos (b_j) relativos a cada loco marcador. Se duas linhagens forem idênticas, $x_{ij} = x_{i'j}$ e $D_{ii'} = 0$. Por sua vez, a distância entre a linhagem ideal ($x_{ij} = 1$), e a linhagem pior possível ($x_{ij} = -1$) é a distância máxima

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

Conforme exposto, $D_{ii'}$ também é tomado em relação a essa distância máxima, $D_{\max}$.

O índice usado (expressão 1) portanto, tem uma constituição que se assemelha ao que é sugerido pelo modelo representativo de comportamento de um híbrido entre duas linhagens, ou seja, $\overline{F}_1 = MP + h$, em que MP é a média dos genitores e h a heterose, para o caráter estudado. Observa-se que a distância $D_{ii'}$, como medida de complementaridade genotípica entre as linhagens ii' , leva em conta todos os tipos de locos, independentemente do grau de dominância dos QTL's envolvidos. Nesse aspecto, $D_{ii'}$ tende a ser superior à medida da heterose ou da capacidade específica de combinação as quais só detectam complementaridade nos locos com dominância. Por outro lado, $D_{ii'}$ tem como desvantagem óbvia o fato de ter sensibilidade ou eficiência apenas naqueles locos (de marcadores e QTL's) em que há segregação, no conjunto de linhagens sob estudo. O mesmo vale para as medidas L_i . A eficiência de índices como o proposto, para auxiliar na seleção, depende muito também da cobertura genômica que se consegue com os marcadores.

4. 5. 2. Tabela dialélica e seleção de linhagens

O índice de seleção ($I_{ii'}$), conforme exposto no item anterior, foi obtido para todas as combinações, duas a duas, das 68 linhagens estudadas. Isso gerou uma tabela dialélica com 2.278 valores. As linhagens candidatas a entrar na constituição de um sintético foram selecionadas com base na média marginal dos respectivos valores $I_{ii'}$, ou seja, com base em $\bar{I}_i = \left(\sum_{i'} I_{ii'} \right) / (n - 1)$, com $i, i' = 1, 2, \dots, n$, $i' \neq i$ e $n = 68$.

As quantidades $\bar{I}_i$, que se assemelham a capacidades gerais de combinação, foram ordenadas de forma decrescente, selecionando-se como candidatas as com maior valor. Para fins de comparação, as linhagens também foram selecionadas com base nas médias de produtividade obtidas dos ensaios das progênies *topcross* ($\bar{Y}_i$). Em ambos os

casos, optou-se por sintéticos de diferentes tamanhos. O menor sintético considerado foi o de tamanho 5. Depois deste, foram elaborados outros aumentando-se o número de linhagens uma a uma, sempre com base na respectiva ordenação, até se chegar ao sintético amplo, composto de todas as 68 linhagens.

4. 5. 3. Critérios de avaliação dos sintéticos

Com a finalidade de confrontar o emprego do índice com o critério das médias dos *topcrosses* e de identificar o tamanho mais adequado dos sintéticos foram adotados dois critérios, a saber: (1) baseados na frequência do alelo marcador associado a alelos favoráveis (q_j), em cada loco marcador selecionado e no conjunto desses locos ($\bar{q}$) e (2) baseado no valor genotípico médio ($\bar{b}$) inerente a um sintético, em função da quantidade de locos marcadores selecionados a alelos QTL's favoráveis.

No critério (1), dado no parágrafo anterior, a quantidade q_j do loco j , foi calculada através da soma das linhagens contendo o genótipo marcador favorável, dividido pelo número total de linhagens constituintes do sintético. Para o dado sintético, como um todo, a frequência média $\bar{q}$, foi calculada de modo ponderado, ou seja, através de

$$\bar{q} = \frac{\sum q_j b_j}{\sum b_j}$$

Essa quantidade ($\bar{q}$) reflete a riqueza de alelos marcadores associados a genes QTL's favoráveis, dando-se peso maior às marcas que detectam QTL's mais importantes na expressão do caráter.

No critério (2), que é complementar, considerou-se o coeficiente de regressão médio

$$\bar{b} = \frac{\sum q_j b_j}{\sum q_j}$$

para cada tamanho de sintético. Agora o interesse foi de mensurar o valor genotípico (aditivo) médio detectado pelas sondas, com ponderação pela frequência com que os alelos marcadores favoráveis selecionados ocorrem, num dado sintético.

Na discussão dos resultados, serão abordados os aspectos favoráveis e desfavoráveis bem como os riscos inerentes ao uso desses critérios para mensurar a eficiência da seleção auxiliada pelos marcadores.

4. 6. Aplicação do índice de seleção

O índice de seleção foi calculado para cada um dos quatro locais utilizados neste estudo, assim como para a análise conjunta dos locais. Neste trabalho, houve uma preocupação constante de se comparar os resultados obtidos com o método proposto de seleção assistida por marcadores moleculares com o que seria obtido segundo os procedimentos convencionais de seleção.

Os resultados obtidos pelo índice de seleção são apresentados na tabela 16 do apêndice para os locais separadamente e para a análise conjunta. Os valores relativos à capacidade geral de combinação de cada progênie, obtidos da análise dialélica, e a ordem das linhagens segundo a produtividade de grãos, podem ser observados nas tabelas 25 a 29, para os locais 1, 2, 3, 4 e para a análise conjunta, respectivamente.

Tabela 24: Ordenação das linhagens segundo os valores $\bar{I}_i$, obtidos da tabela dialélica, e segundo a produtividade de grãos no *topcross* ($\bar{Y}_i$) - local 1.

<i>Local 1</i>			
linhagens	$\bar{I}_i$	linhagens	$\bar{Y}_i$
24	0,7084	31	11987,76
31	0,6759	15	11821,15
14	0,6363	58	11767,88
5	0,6059	5	11692,89
62	0,6018	13	11408,37
19	0,5757	62	11343,35
39	0,5521	14	11159,07
12	0,5470	9	11151,69
58	0,5311	63	11093,69
51	0,5142	17	10934,31
34	0,4837	29	10907,05
15	0,4774	24	10903,50
63	0,4348	61	10884,77
9	0,3646	19	10875,77
2	0,3002	2	10868,42
1	0,2645	54	10820,52
49	0,2529	21	10723,77
29	0,2495	4	10645,66
52	0,2373	12	10573,84
16	0,2266	37	10508,14
22	0,2244	52	10487,13
44	0,2219	60	10457,60
21	0,2186	16	10248,26
32	0,2171	10	10211,49
54	0,2113	28	10189,70
35	0,2098	49	10170,23
37	0,2071	39	10158,79
50	0,2070	64	10115,28
20	0,2035	55	10109,35
46	0,2026	30	10107,10
64	0,1987	11	10002,65
10	0,1968	66	9998,24
28	0,1903	47	9977,12
45	0,1901	25	9905,86
18	0,1847	34	9879,48

linhagens	$\bar{I}_i$	linhagens	$\bar{Y}_i$
17	0,1792	27	9826,81
55	0,1790	53	9773,73
61	0,1737	67	9742,67
6	0,1587	33	9683,23
65	0,1521	23	9664,01
66	0,1357	35	9645,57
25	0,1334	42	9641,81
33	0,1311	68	9638,50
13	0,1284	44	9634,90
8	0,1270	8	9579,12
67	0,1216	6	9568,00
36	0,1187	1	9567,85
40	0,1169	40	9564,11
48	0,1074	20	9563,29
56	0,1036	43	9548,00
47	0,1007	46	9516,06
42	0,0990	7	9510,03
60	0,0987	45	9507,33
27	0,0962	41	9490,09
43	0,0956	18	9389,87
68	0,0788	57	9356,39
3	0,0776	32	9308,97
11	0,0738	22	9295,53
23	0,0723	36	9289,31
41	0,0722	38	9245,82
26	0,0719	48	9235,17
57	0,0719	65	9182,18
53	0,0668	56	9127,95
7	0,0634	3	9127,01
4	0,0634	50	9056,01
30	0,0559	26	8983,68
38	0,0423	51	8919,05
59	-0,0011	59	8765,18

Tabela 25: Ordenação das linhagens segundo os valores $\bar{I}_i$ obtidos da tabela dialélica, e segundo a produtividade de grãos no *topcross* ($\bar{Y}_i$) - local 2.

<i>Local 2</i>			
linhagens	$\bar{I}_i$	linhagens	$\bar{Y}_i$
62	0,6489	13	11318,35
21	0,5112	66	10509,94
24	0,5076	39	10399,76
1	0,4970	4	10308,65
12	0,4948	1	10198,48
63	0,4387	17	10148,07
39	0,4184	62	10122,18
9	0,4066	63	9953,79
64	0,3988	18	9922,12
34	0,3930	44	9913,39
45	0,3927	6	9799,13
46	0,3798	9	9780,92
5	0,3790	52	9718,62
47	0,3762	47	9704,45
2	0,3760	5	9594,28
4	0,3703	50	9516,91
31	0,3633	21	9480,03
19	0,3517	7	9460,52
7	0,3336	34	9425,70
61	0,3285	67	9410,98
6	0,3165	15	9372,40
50	0,3023	61	9286,31
14	0,2974	24	9153,26
52	0,2962	31	9145,94
51	0,2903	28	9116,98
13	0,2610	54	9080,57
54	0,2512	19	9051,00
27	0,2393	41	9020,49
28	0,2297	46	8970,21
10	0,2256	64	8935,29
66	0,2067	11	8858,62
58	0,1946	58	8839,17
15	0,1945	45	8779,64
32	0,1519	2	8757,31

linhagens	$\bar{I}_i$	linhagens	$\bar{Y}_i$
18	0,1513	38	8751,00
33	0,1377	43	8745,51
17	0,1343	32	8715,47
41	0,1301	49	8661,41
49	0,1206	60	8617,00
16	0,1109	53	8591,00
44	0,1096	37	8561,85
29	0,1018	14	8544,38
59	0,1005	26	8490,74
65	0,0963	27	8467,50
67	0,0961	12	8440,68
22	0,0931	36	8351,84
20	0,0894	8	8294,99
3	0,0829	57	8287,84
48	0,0695	25	8259,63
36	0,0659	29	8227,63
37	0,0610	65	8219,79
56	0,0607	35	8177,64
8	0,0558	68	8124,07
38	0,0516	59	8083,52
40	0,0506	16	8065,80
25	0,0463	40	8060,38
23	0,0375	22	8001,32
35	0,0324	33	7995,14
53	0,0295	51	7922,47
57	0,0204	10	7917,60
26	0,0154	3	7897,59
60	0,0154	48	7781,93
43	0,0111	23	7730,17
68	-0,0095	56	7492,23
42	-0,0220	20	6944,17
11	-0,0354	30	6815,12
30	-0,0354	55	6748,31
55	-0,0521	42	6680,03

Tabela 26: Ordenação das linhagens segundo os valores $\bar{I}_i$ obtidos da tabela dialélica, e segundo a produtividade de grãos no *topcross* ($\bar{Y}_i$) - local 3.

<i>Local 3</i>			
linhagens	$\bar{I}_i$	linhagens	$\bar{Y}_i$
9	0,7589	9	10851,24
62	0,6128	64	10412,34
47	0,5109	62	10403,45
8	0,4892	54	10388,88
60	0,4770	68	10138,64
42	0,4674	38	10045,11
68	0,4482	27	9955,40
12	0,4147	41	9749,06
38	0,3987	63	9513,71
34	0,3904	61	9501,68
66	0,3776	47	9387,40
52	0,3683	53	9370,35
46	0,3367	52	9355,02
17	0,3288	12	9329,93
4	0,3275	39	9256,94
43	0,3263	45	9138,01
54	0,3263	66	9120,80
35	0,3216	14	9119,77
63	0,2844	43	9118,01
39	0,2703	50	9102,24
56	0,2599	17	9099,23
37	0,2596	44	9084,62
19	0,2459	19	9047,09
32	0,2341	6	9033,63
6	0,2302	34	9029,92
50	0,2291	30	9018,36
10	0,2015	56	9001,75
51	0,1938	65	8980,05
23	0,1845	37	8954,67
44	0,1733	55	8915,51
53	0,1664	36	8886,90
36	0,1516	49	8852,79
64	0,1400	23	8815,71
14	0,1267	11	8772,90
25	0,1225	33	8749,63

linhagens	$\bar{I}_i$	linhagens	$\bar{Y}_i$
33	0,1212	35	8722,52
13	0,1111	57	8684,33
18	0,0984	32	8653,63
21	0,0929	42	8520,06
41	0,0893	46	8513,43
65	0,0875	67	8461,96
26	0,0846	48	8445,56
30	0,0828	31	8427,29
11	0,0819	5	8406,25
2	0,0800	58	8395,57
55	0,0737	60	8381,94
49	0,0691	29	8315,42
16	0,0676	2	8178,75
7	0,0618	59	8142,38
59	0,0602	7	8139,44
27	0,0558	51	8133,05
67	0,0532	8	8111,55
57	0,0433	21	8035,67
3	0,0376	25	8023,83
45	0,0360	10	8008,00
40	0,0344	4	7880,25
31	0,0306	40	7772,18
5	0,0212	20	7674,61
58	-0,0243	16	7631,74
20	-0,0257	3	7588,72
22	-0,0268	24	7568,77
28	-0,0491	26	7372,59
61	-0,0502	18	7337,79
15	-0,0544	28	7106,40
48	-0,0645	13	6961,75
24	-0,0664	22	6941,21
1	-0,0747	1	6601,78
29	-0,0976	15	5666,61

Tabela 27: Ordenação das linhagens segundo os valores $\bar{I}_i$, obtidos da tabela dialélica, e segundo a produtividade de grãos no *topcross* ($\bar{Y}_i$) - local 4.

<i>Local 4</i>			
linhagens	$\bar{I}_i$	linhagens	$\bar{Y}_i$
9	0,7078	62	9975,78
61	0,6152	43	9519,04
23	0,5533	34	9463,58
4	0,5448	53	9419,97
6	0,5111	40	9410,12
54	0,5073	22	9408,95
62	0,4765	50	9402,15
31	0,4467	1	9393,40
28	0,4372	23	9332,19
22	0,4321	6	9323,70
44	0,4036	4	9299,72
34	0,3853	56	9281,65
51	0,3701	44	9259,32
40	0,3478	39	9234,21
47	0,3202	15	9187,48
39	0,2987	17	9146,43
42	0,2960	64	9083,34
53	0,2847	47	9071,55
1	0,2844	8	9044,11
5	0,2744	27	9034,97
18	0,2723	68	8987,46
2	0,2597	3	8978,26
17	0,2584	12	8958,91
43	0,2530	2	8943,65
14	0,2439	19	8919,69
15	0,2403	29	8917,02
3	0,2384	54	8915,77
66	0,2337	51	8886,23
24	0,2218	61	8879,81
8	0,2016	28	8874,21
12	0,1890	9	8841,42
29	0,1883	5	8803,90
36	0,1840	37	8797,79
46	0,1832	35	8776,19
45	0,1631	24	8766,40

linhagens	$\bar{I}_i$	linhagens	$\bar{Y}_i$
19	0,1602	33	8692,33
60	0,1600	57	8621,75
16	0,1526	63	8618,42
50	0,1505	21	8594,80
27	0,1233	60	8584,35
48	0,1172	46	8560,12
35	0,1138	11	8524,42
58	0,1062	18	8516,67
57	0,1059	31	8431,31
38	0,1051	10	8424,96
63	0,1040	13	8393,46
32	0,0945	14	8373,56
49	0,0781	42	8334,25
68	0,0736	20	8273,72
56	0,0710	36	8215,45
59	0,0618	49	8177,76
37	0,0582	26	8141,41
33	0,0549	58	8139,03
65	0,0426	48	8060,68
11	0,0424	66	8049,49
52	0,0366	32	8019,62
20	0,0261	59	8013,28
13	0,0238	65	7971,89
25	0,0178	67	7943,00
30	0,0135	16	7908,20
21	0,0117	30	7853,36
67	-0,0020	38	7838,46
26	-0,0025	41	7773,61
10	-0,0152	52	7691,55
7	-0,0209	7	7664,71
55	-0,0238	25	7598,92
64	-0,0422	55	7483,29
41	-0,0699	45	7082,95

Tabela 28: Ordenação das linhagens segundo os valores $\bar{I}_i$ obtidos da tabela dialélica, e segundo a produtividade de grãos no *topcross* ($\bar{Y}_i$) - Dados conjuntos dos quatros locais.

<i>Conjunta</i>			
linhagens	$\bar{I}_i$	linhagens	$\bar{Y}_i$
63	0,5542	62	10461,19
9	0,5329	9	10156,32
62	0,5309	17	9832,01
14	0,4266	54	9801,43
12	0,4118	63	9794,90
5	0,4077	39	9762,42
47	0,3887	61	9638,14
19	0,3830	64	9636,56
54	0,3803	5	9624,33
52	0,3787	47	9535,13
46	0,3780	4	9533,57
39	0,3663	13	9520,48
60	0,3617	31	9498,07
21	0,3571	19	9473,39
18	0,3220	44	9473,06
7	0,3208	34	9449,67
8	0,3135	6	9431,11
37	0,3018	66	9419,62
50	0,2961	12	9325,84
61	0,2946	27	9321,17
38	0,2915	52	9313,08
31	0,2854	14	9299,20
51	0,2793	53	9288,76
32	0,2741	58	9285,41
2	0,2695	50	9269,32
3	0,2681	43	9232,64
1	0,2645	68	9222,17
66	0,2534	21	9208,57
24	0,2527	37	9205,61
36	0,2486	2	9187,03
34	0,2481	24	9097,98
6	0,2469	29	9091,78
23	0,2313	11	9039,65
4	0,2291	15	9011,91

linhagens	$\bar{I}_i$	linhagens	$\bar{Y}_i$
58	0,2237	60	9010,22
49	0,2220	41	9008,31
10	0,2144	38	8970,10
43	0,2098	49	8965,55
16	0,2070	1	8940,37
67	0,2034	46	8889,95
13	0,1903	67	8889,65
64	0,1887	23	8885,52
40	0,1732	35	8830,48
25	0,1688	28	8821,82
45	0,1686	18	8791,61
15	0,1601	33	8780,08
68	0,1544	8	8757,44
17	0,1508	57	8737,58
27	0,1503	56	8725,89
44	0,1436	40	8701,7
29	0,1431	7	8693,68
65	0,1413	36	8685,88
35	0,1355	32	8674,42
11	0,1354	10	8640,51
22	0,1348	45	8626,98
57	0,1332	65	8588,48
26	0,1304	51	8465,20
20	0,1224	16	8463,50
56	0,1208	30	8448,49
53	0,1155	25	8447,06
30	0,1124	22	8411,75
28	0,0969	3	8397,90
42	0,0934	48	8380,84
59	0,0679	55	8314,11
33	0,0536	42	8294,04
41	0,0474	59	8251,09
48	0,0444	26	8247,10
55	0,0410	20	8113,95

Em todos os casos, observa-se que a ordenação das progênes feitas pelo índice de seleção, que leva em conta as distâncias genéticas entre os indivíduos, é diferente daquela estabelecida pelo *topcross*, onde foram tomados por base apenas os valores obtidos de produtividade de grãos das progênes.

Considerando os dados das tabelas 24 a 28 nota-se, inicialmente, a influência da interação genótipos x ambientes. Convém enfatizar que esses efeitos foram significativos a 5% pelo teste F ($F=1,35^*$; tabela 17). Tomando por base o índice de seleção e como ponto de referência as melhores 15 linhagens em cada local e na médias destes, somente as linhagens de números 62, 12, 47, 15, 46, 39, 63 e 9 foram superiores em pelo menos dois dos locais e na média dos locais. Por outro lado, com base no comportamento das progênes *topcross*, as superiores foram as de número 62, 9, 63, 39, 13, 61, 17, 5 e 4, utilizando os mesmos critérios.

No confronto entre o critério do índice e o critério dos *topcrosses*, tendo ainda como referencial as melhores 15 linhagens na média dos quatro locais, coincidiram pelos dois critérios as de número 63, 9, 62, 5, 47, 19, 54 e 39. Houve pois uma coincidência de 8/15 linhagens ou de aproximadamente 50% delas. Essas últimas linhagens estão, sem margem de dúvida, entre as melhores do conjunto de 68 analisadas. A dúvida no processo de seleção surge, no entanto, diante das linhagens que se destacam por um critério mas não por outro. Na média dos quatro locais, por exemplo, as de número 46, 60 e 18 estão entre as 15 superiores mas classificam-se como intermediárias pelas médias *topcross*. Inversamente, as de número 17, 64 e 44 despontam nos *topcrosses* e não se situam bem pelo índice. Essa discordância está no fato de o índice levar em conta a complementaridade, e as médias *topcross* não. Lembrando que para o par de linhagens ii' , $I_{ii'} = L_{ii'} + D_{ii'}$, tem-se que a média marginal da tabela dialélica é $\bar{I}_{i.} = \bar{L}_{i.} + \bar{D}_{i.}$; a complementaridade média $\bar{D}_{i.}$ é pois levada em conta na seleção pelo índice. O artificialismo desse índice está em que $\bar{L}_{i.}$ e $\bar{D}_{i.}$ receberam pesos iguais para

compor $\bar{I}_i$. Outros pesos poderiam ser investigados visando uma possível otimização desse índice. Um risco possível com o uso de $\bar{I}_i$ está, por exemplo, na seleção de uma linhagem inferior para a qual $\bar{D}_i$ deve ser alto, devido ao forte contraste entre as frequências gênicas desta com as demais. Tendo essa linhagem inferior um valor baixo de $\bar{I}_i$, ela mesmo assim poderá ser selecionada, conforme acontece, por exemplo, com a de número 51, no local 1 (tabela 24). Por essa razão utilizou-se como critério adicional de decisão sobre a composição de um sintético, as frequências $\bar{q}$, conforme exposto.

Nas tabelas 29 a 33 são dadas as estimativas dos parâmetros de avaliação ($\bar{q}$ e $\bar{b}$) relativos aos melhores sintéticos, com vários tamanhos, organizados através do índice de seleção e do comportamento das linhagens nos *topcrosses*.

Tabela 29: Avaliação dos melhores sintéticos com diferentes tamanhos - Local 1 - Iowa, EUA, 1996.

<i>Índice</i>					
<i>número de linhagens*</i>	<i>menor q</i>	<i>maior q</i>	<i>média</i>	$\bar{q}$	$\bar{b}$
5	0,00	1,00	0,40	0,43	268,64
6	0,00	1,00	0,37	0,41	281,96
7	0,00	1,00	0,36	0,41	288,79
8	0,00	1,00	0,34	0,40	297,82
9	0,00	1,00	0,33	0,39	297,33
10	0,00	1,00	0,32	0,39	303,58
11	0,00	1,00	0,31	0,38	311,84
12	0,00	0,92	0,32	0,38	300,50
13	0,08	0,92	0,32	0,38	296,48
14	0,07	0,93	0,32	0,38	296,82
15	0,07	0,93	0,31	0,36	290,25
16	0,06	0,88	0,33	0,36	281,26
17	0,06	0,88	0,33	0,37	279,04
18	0,06	0,89	0,33	0,37	278,68
19	0,05	0,84	0,33	0,37	279,16
20	0,05	0,85	0,34	0,37	276,12
21	0,05	0,81	0,33	0,35	272,51
22	0,05	0,82	0,32	0,35	271,81
23	0,04	0,83	0,33	0,35	270,59
24	0,04	0,79	0,33	0,35	268,32
25	0,04	0,76	0,33	0,35	264,15
26	0,04	0,77	0,32	0,34	261,72
27	0,04	0,78	0,33	0,34	260,93
28	0,04	0,79	0,32	0,33	258,70
29	0,03	0,79	0,31	0,32	257,90
30	0,03	0,80	0,31	0,32	257,48
31	0,03	0,77	0,32	0,32	256,54
32	0,03	0,78	0,31	0,31	254,59
33	0,03	0,76	0,31	0,31	254,13
34	0,03	0,74	0,30	0,31	255,92
35	0,03	0,74	0,30	0,30	255,65
36	0,03	0,75	0,30	0,30	257,77
37	0,03	0,76	0,30	0,30	257,39
38	0,03	0,76	0,30	0,30	258,56
39	0,03	0,77	0,29	0,30	256,84
40	0,03	0,78	0,29	0,30	256,39
41	0,02	0,78	0,29	0,30	255,96
42	0,02	0,79	0,29	0,30	256,57
43	0,02	0,79	0,29	0,29	256,77

<i>Topcross</i>					
<i>número de linhagens*</i>	<i>menor q</i>	<i>maior q</i>	<i>média</i>	$\bar{q}$	$\bar{b}$
5	0,00	1,00	0,34	0,36	265,31
6	0,00	1,00	0,36	0,38	264,78
7	0,00	0,86	0,36	0,38	266,36
8	0,00	0,88	0,35	0,37	270,00
9	0,00	0,89	0,36	0,38	268,79
10	0,00	0,90	0,34	0,37	274,55
11	0,09	0,91	0,34	0,38	274,41
12	0,08	0,92	0,35	0,38	274,33
13	0,08	0,92	0,34	0,37	276,50
14	0,07	0,93	0,33	0,37	282,49
15	0,07	0,93	0,32	0,36	276,74
16	0,06	0,88	0,33	0,35	269,52
17	0,06	0,88	0,33	0,35	268,03
18	0,06	0,89	0,33	0,35	268,05
19	0,05	0,89	0,32	0,35	272,82
20	0,05	0,90	0,32	0,35	271,13
21	0,05	0,86	0,32	0,35	271,90
22	0,05	0,86	0,32	0,34	271,07
23	0,04	0,87	0,32	0,34	268,79
24	0,04	0,88	0,32	0,33	266,01
25	0,04	0,84	0,31	0,33	265,00
26	0,04	0,85	0,32	0,33	264,33
27	0,04	0,85	0,32	0,34	266,91
28	0,04	0,82	0,32	0,34	265,49
29	0,03	0,83	0,32	0,34	264,75
30	0,03	0,83	0,32	0,34	264,53
31	0,03	0,84	0,32	0,33	266,05
32	0,03	0,84	0,31	0,33	265,27
33	0,03	0,85	0,31	0,33	264,76
34	0,03	0,85	0,31	0,33	265,22
35	0,03	0,86	0,31	0,33	268,30
36	0,03	0,83	0,31	0,33	269,15
37	0,03	0,81	0,30	0,32	269,48
38	0,03	0,82	0,30	0,32	269,18
39	0,03	0,82	0,30	0,32	269,17
40	0,03	0,83	0,30	0,32	269,89
41	0,02	0,83	0,29	0,31	268,12
42	0,02	0,83	0,29	0,31	267,87
43	0,02	0,84	0,29	0,31	267,88

número de linhagens*	menor q	maior q	média	$\bar{q}$	$\bar{b}$
44	0,02	0,80	0,29	0,29	258,08
45	0,02	0,80	0,29	0,30	259,03
46	0,02	0,80	0,29	0,30	258,99
47	0,02	0,79	0,29	0,29	259,14
48	0,02	0,79	0,29	0,29	259,50
49	0,02	0,80	0,28	0,29	259,64
50	0,02	0,80	0,28	0,29	260,65
51	0,02	0,80	0,28	0,29	260,38
52	0,02	0,81	0,28	0,29	260,32
53	0,02	0,81	0,28	0,29	260,16
54	0,02	0,80	0,28	0,29	260,88
55	0,02	0,78	0,28	0,29	260,82
56	0,02	0,79	0,28	0,29	260,93
57	0,02	0,77	0,28	0,29	261,24
58	0,02	0,78	0,28	0,29	262,21
59	0,02	0,78	0,27	0,29	262,83
60	0,02	0,78	0,27	0,29	262,91
61	0,02	0,79	0,27	0,29	262,98
62	0,02	0,79	0,27	0,29	262,89
63	0,02	0,78	0,27	0,28	263,16
64	0,02	0,77	0,27	0,28	263,07
65	0,02	0,77	0,27	0,28	263,14
66	0,02	0,77	0,27	0,28	263,05
67	0,01	0,78	0,27	0,28	263,11
68	0,01	0,78	0,27	0,28	263,18

número de linhagens*	menor q	maior q	média	$\bar{q}$	$\bar{b}$
44	0,02	0,84	0,29	0,31	267,59
45	0,02	0,84	0,29	0,31	268,32
46	0,02	0,85	0,29	0,30	266,73
47	0,02	0,83	0,29	0,31	264,17
48	0,02	0,83	0,29	0,31	264,42
49	0,02	0,84	0,29	0,30	263,85
50	0,02	0,82	0,29	0,30	263,74
51	0,02	0,82	0,29	0,30	263,33
52	0,02	0,81	0,29	0,30	263,22
53	0,02	0,79	0,28	0,30	264,37
54	0,02	0,80	0,28	0,30	264,43
55	0,02	0,80	0,28	0,29	264,20
56	0,02	0,80	0,28	0,29	264,08
57	0,02	0,79	0,28	0,29	263,11
58	0,02	0,78	0,28	0,29	261,69
59	0,02	0,76	0,28	0,29	261,78
60	0,02	0,77	0,28	0,29	261,86
61	0,02	0,77	0,28	0,29	261,95
62	0,02	0,77	0,28	0,29	261,56
63	0,02	0,78	0,27	0,29	262,36
64	0,02	0,77	0,27	0,28	262,63
65	0,02	0,77	0,27	0,28	261,48
66	0,02	0,77	0,27	0,28	261,57
67	0,01	0,78	0,27	0,28	263,11
68	0,01	0,78	0,27	0,28	263,18

* Tamanho do sintético conforme o número de linhagens.

Tabela 30: Avaliação dos melhores sintéticos com diferentes tamanhos - Local 2 - Iowa, EUA, 1996.

<i>Índice</i>					
<i>número de linhagens*</i>	<i>menor q</i>	<i>maior q</i>	<i>média</i>	$\bar{q}$	$\bar{b}$
5	0,00	1,00	0,44	0,40	245,58
6	0,00	0,83	0,42	0,40	251,13
7	0,14	0,86	0,44	0,40	241,87
8	0,13	0,88	0,42	0,39	245,28
9	0,11	0,89	0,41	0,39	249,89
10	0,10	0,90	0,42	0,39	247,74
11	0,09	0,91	0,42	0,39	248,10
12	0,08	0,92	0,42	0,39	247,57
13	0,08	0,92	0,41	0,38	244,89
14	0,07	0,93	0,42	0,38	244,30
15	0,07	0,93	0,40	0,37	242,81
16	0,06	0,94	0,41	0,37	241,49
17	0,06	0,94	0,41	0,37	239,60
18	0,06	0,94	0,40	0,36	239,62
19	0,05	0,95	0,41	0,37	238,76
20	0,05	0,95	0,41	0,37	238,47
21	0,05	0,95	0,40	0,36	238,13
22	0,05	0,95	0,39	0,35	236,79
23	0,04	0,96	0,39	0,35	236,88
24	0,04	0,96	0,39	0,35	236,31
25	0,04	0,96	0,39	0,34	234,70
26	0,04	0,96	0,38	0,34	234,25
27	0,04	0,96	0,38	0,34	232,55
28	0,04	0,96	0,38	0,33	232,20
29	0,03	0,97	0,38	0,33	232,19
30	0,03	0,97	0,38	0,33	230,75
31	0,03	0,97	0,37	0,32	230,77
32	0,03	0,97	0,37	0,32	230,49
33	0,03	0,97	0,36	0,31	228,55
34	0,03	0,97	0,36	0,31	228,63
35	0,03	0,97	0,36	0,30	227,18
36	0,03	0,97	0,35	0,30	227,28
37	0,03	0,97	0,35	0,30	227,37
38	0,03	0,97	0,35	0,30	226,67
39	0,03	0,97	0,35	0,30	225,56
40	0,03	0,98	0,35	0,30	225,71
41	0,02	0,98	0,35	0,30	225,82
42	0,02	0,98	0,35	0,30	225,73
43	0,02	0,98	0,35	0,29	224,54
44	0,02	0,98	0,35	0,29	224,67

<i>Topcross</i>					
<i>número de linhagens*</i>	<i>menor q</i>	<i>maior q</i>	<i>média</i>	$\bar{q}$	$\bar{b}$
5	0,00	1,00	0,45	0,38	225,01
6	0,00	1,00	0,42	0,36	225,72
7	0,00	1,00	0,44	0,38	229,31
8	0,00	1,00	0,43	0,38	235,11
9	0,00	0,89	0,39	0,34	229,84
10	0,00	0,90	0,38	0,33	229,97
11	0,00	0,91	0,37	0,32	229,84
12	0,00	0,92	0,36	0,32	233,22
13	0,08	0,92	0,37	0,32	232,45
14	0,07	0,93	0,38	0,33	232,87
15	0,07	0,93	0,38	0,33	231,26
16	0,06	0,94	0,36	0,31	229,48
17	0,06	0,94	0,36	0,32	231,87
18	0,06	0,94	0,37	0,32	231,41
19	0,05	0,95	0,37	0,32	231,32
20	0,05	0,95	0,37	0,32	231,33
21	0,05	0,95	0,36	0,31	228,25
22	0,05	0,95	0,37	0,32	228,55
23	0,04	0,96	0,37	0,32	227,69
24	0,04	0,96	0,38	0,32	226,92
25	0,04	0,96	0,37	0,32	227,06
26	0,04	0,96	0,37	0,31	225,51
27	0,04	0,96	0,37	0,31	225,90
28	0,04	0,96	0,37	0,31	225,05
29	0,03	0,97	0,37	0,31	225,59
30	0,03	0,97	0,37	0,31	227,80
31	0,03	0,97	0,36	0,31	227,36
32	0,03	0,97	0,36	0,30	227,13
33	0,03	0,97	0,36	0,31	228,07
34	0,03	0,97	0,35	0,30	227,57
35	0,06	0,97	0,35	0,30	225,87
36	0,06	0,97	0,35	0,30	224,68
37	0,05	0,97	0,35	0,30	224,87
38	0,05	0,97	0,35	0,29	223,76
39	0,05	0,97	0,35	0,29	223,92
40	0,05	0,98	0,35	0,29	223,34
41	0,05	0,98	0,35	0,29	223,09
42	0,05	0,98	0,34	0,29	223,41
43	0,05	0,98	0,34	0,29	223,56
44	0,05	0,98	0,34	0,29	223,53

número de linhagens*	menor q	maior q	média	$\bar{q}$	$\bar{b}$
45	0,02	0,98	0,35	0,29	224,79
46	0,02	0,98	0,34	0,29	223,42
47	0,02	0,98	0,34	0,29	222,72
48	0,02	0,98	0,34	0,28	222,47
49	0,02	0,98	0,34	0,28	222,62
50	0,02	0,98	0,33	0,28	222,77
51	0,02	0,98	0,33	0,28	222,57
52	0,02	0,98	0,33	0,28	222,34
53	0,02	0,98	0,33	0,28	222,48
54	0,04	0,98	0,33	0,27	221,41
55	0,04	0,98	0,33	0,27	221,56
56	0,04	0,98	0,33	0,27	221,35
57	0,04	0,98	0,33	0,27	220,61
58	0,03	0,98	0,32	0,27	219,68
59	0,03	0,98	0,32	0,27	219,34
60	0,03	0,98	0,32	0,26	219,16
61	0,03	0,98	0,32	0,26	219,33
62	0,03	0,98	0,32	0,26	219,50
63	0,03	0,98	0,32	0,26	218,84
64	0,03	0,98	0,32	0,26	219,01
65	0,03	0,98	0,32	0,26	218,37
66	0,03	0,98	0,31	0,26	218,22
67	0,03	0,99	0,31	0,26	218,07
68	0,03	0,99	0,31	0,25	217,91

número de linhagens*	menor q	maior q	média	$\bar{q}$	$\bar{b}$
45	0,04	0,98	0,34	0,29	224,22
46	0,04	0,98	0,34	0,29	224,35
47	0,04	0,98	0,34	0,29	224,47
48	0,04	0,98	0,34	0,28	224,20
49	0,04	0,98	0,33	0,28	223,94
50	0,04	0,98	0,33	0,28	223,90
51	0,04	0,98	0,33	0,28	224,03
52	0,04	0,98	0,33	0,27	222,99
53	0,04	0,98	0,33	0,27	223,13
54	0,04	0,98	0,33	0,27	222,17
55	0,04	0,98	0,33	0,27	222,36
56	0,04	0,98	0,33	0,27	222,49
57	0,04	0,98	0,33	0,27	221,36
58	0,03	0,98	0,32	0,27	221,50
59	0,03	0,98	0,32	0,27	220,90
60	0,03	0,98	0,32	0,27	220,22
61	0,03	0,98	0,32	0,27	220,04
62	0,03	0,98	0,32	0,26	220,20
63	0,03	0,98	0,32	0,26	219,53
64	0,03	0,98	0,32	0,26	219,36
65	0,03	0,98	0,31	0,26	218,85
66	0,03	0,98	0,31	0,26	218,69
67	0,03	0,99	0,31	0,26	218,53
68	0,03	0,99	0,31	0,25	217,91

* Tamanho do sintético conforme o número de linhagens.

Tabela 31: Avaliação dos melhores sintéticos com diferentes tamanhos - Local 3 - Iowa, EUA, 1996.

<i>Índice</i>					
<i>número de linhagens*</i>	<i>menor q</i>	<i>maior q</i>	<i>média</i>	$\bar{q}$	$\bar{b}$
5	0,20	0,80	0,44	0,44	173,05
6	0,17	0,67	0,43	0,44	177,22
7	0,14	0,71	0,43	0,45	180,96
8	0,13	0,75	0,43	0,44	179,04
9	0,22	0,78	0,46	0,45	170,66
10	0,30	0,80	0,44	0,44	172,57
11	0,27	0,73	0,44	0,44	170,67
12	0,33	0,75	0,44	0,43	168,03
13	0,31	0,69	0,43	0,42	166,76
14	0,29	0,64	0,42	0,40	166,97
15	0,27	0,67	0,40	0,40	169,83
16	0,25	0,69	0,39	0,39	172,10
17	0,24	0,71	0,39	0,39	169,48
18	0,22	0,72	0,39	0,39	169,74
19	0,26	0,68	0,39	0,38	167,04
20	0,25	0,70	0,39	0,37	165,60
21	0,24	0,71	0,38	0,36	166,33
22	0,23	0,68	0,38	0,36	163,41
23	0,22	0,70	0,37	0,35	162,43
24	0,21	0,67	0,37	0,34	160,36
25	0,20	0,68	0,37	0,34	160,08
26	0,19	0,69	0,37	0,34	160,04
27	0,19	0,70	0,36	0,33	159,84
28	0,18	0,71	0,36	0,33	161,48
29	0,17	0,72	0,36	0,33	160,43
30	0,17	0,73	0,35	0,33	159,86
31	0,19	0,71	0,35	0,32	158,68
32	0,19	0,72	0,35	0,32	157,31
33	0,18	0,73	0,35	0,32	156,65
34	0,18	0,71	0,35	0,31	154,37
35	0,17	0,69	0,34	0,31	154,27
36	0,17	0,67	0,34	0,30	153,24
37	0,16	0,65	0,33	0,30	153,02
38	0,16	0,66	0,33	0,29	152,40
39	0,15	0,67	0,33	0,29	152,07
40	0,15	0,65	0,33	0,29	151,29
42	0,14	0,67	0,32	0,28	151,22
43	0,14	0,67	0,32	0,28	151,48

<i>Topcross</i>					
<i>número de linhagens*</i>	<i>menor q</i>	<i>maior q</i>	<i>média</i>	$\bar{q}$	$\bar{b}$
5	0,00	0,80	0,43	0,41	165,97
6	0,17	0,83	0,48	0,43	157,07
7	0,14	0,71	0,42	0,37	153,55
8	0,13	0,63	0,38	0,33	150,19
9	0,11	0,56	0,38	0,32	146,38
10	0,10	0,60	0,36	0,29	142,94
11	0,09	0,55	0,35	0,30	150,32
12	0,08	0,58	0,35	0,30	148,08
13	0,08	0,62	0,36	0,30	147,15
14	0,07	0,64	0,36	0,31	148,71
15	0,07	0,67	0,36	0,31	147,85
16	0,06	0,63	0,34	0,29	147,49
17	0,12	0,59	0,35	0,30	147,75
18	0,11	0,61	0,35	0,29	143,95
19	0,11	0,58	0,34	0,29	147,00
20	0,10	0,60	0,34	0,29	147,49
21	0,14	0,57	0,33	0,29	148,26
22	0,14	0,59	0,33	0,28	147,78
23	0,13	0,57	0,33	0,28	147,25
24	0,13	0,58	0,32	0,28	147,41
25	0,12	0,60	0,32	0,28	149,28
26	0,12	0,62	0,32	0,28	149,77
27	0,11	0,63	0,31	0,27	150,72
28	0,11	0,64	0,31	0,27	151,09
29	0,10	0,62	0,31	0,27	149,03
30	0,10	0,63	0,31	0,26	148,62
31	0,10	0,65	0,31	0,26	147,38
32	0,09	0,66	0,31	0,26	147,83
33	0,09	0,67	0,31	0,26	147,24
34	0,09	0,65	0,30	0,26	147,10
35	0,09	0,66	0,30	0,25	146,00
36	0,11	0,67	0,30	0,26	146,95
37	0,11	0,68	0,30	0,25	146,80
38	0,11	0,68	0,30	0,25	145,66
39	0,13	0,69	0,30	0,26	147,41
40	0,13	0,68	0,30	0,26	147,42
42	0,12	0,67	0,29	0,25	146,43
43	0,12	0,67	0,29	0,25	146,80

número de linhagens*	menor q	maior q	média	$\bar{q}$	$\bar{b}$
44	0,14	0,66	0,32	0,28	151,31
45	0,13	0,64	0,31	0,27	151,15
46	0,13	0,65	0,31	0,27	150,87
47	0,13	0,66	0,31	0,27	151,12
48	0,13	0,67	0,30	0,26	150,44
49	0,12	0,67	0,30	0,26	149,96
50	0,12	0,68	0,30	0,26	149,51
51	0,12	0,69	0,30	0,25	148,86
52	0,12	0,67	0,29	0,25	148,87
53	0,11	0,68	0,29	0,25	148,74
54	0,11	0,69	0,29	0,25	147,14
55	0,11	0,67	0,29	0,24	147,02
56	0,11	0,68	0,28	0,24	146,91
57	0,11	0,68	0,28	0,24	147,19
58	0,10	0,69	0,28	0,24	145,98
59	0,10	0,69	0,28	0,23	145,88
60	0,10	0,70	0,28	0,23	145,58
61	0,10	0,69	0,27	0,23	145,50
62	0,10	0,69	0,27	0,23	144,94
63	0,10	0,70	0,27	0,22	144,22
64	0,09	0,70	0,27	0,22	144,04
65	0,09	0,71	0,26	0,22	143,35
66	0,09	0,71	0,26	0,22	142,81
67	0,09	0,72	0,26	0,21	142,18
68	0,09	0,72	0,26	0,21	141,65

número de linhagens*	menor q	maior q	média	$\bar{q}$	$\bar{b}$
44	0,11	0,68	0,29	0,24	145,25
45	0,11	0,69	0,29	0,24	145,14
46	0,11	0,67	0,29	0,24	144,76
47	0,11	0,68	0,28	0,24	144,05
48	0,10	0,67	0,28	0,23	143,93
49	0,10	0,67	0,28	0,23	143,56
50	0,10	0,68	0,28	0,23	143,16
51	0,10	0,67	0,28	0,23	144,58
52	0,12	0,67	0,28	0,23	145,16
53	0,11	0,68	0,28	0,23	144,97
54	0,11	0,69	0,28	0,23	144,99
55	0,11	0,69	0,28	0,23	145,14
56	0,11	0,68	0,28	0,23	146,57
57	0,11	0,68	0,27	0,23	146,46
58	0,10	0,69	0,27	0,23	146,13
59	0,10	0,69	0,27	0,23	145,55
60	0,10	0,70	0,27	0,23	144,08
61	0,10	0,70	0,27	0,22	143,51
62	0,10	0,71	0,27	0,22	143,33
63	0,10	0,71	0,27	0,22	143,07
64	0,09	0,72	0,26	0,22	142,52
65	0,09	0,72	0,26	0,22	142,49
66	0,09	0,71	0,26	0,21	142,43
67	0,09	0,72	0,26	0,21	141,81
68	0,09	0,72	0,26	0,21	141,65

* Tamanho do sintético conforme o número de linhagens.

Tabela 32: Avaliação dos melhores sintéticos com diferentes tamanhos - Local 4 - Iowa, EUA, 1996.

<i>Índice</i>					
<i>número de linhagens*</i>	<i>menor q</i>	<i>maior q</i>	<i>média</i>	$\bar{q}$	$\bar{b}$
5	0,00	1,00	0,46	0,47	119,02
6	0,00	1,00	0,44	0,47	123,90
7	0,14	1,00	0,45	0,47	121,24
8	0,13	0,88	0,43	0,45	121,47
9	0,11	0,89	0,42	0,45	123,42
10	0,10	0,80	0,44	0,45	118,82
11	0,09	0,82	0,43	0,44	119,58
12	0,08	0,75	0,42	0,43	117,97
13	0,15	0,69	0,40	0,41	116,59
14	0,14	0,71	0,41	0,40	115,25
15	0,13	0,73	0,41	0,40	113,98
16	0,13	0,75	0,40	0,39	112,53
17	0,12	0,76	0,40	0,38	111,01
18	0,17	0,78	0,40	0,38	110,86
19	0,16	0,74	0,39	0,37	110,29
20	0,15	0,70	0,39	0,37	110,49
21	0,14	0,67	0,38	0,36	110,56
22	0,14	0,68	0,38	0,36	109,96
23	0,13	0,70	0,38	0,36	109,68
24	0,13	0,71	0,38	0,35	108,71
25	0,12	0,68	0,38	0,35	108,63
26	0,12	0,69	0,37	0,34	108,34
27	0,11	0,70	0,36	0,34	108,26
28	0,11	0,68	0,36	0,34	108,25
29	0,10	0,66	0,35	0,33	107,93
30	0,13	0,67	0,35	0,33	107,78
31	0,13	0,68	0,35	0,32	107,59
32	0,13	0,69	0,35	0,32	106,74
33	0,12	0,70	0,35	0,32	106,65
34	0,12	0,71	0,35	0,32	106,87
35	0,11	0,69	0,34	0,31	106,80
36	0,11	0,69	0,34	0,31	107,24
37	0,11	0,70	0,33	0,31	106,99
38	0,13	0,71	0,33	0,30	106,51
39	0,13	0,72	0,33	0,30	106,73
40	0,13	0,73	0,33	0,30	106,37
41	0,12	0,73	0,33	0,30	105,62
42	0,12	0,74	0,33	0,30	105,57
43	0,12	0,74	0,32	0,29	105,25

<i>Topcross</i>					
<i>número de linhagens*</i>	<i>menor q</i>	<i>maior q</i>	<i>média</i>	$\bar{q}$	$\bar{b}$
5	0,00	0,80	0,39	0,33	99,52
6	0,00	0,83	0,42	0,35	96,86
7	0,00	0,86	0,39	0,33	98,74
8	0,00	0,88	0,38	0,32	98,35
9	0,11	0,89	0,38	0,33	101,58
10	0,10	0,90	0,39	0,34	101,34
11	0,09	0,91	0,39	0,35	103,65
12	0,08	0,92	0,38	0,33	102,28
13	0,08	0,92	0,37	0,33	104,10
14	0,07	0,93	0,37	0,32	102,88
15	0,07	0,87	0,35	0,31	102,48
16	0,06	0,88	0,35	0,31	102,54
17	0,06	0,88	0,34	0,30	101,59
18	0,11	0,83	0,34	0,30	101,30
19	0,16	0,84	0,34	0,30	101,37
20	0,15	0,85	0,34	0,30	100,91
21	0,14	0,86	0,34	0,29	100,46
22	0,14	0,86	0,34	0,29	100,63
23	0,13	0,87	0,33	0,29	100,59
24	0,13	0,88	0,33	0,29	100,44
25	0,12	0,88	0,33	0,29	101,22
26	0,12	0,88	0,33	0,28	100,35
27	0,11	0,85	0,33	0,29	102,46
28	0,11	0,82	0,32	0,28	101,98
29	0,10	0,79	0,33	0,29	103,12
30	0,10	0,80	0,33	0,30	104,57
31	0,10	0,81	0,33	0,30	105,45
32	0,09	0,81	0,34	0,31	105,77
33	0,09	0,79	0,33	0,30	105,64
34	0,09	0,79	0,33	0,30	105,58
35	0,09	0,77	0,33	0,30	105,33
36	0,08	0,78	0,33	0,29	104,74
37	0,08	0,78	0,32	0,29	104,60
38	0,08	0,76	0,32	0,29	104,76
39	0,08	0,77	0,32	0,29	105,05
40	0,08	0,78	0,32	0,29	104,86
41	0,07	0,78	0,32	0,29	105,11
42	0,07	0,79	0,31	0,28	104,62
43	0,07	0,79	0,31	0,28	104,77

número de linhagens*	menor q	maior q	média	$\bar{q}$	$\bar{b}$
44	0,11	0,75	0,32	0,29	105,12
45	0,11	0,76	0,32	0,29	104,79
46	0,11	0,74	0,32	0,29	104,92
47	0,11	0,74	0,32	0,29	104,81
48	0,10	0,73	0,31	0,28	104,65
49	0,10	0,73	0,31	0,28	104,36
50	0,10	0,74	0,31	0,28	103,96
51	0,10	0,73	0,31	0,28	103,45
52	0,10	0,71	0,31	0,27	103,40
53	0,09	0,72	0,31	0,27	103,00
54	0,09	0,72	0,31	0,27	102,87
55	0,09	0,73	0,30	0,27	102,52
56	0,09	0,73	0,30	0,27	102,23
57	0,09	0,72	0,30	0,26	101,64
58	0,09	0,72	0,30	0,26	101,88
59	0,08	0,71	0,30	0,26	101,62
60	0,08	0,72	0,29	0,26	101,52
61	0,08	0,72	0,29	0,26	101,75
62	0,08	0,73	0,29	0,26	101,66
63	0,08	0,71	0,29	0,25	101,41
64	0,08	0,70	0,29	0,25	101,70
65	0,08	0,71	0,29	0,25	101,39
66	0,08	0,71	0,29	0,25	101,30
67	0,07	0,72	0,28	0,25	101,02
68	0,07	0,71	0,28	0,24	100,71

número de linhagens*	menor q	maior q	média	$\bar{q}$	$\bar{b}$
44	0,09	0,77	0,31	0,28	105,20
45	0,09	0,76	0,31	0,28	105,56
46	0,09	0,76	0,30	0,28	105,80
47	0,09	0,74	0,30	0,28	105,82
48	0,08	0,73	0,31	0,28	105,28
49	0,08	0,71	0,30	0,27	104,58
50	0,08	0,72	0,30	0,27	104,55
51	0,08	0,71	0,30	0,27	104,40
52	0,08	0,69	0,30	0,27	104,08
53	0,08	0,70	0,29	0,26	103,81
54	0,07	0,70	0,29	0,26	103,23
55	0,07	0,71	0,29	0,26	103,32
56	0,07	0,71	0,29	0,26	103,24
57	0,07	0,70	0,29	0,26	102,77
58	0,07	0,71	0,29	0,26	102,65
59	0,07	0,71	0,29	0,26	102,53
60	0,08	0,72	0,29	0,26	102,24
61	0,08	0,72	0,29	0,25	102,13
62	0,08	0,73	0,29	0,25	101,92
63	0,08	0,71	0,29	0,25	101,59
64	0,08	0,72	0,29	0,25	101,34
65	0,08	0,72	0,28	0,25	101,03
66	0,08	0,71	0,28	0,25	100,79
67	0,07	0,72	0,28	0,24	100,71
68	0,07	0,71	0,28	0,24	100,71

* Tamanho do sintético conforme o número de linhagens.

Tabela 33: Avaliação dos melhores sintéticos com diferentes tamanhos - Análise conjunta de quatro locais - Iowa, EUA, 1996.

<i>Índice</i>					
<i>número de linhagens*</i>	<i>menor q</i>	<i>maior q</i>	<i>média</i>	$\bar{q}$	$\bar{b}$
5	0,00	0,80	0,36	0,42	178,51
6	0,00	0,83	0,33	0,40	184,02
7	0,00	0,71	0,34	0,40	180,73
8	0,00	0,75	0,32	0,39	185,37
9	0,00	0,78	0,31	0,38	186,15
10	0,10	0,80	0,32	0,38	184,69
11	0,09	0,82	0,30	0,37	191,96
12	0,08	0,83	0,30	0,37	191,85
13	0,08	0,85	0,29	0,37	191,49
14	0,07	0,79	0,29	0,37	191,69
15	0,07	0,80	0,28	0,36	196,99
16	0,06	0,75	0,27	0,36	198,28
17	0,06	0,76	0,27	0,35	199,96
18	0,06	0,78	0,26	0,35	201,20
19	0,05	0,74	0,26	0,34	200,96
20	0,05	0,70	0,26	0,34	200,61
21	0,05	0,71	0,26	0,34	199,41
22	0,05	0,68	0,27	0,34	195,75
23	0,04	0,65	0,27	0,34	193,41
24	0,04	0,67	0,27	0,34	192,17
25	0,04	0,64	0,26	0,33	188,96
26	0,04	0,65	0,26	0,32	191,46
27	0,04	0,63	0,26	0,32	191,10
28	0,04	0,61	0,26	0,32	190,71
29	0,03	0,59	0,25	0,31	189,76
30	0,03	0,60	0,25	0,31	191,76
31	0,03	0,58	0,25	0,31	187,11
32	0,03	0,56	0,25	0,30	183,77
33	0,03	0,58	0,25	0,30	186,55
34	0,03	0,56	0,25	0,30	183,29
35	0,03	0,54	0,24	0,30	184,53
36	0,03	0,53	0,24	0,29	185,31
37	0,03	0,51	0,24	0,29	184,87
38	0,03	0,50	0,24	0,29	183,00
39	0,03	0,49	0,24	0,29	183,28
40	0,03	0,48	0,24	0,29	183,64
41	0,02	0,46	0,24	0,29	183,21
42	0,02	0,45	0,24	0,28	182,51
43	0,02	0,47	0,24	0,28	182,90
44	0,02	0,45	0,23	0,28	183,18
45	0,02	0,47	0,23	0,28	182,65

<i>Topcross</i>					
<i>número de linhagens*</i>	<i>menor q</i>	<i>maior q</i>	<i>média</i>	$\bar{q}$	$\bar{b}$
5	0,00	0,80	0,31	0,36	174,25
6	0,00	0,83	0,31	0,35	176,71
7	0,00	0,71	0,30	0,35	179,03
8	0,00	0,63	0,28	0,33	176,27
9	0,00	0,67	0,28	0,33	180,88
10	0,00	0,60	0,29	0,34	178,58
11	0,00	0,64	0,29	0,32	170,64
12	0,08	0,67	0,28	0,31	170,25
13	0,08	0,69	0,29	0,32	167,54
14	0,07	0,64	0,28	0,32	171,10
15	0,07	0,60	0,27	0,30	168,74
16	0,06	0,63	0,27	0,29	162,25
17	0,06	0,65	0,27	0,28	157,97
18	0,06	0,67	0,27	0,28	158,89
19	0,05	0,68	0,28	0,29	157,65
20	0,05	0,65	0,27	0,28	156,16
21	0,05	0,62	0,28	0,28	157,09
22	0,05	0,64	0,27	0,29	159,93
23	0,04	0,65	0,27	0,28	157,45
24	0,04	0,63	0,26	0,28	159,80
25	0,04	0,60	0,26	0,28	161,03
26	0,04	0,62	0,26	0,27	159,28
27	0,04	0,63	0,26	0,27	156,92
28	0,04	0,61	0,26	0,27	158,36
29	0,03	0,59	0,26	0,27	160,07
30	0,03	0,60	0,26	0,26	158,24
31	0,03	0,58	0,25	0,26	157,80
32	0,03	0,59	0,25	0,26	157,99
33	0,03	0,58	0,25	0,26	159,93
34	0,03	0,56	0,24	0,25	159,90
35	0,03	0,54	0,24	0,25	160,79
36	0,03	0,53	0,24	0,25	160,33
37	0,03	0,54	0,24	0,25	160,86
38	0,03	0,53	0,24	0,25	162,06
39	0,03	0,51	0,24	0,25	162,68
40	0,03	0,50	0,23	0,25	165,49
41	0,02	0,49	0,23	0,25	166,17
42	0,02	0,48	0,23	0,25	168,63
43	0,02	0,49	0,23	0,25	169,05
44	0,02	0,48	0,22	0,25	168,60
45	0,02	0,47	0,22	0,24	170,98

número de linhagens*	menor q	maior q	média	$\bar{q}$	$\bar{b}$
46	0,02	0,46	0,23	0,27	182,51
47	0,02	0,47	0,23	0,27	180,49
48	0,02	0,48	0,23	0,27	179,19
49	0,02	0,47	0,22	0,26	178,24
50	0,02	0,46	0,22	0,26	177,30
51	0,02	0,47	0,22	0,26	177,06
52	0,02	0,46	0,22	0,26	178,06
53	0,02	0,47	0,22	0,26	178,28
54	0,02	0,46	0,22	0,26	179,43
55	0,02	0,45	0,22	0,25	178,85
56	0,02	0,45	0,21	0,25	179,06
57	0,02	0,46	0,21	0,25	178,80
58	0,02	0,45	0,21	0,25	180,29
59	0,02	0,44	0,21	0,25	179,08
60	0,02	0,45	0,21	0,24	177,61
61	0,02	0,46	0,21	0,24	178,16
62	0,02	0,45	0,21	0,24	177,77
63	0,02	0,46	0,21	0,24	175,69
64	0,02	0,45	0,20	0,24	177,10
65	0,02	0,45	0,20	0,23	176,73
66	0,02	0,44	0,20	0,23	176,37
67	0,01	0,43	0,20	0,23	176,37
68	0,01	0,44	0,20	0,22	174,84

número de linhagens*	menor q	maior q	média	$\bar{q}$	$\bar{b}$
46	0,02	0,46	0,21	0,24	170,53
47	0,02	0,45	0,21	0,24	171,75
48	0,02	0,44	0,21	0,24	172,12
49	0,02	0,43	0,21	0,24	170,76
50	0,02	0,44	0,21	0,24	171,38
51	0,02	0,43	0,21	0,24	172,44
52	0,02	0,44	0,21	0,24	173,98
53	0,02	0,45	0,21	0,24	173,75
54	0,02	0,46	0,21	0,24	173,63
55	0,02	0,47	0,21	0,24	173,25
56	0,02	0,46	0,21	0,24	174,28
57	0,02	0,46	0,21	0,24	173,47
58	0,02	0,45	0,21	0,24	173,87
59	0,02	0,46	0,21	0,24	174,48
60	0,02	0,45	0,21	0,24	174,83
61	0,02	0,44	0,20	0,23	174,32
62	0,02	0,44	0,20	0,23	175,78
63	0,02	0,43	0,20	0,23	175,78
64	0,02	0,44	0,20	0,23	174,19
65	0,02	0,45	0,20	0,23	172,16
66	0,02	0,44	0,20	0,22	173,59
67	0,01	0,45	0,20	0,23	173,44
68	0,01	0,44	0,20	0,22	174,84

* Tamanho do sintético conforme o número de linhagens.

O tamanho ideal do sintético variou conforme o local avaliado. Assim, o número de linhagens presentes no sintético considerado ideal foi de 13, 7, 5, 7 e 10 para os locais 1, 2, 3, 4 e para a análise conjunta respectivamente. O critério utilizado para definir esse número ideal de linhagens na composição do sintético foi o conjunto de linhagens a partir do qual não haverá fixação de alelos desfavoráveis em nenhum dos locos envolvidos. Na tabela 34 observam-se os tamanhos de sintéticos considerados ideais nos diferentes locais segundo o índice de seleção e segundo o *topcross*.

Tabela 34: Diferentes tamanhos de sintéticos considerados como ideais segundo o índice de seleção e segundo o *topcross*. Locais 1, 2, 3, 4 e análise conjunta. Iowa, EUA, 1996.

<i>Locais</i>	<i>Número de linhagens</i>	
	<i>Índice de seleção</i>	<i>Topcross</i>
1	13	11
2	7	13
3	5	6
4	7	9
conjunta	10	12

Na maior parte dos casos o número de linhagens no sintético ideal segundo o índice de seleção foi inferior ao número de linhagens no sintético ideal segundo o *topcross*, exceção feita ao local 1, onde o índice indica 13 linhagens como o número ideal para compor o sintético e o *topcross* determina que sejam 11 linhagens. Uma explicação possível para esse fato está na diferença existente entre os valores de $\hat{p}$ calculados para os diversos locais, pois valores elevados são recomendados quando se deseja fazer uso da seleção assistida por marcadores. Na tabela 23, observa-se que no local 1 os marcadores explicaram 23,9% da variância entre progênies, o que é muito pouco. Considerando os outros locais e na média dos locais, a proporção da variância explicada pelos marcadores foi elevada, variando de 74,5% a 100%. Assim, no caso do local 1, o índice não apresentou diferença em relação à seleção baseada no *topcross*

quanto aos valores de $\bar{q}$, e exigiu maior número de linhagens na composição do sintético ideal, embora tenha levado a sintéticos com maiores valores de $\bar{b}$ quando comparados com os selecionados pelo critério do *topcross*.

Para a comparação entre os sintéticos formados por números diferentes de linhagens, o parâmetro da fixação alélica não é suficiente. É preciso verificar as frequências dos alelos favoráveis associados às sondas, pois o objetivo do índice de seleção foi o de obter sintéticos com maiores frequências de alelos favoráveis quando comparados aos sintéticos construídos pelo *topcross*, já que o índice leva em consideração a complementação gênica entre os locos avaliados. As comparações foram feitas entre sintéticos de diferentes tamanhos formados pelo mesmo método, e entre sintéticos de igual tamanho formados por métodos diferentes. Para as comparações entre os sintéticos utilizaram-se os parâmetros $\bar{q}$ e $\bar{b}$, como pode ser visto na tabela 35.

Tabela 35: Valores de $\bar{q}$ e $\bar{b}$ calculados para sintéticos de diferentes tamanhos. Quatro locais e análise conjunta. Iowa, EUA, 1996.

		$\bar{q}$		$\bar{b}$	
<i>Locais</i>	<i>Tamanho do sintético</i>	<i>Índice</i>	<i>Topcross</i>	<i>Índice</i>	<i>Topcross</i>
1	13	0,38	0,37	296,48	276,50
1	11	0,38	0,38	311,84	274,41
2	7	0,40	0,38	241,87	229,31
2	13	0,38	0,32	244,89	323,45
3	5	0,44	0,41	173,05	165,97
3	6	0,44	0,43	177,22	157,07
4	7	0,47	0,33	121,24	98,74
4	9	0,45	0,33	123,42	101,58
Conjunta	10	0,38	0,34	184,69	178,58
Conjunta	12	0,37	0,31	191,85	170,25

* A primeira linha de cada local refere-se ao tamanho ideal de sintético segundo o índice de seleção, enquanto a segunda linha é referente ao tamanho do sintético de acordo com o *topcross*.

Quanto às frequências de sondas associadas aos alelos favoráveis, $\bar{q}$, os sintéticos formados pelo índice apresentaram valores superiores aos dos formados pelo *topcross*, exceção feita ao local 1 onde os valores foram semelhantes. O local que apresentou as maiores diferenças dos valores de $\bar{q}$ entre os dois grupos foi o local 4. Quando o parâmetro de avaliação foi $\bar{b}$, o índice levou sempre a valores superiores em comparação aos dos obtidos com os *topcrosses*, indicando a seleção de locos com altos valores genotípicos associados a produtividade de grãos em milho.

Uma contribuição interessante, dada neste estudo, está na possibilidade de monitorar melhor as propriedades genéticas de um sintético qualquer. É preciso lembrar que $\bar{q}$ é uma medida da frequência de linhagens em que as marcas estão associadas a QTL's favoráveis. Sendo todas as linhagens homozigóticas esse parâmetro corresponde à frequência média de alelos das marcas ligados a alelos superiores nos QTL's. Considerando o sintético amplo, esse valor é $\bar{q} = 0,22$ (tabela 33). Nos melhores sintéticos, de tamanho 10 e 12, para a média dos locais, os valores correspondentes são $\bar{q} = 0,38$ e $\bar{q} = 0,37$ respectivamente. Ora, essa diferença $(0,38-0,22)=0,16$ ou $(0,37-0,22)=0,15$ é considerável em se tratando de um caráter quantitativo como o investigado. Da mesma forma, não é desprezível a diferença entre $\bar{q}$, confrontando-se os sintéticos organizados com base no índice e com base nas médias *topcross* (tabela 35). Na tabela 36 observa-se as diferenças entre os valores de $\bar{q}$ no sintético amplo, no sintético ideal segundo o índice de seleção e no sintético de mesmo tamanho segundo o critério do *topcross*. Como pode ser visto, em todos os locais avaliados o índice foi competente em conduzir o sintético a valores de $\bar{q}$ mais elevados.

Tabela 36: Valores de $\bar{q}$ no sintético amplo, no sintético ideal segundo o índice e no sintético de mesmo tamanho segundo o critério do *topcross* e diferenças em relação ao amplo.

	$\bar{q}$				
<i>tamanho do sintético</i>	<i>local 1</i>	<i>local 2</i>	<i>local 3</i>	<i>local 4</i>	<i>média</i>
amplo	0,28	0,25	0,21	0,24	0,22
ideal (índice)	0,38	0,40	0,44	0,47	0,38
diferença	0,10	0,15	0,23	0,23	0,16
<i>topcross</i>	0,37	0,38	0,41	0,33	0,34
diferença	0,90	0,13	0,20	0,90	0,12

Para melhor visualização das frequências dos alelos favoráveis associados às sondas em cada loco, apresentam-se as figuras de 1 a 6, referentes à média dos locais. Esses gráficos foram adicionados ao texto para esclarecer aspectos que podem ser do interesse do melhorista. No apêndice encontram-se as figuras de número 1 a 6, 7 a 12, 13 a 18 e 19 a 24 referentes aos locais 1, 2, 3 e 4 respectivamente. Considerando os possíveis sintéticos organizados como base nas médias dos quatro locais pode-se notar alguns pontos conforme segue:

- 1) O sintético de menor tamanho, formado pelas cinco melhores linhagens, é superior ao sintético amplo para a maior parte dos locos. Porém, apresenta $q = 0$ em alguns locos, o que não é desejável.
- 2) O sintético formado pelas 10 melhores linhagens, que foi considerado como ideal na média dos locais, apresentou em parte dos locos frequências menores de q , quando comparado com o sintético de tamanho 5. Apesar do maior número de linhagens componentes, apresenta como vantagem a ausência de locos com $q = 0$. Por outro lado, quando comparado com o sintético amplo

linhagens), o sintético 10 apresenta maior valor de q para a maioria dos locos, exceção feita às marcas de número 10 e 12.

- 3) No intervalo de sintéticos formados por 10 até 13 linhagens, observa-se uma sincronia de frequências de q na maior parte dos locos. Neste caso, optou-se pelo sintético de menor tamanho, visando maior facilidade dos trabalhos de campo.

Figura 1: Valores de q obtidos para cada marca em função do tamanho do sintético - Linhagens ordenadas pelo índice - média de quatro locais

Figura 2: Valores de q obtidos para cada marca em função do tamanho do sintético - Linhagens ordenadas pelo índice - média de quatro locais.

Figura 3: Valores de q obtidos para cada marca em função do tamanho do sintético - Linhagens ordenadas pelo índice - média de quatro locais.

Figura 4: Valores de q obtidos para cada marca em função do tamanho do sintético - Linhagens ordenadas pelo *topcross* - média de quatro locais

Figura 5: Valores de q obtidos para cada marca em função do tamanho do sintético - Linhagens ordenadas pelo *topcross* - média de quatro locais

Figura 6: Valores de q obtidos para cada marca em função do tamanho do sintético - Linhagens ordenadas pelo *topcross* - média de quatro locais

5. CONCLUSÕES

O presente trabalho permitiu chegar às seguintes conclusões principais:

- a) O índice proposto possibilita obter um homólogo de tabela dialélica cuja utilidade fica evidente em situações nas quais é impraticável obter todos os cruzamentos possíveis entre as linhagens parentais.
- b) A natureza do índice leva em conta não só o comportamento próprio das linhagens como a complementaridade genotípica de cada uma com todas as demais. Essa complementaridade é medida em todos os locos, independentemente do grau de dominância dos QTL's associados aos marcadores. Em relação a essa propriedade, o índice tende a ser superior aos parâmetros de capacidade específica de combinação ou de heterose que dependem da existência de dominância gênica.
- c) Por levar em conta a complementaridade genotípica o índice tende a ser superior às seleções baseadas no comportamento das linhagens em *topcross*, já que esse último critério não mensura a complementaridade.

- d) Para ser de utilidade o índice requer o emprego de número adequado de marcadores co-dominantes, suficientemente bem distribuídos pelos cromossomos. Requer, portanto, que os marcadores expliquem grande parte da variância genética entre as progênes usadas como base inicial de todo o processo seletivo (alto valores de p e/ou de R^2).
- e) O uso do índice e dos demais parâmetros propostos permitem um monitoramento bastante rigoroso das propriedades genéticas e do potencial dos diferentes sintéticos que podem ser obtidos. Desse modo pode-se aumentar a eficiência do processo de escolha de sintéticos mais próximos do ideal.
- f) Linhagens com frequência elevada de alelos favoráveis de QTL's foram identificadas tanto através do índice como através das médias de suas progênes *topcross*. Essa concordância não foi observada nas linhagens logo abaixo das superiores pelo fato de o índice levar em consideração a complementaridade genotípica, o que não ocorre com o critério de seleção baseado nos *topcrosses* apenas.
- g) A eficiência do índice pode ser incrementada incluindo-se avaliações das linhagens com mais de um testador. Pode também ser aumentada incorporando-se efeitos de dominância nas medidas de complementaridade.
- h) Em relação aos QTL's associados aos marcadores utilizados, o índice proposto foi mais eficiente que o critério das médias dos *topcrosses* por levar a sintéticos com frequências mais elevadas de alelos favoráveis. O mesmo obviamente não pode ser dito em relação aos QTL's não abrangidos pelos marcadores.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- AJMONE-MARSAN, P., MONFREDINI, G., BRANDOLINI, A., MELCHINGER, A. E., GARAY, G.; MOTTO, M. Identification of QTL for grain yield in an elite hybrid of maize: repeatability of map position and effects in independent samples derived from the same population. **Maydica**, v.41, p.49-57, 1996.
- BEARZOTI, E. Simulação de seleção recorrente assistida por marcadores moleculares em espécies autógamas. Piracicaba, 1997. 230p. Tese (Doutorado) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo.
- BEARZOTI, E.; VENCOVSKY, R. Estimation of the proportion of genetic variance explained by molecular markers. **Genetics and Molecular Biology**, v. 21, p. 557-566, 1998.
- BEAVIS, W. D., SMITH, O. S., GRANT, D.; FINCHER, R. Identification of quantitative trait loci using a small sample of topcrossed and F₄ progeny of maize. **Crop Science**, v. 34, p. 882-896, 1994.

- BERKE, T. G.; ROCHEFORD, T. R. Quantitative trait loci for flowering, plant and ear height, and kernel traits in maize. **Crop Science**, v. 35, p. 1542-1549, 1995.
- BERNARDO, R. Relationship between single-cross performance and molecular marker heterozygosity. **T.A.G.**, v. 83, p. 628-634, 1992.
- BERNARDO, R. Prediction of maize single-cross performance using RFLPs and information of related hybrids. **Crop Science**, v. 34, p. 20-25, 1994.
- BERNARDO, R. Selection response with marker-based assortative mating. **Crop Science**, v. 39, p. 69-73, 1999.
- BUBECK, D. M., GOODMAN, M. M., BEAVIS, W. D.; GRANT, D. Quantitative trait loci controlling resistance to gray leaf spot in maize. **Crop Science**, v 33, p. 838-847, 1993.
- DUBREUIL, P., DUFOUR, P., KREJCI, E., CAUSSE, M., VIENNE, D. de, GALLAIS, A.; CHARCOSSET, A. Organization of RFLP diversity among inbred lines of maize representing the most significant heterotic groups. **Crop Science**, 36: 790-799 1996.
- DUDLEY, J. W. Molecular markers in plant improvement: manipulation of genes affecting quantitative traits. **Crop Science**, v. 33, p. 660-668, 1993.

- DUDLEY, J. W., SAGHAI MAROOF, M. A.; RUFENER, G. K. Molecular markers and grouping of parents in maize breeding programs. **Crop Science**, v. 31, p.718-723, 1991.
- EDWARDS, M. & JOHNSON, L. RFLPs for rapid recurrent selection. *In: Proceedings of the symposium analysis of molecular marker data*. American Society for Horticultural Science. Corvallis, 1994.
- EDWARDS, M. D.; PAGE, N. J. Evaluation of marker-assisted selection through computer simulation. **Theoretical and Applied Genetics**, v.88, p.376-382, 1994.
- FALCONER, D. S. ; MACKAY, T. F. C. **Introduction to Quantitative Genetics**. 4.ed. Essex: Longman, 1996. 464p.
- GERDES, J. T.; TRACY, W. F. Diversity of historically important sweet corn inbreds as estimated by RFLPs, morphology, isozymes, and pedigree. **Crop Science**, v.34, p.26-33, 1994.
- GODSHALK, E. B., LEE, M.; LANKEY, K. R. Relationship of restriction fragment length polymorphisms to single-cross hybrid performance of maize. **Theoretical and Applied Genetics**, v.80, p.273-280, 1990.
- GOLDMAN, I. L., ROCHEFORD, T. R.; DUDLEY, J. W. Molecular markers associated with maize kernel oil concentration in an Illinois high protein x Illinois low protein cross. **Crop Science**, v.34, p.908-915, 1994.

- GOMES, F. P. **Curso de Estatística Experimental**. 13.ed. São Paulo: Livraria Nobel, 1990. 467p.
- HAHN, V., BLANKENHORN, K., SCHWALL, M.; MELCHINGER, A. E. Relationships among early european maize inbreds: III. Genetic diversity revealed with RAPD markers and comparison with RFLP and pedigree data. **Maydica**, v.40, p.299-310, 1995.
- HALLAUER, A. R. & MIRANDA FILHO, J B. **Quantitative Genetics in Maize Breeding**. 1.ed. Iowa: Iowa State University Press. 1981. 468p.
- HOSPITAL, F., CHEVALET, C.; MULSANT, P. Using markers in gene introgression breeding programs. **Genetics**, v.132, p.1199:1210, 1992.
- JANSEN, R. C., VAN OOIJEN, J. W., STAM, P., LISTER, C.; DEAN, C. Genotype-by-environment interaction in genetic mapping of multiple quantitative trait loci. **Theoretical and Applied Genetics**, v.91, p.33-37, 1995.
- KENNARD, W. C.; HAVEY, M. J. Quantitative trait analysis of fruit quality in cucumber: QTL detection, confirmation, and comparison with mating-design variation. **Theoretical and Applied Genetics**, v.91, p.53-61, 1995.
- KERNS, M. R., DUDLEY, J. W.; RUFENER II, G. K. Tester and type of progeny affect QTL detection in maize. **Maydica**, v.44, p.69-83, 1999.

- KOZUMPLICK, V., PEJIC, I., SENIOR, L., PAVLINA, R., GRAHAM, G.; STUBER, C. W. Use of molecular markers for QTL detection in segregating maize populations derived from exotic germplasm. **Maydica**, v.41, p.211-217, 1996.
- LANDE, R.; THOMPSON R. Efficiency of marker-assisted selection in the improvement of quantitative traits. **Genetics**, v.124, p.743-756, 1990.
- LANZA, L. L. B., SOUZA JR., C. L., OTTOBONI, L. M. M., VIEIRA, M. L. C.; SOUZA, A. P. de. Genetic distance of inbred lines and prediction of maize single-cross performance using RAPD markers. **Theoretical and Applied Genetics**, v.94, p.1023-1030, 1997.
- LEE, M., GODSHALK, E. B., LAMKEY, K. R.; WOODMAN, W. W. Association of restriction fragment length polymorphisms among maize inbreds with agronomic performance of their crosses. **Crop Science**, v.29, p.10067-1071, 1989.
- LEE, S. H., BAILEY, M. A., MIAN, M. A. R., CARTER JR., T. E., ASHLEY, D. A., HUSSEY, R. S., PARROT, W. A.; BOERMA, H. R. Molecular markers associated with soybean plant height, lodging, and maturity across locations. **Crop Science**, v.36, p.728-735, 1996.
- LEON, A. J., LEE, M., RUFENER, G. K., BERRY, S. T.; MOWERS, R. P. Use of RFLP markers for genetic linkage analysis of oil percentage in sunflower seed. **Crop Science**, v.35, p.558-564, 1995.

LYNCH, M. & WALSH, B. **Genetics and Analysis of Quantitative Traits**. 1.ed.
Sunderland: Sinauer Associates, Inc. 1998. 980p.

LORENZEN, L. L., BOUTIN, S., YOUNG, N., SPECHT, J. E.; SHOEMAKER,
R. C. Soybean pedigree analysis using map-based molecular markers: I.
Tracking RFLP markers in cultivars. **Crop Science**, v.35, p.1326-1336,
1995.

MA, Z. -Q.; SORRELLS, M. E. Genetic analysis of fertility restoration in wheat
using restriction fragment length polymorphisms. **Crop Science**, v.35,
p.1137-1143, 1995.

MELCHINGER, A. E., LEE, M., LAMKEY, K. R.; WOODMAN, W. L. Genetic
diversity for restriction fragment length polymorphisms: relation to estimated
genetic effects in maize inbreds. **Crop Science**, v.30, p.1033-1040, 1990.

MESSMER, M. M., MELCHINGER, A. E., BOPPENMAIER, J., BRUNKLAUS-
JUNG, E.; HERRMANN, R. G. Relationships among early european maize
inbreds: I. Genetic diversity among flint and dent lines revealed by RFLPs.
Crop Science, v.32, p.1301-1309, 1992.

MESSMER, M. M., MELCHINGER, A. E., HERRMANN, R. G.;
BOPPENMAIER, J. Relationships among early european maize inbreds: II.
Comparison of pedigree and RFLP data. **Crop Science**, v.33, p.944-950,
1993.

- MOREAU, L., MONOD, H., CHARCOSSET, A.; GALLAIS, A. Marker-assisted selection with spatial analysis of unreplicated field trials. **Theoretical and Applied Genetics**, v.98, p.234-242, 1999.
- MUMM, R. H.; DUDLEY, J. W. A classification of 148 U. S. maize inbreds: I. Cluster analysis based on RFLPs. **Crop Science**, v.34, p.842-851, 1994.
- MUMM, R. H., HUBERT, L.; DUDLEY, J. W. A classification of 148 U. S. maize inbreds: II. Validation of cluster analysis based on RFLPs. **Crop Science**, v.34, p.852-865, 1994.
- OGLIARI, J. B. Identificação e localização de um gene de resistência de milho a *Exserohilum turcicum* (Pass.) Leonard & Suugs. Através do uso de marcadores microssatélites. Piracicaba, 1997. 115p. Tese (Doutorado) - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", Universidade de São Paulo.
- OPENSHAW, S. J., JARBOE, S. G.; BEAVIS, W. D. Marker-assisted selection in backcross breeding. In: **Proceedings of the symposium analysis of molecular marker data**. American Society for Horticultural Science. Corvallis, 1994.
- RAGOT, M., SISCO, P. H., HOISINGTON, D. A.; STUBER, C. W. Molecular-marker-mediated characterization of favorable exotic alleles at quantitative trait loci in maize. **Crop Science**, v.35, p.1306-1315, 1995.
- SAS INSTITUTE INC. Statistical Analyses System. Release 6.12, (software). Cary, 1992.

- SCHÖN, 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**, v.34, p.378-389, 1994.
- SELIG, L., LAMBERT, R. J., ROCHEFORD, T. R.; SILVA, W. J. da. RFLP and cluster analysis of introgression of exotic germplasm into U. s. maize inbreds. **Maydica**, v.44, p.85-92, 1999.
- SMITH, O. S.; SMITH, J. S. C. Measurement of genetic diversity among maize hybrids; a comparison of isozymic, RFLP, pedigree, and heterosis data. **Maydica**, v.37, p.53-60, 1992.
- STROMBERG, L. D., DUDLEY, J. W.; RUFENER, G. K. Comparing conventional early generation selection with molecular marker assisted selection in maize. **Crop Science**, v.34, p.1221-1225, 1994.
- STUBER, C. W. Enhancement of grain yield in maize hybrids using marker-facilitated introgression of QTLs. *In: **Proceedings of the symposium analysis of molecular marker data***. American Society for Horticultural Science. Corvallis, 1994.
- VELDBOOM, L. R.; LEE, M. Genetic mapping of quantitative trait loci in maize in stress and nonstress environments: II. Plant height and flowering. **Crop Science**, v.36, p.1320-1327, 1996.

Tabela 1: *Topcrosses* de linhagens de milho. Iowa, Slater, EUA, 1996. Produtividade de grãos em kg/ha, em nível de parcelas. Bloco 1

bl.	trat.	Locais							
		Local 1		Local 2		Local 3		Local 4	
		rep 1	rep 2	rep 1	rep 2	rep 1	rep 2	rep 1	rep 2
1	1	9186,28	9051,74	8978,25	.	5896,85	7579,47	10818,08	7773,99
1	2	10201,16	10638,00	8023,54	7363,47	8245,45	8384,82	9238,79	8453,79
1	3	9262,03	8094,32	6929,32	6738,26	.	7789,07	8580,73	9181,06
1	4	10485,06	9908,59	9355,05	9134,65	7648,44	8384,82	9679,52	8725,19
1	5	11522,49	10965,62	8689,14	8371,82	.	8606,60	9008,84	8404,23
1	6	8918,27	9320,06	.	8891,76	8790,45	9549,57	9442,79	.
1	7	9718,72	8403,66	.	8553,15	.	8339,79	8119,89	7014,81
1	8	9285,33	8975,23	7146,14	7316,23	.	8311,90	8918,27	8975,23
1	9	11436,26	9969,45	8727,64	8706,60	10923,66	.	9089,36	8398,76
1	10	9765,89	9759,42	6613,96	7093,64	7926,87	8361,90	8556,86	8098,34
1	11	9921,34	9186,28	8049,79	7539,84	9406,68	8411,89	7929,07	8925,05
1	12	10803,95	9446,06	6278,80	8474,95	10052,24	8880,39	8610,75	9112,35
1	13	10893,20	11025,86	9751,50	10757,59	.	7162,10	8624,63	7967,57
1	14	12010,84	9409,63	.	7637,01	.	9320,12	8348,52	8203,87
1	15	11933,33	10811,30	9982,39	6634,81	.	5866,96	8633,55	9546,68
1	16	10737,62	8861,23	6662,19	7341,80	.	7832,09	8258,64	7363,03
1	17	11085,34	9885,60	9154,68	9013,86	8832,28	9638,95	9376,72	8721,42
1	18	8720,41	9161,66	8652,14	9064,49	.	7538,14	8883,41	7955,20
1	19	10463,52	10390,34	7865,63	8108,77	9119,51	.	8777,13	8867,52
1	20	9413,15	8815,76	5723,94	.	8275,09	7346,89	8171,08	8181,63
1	21	9953,25	10596,61	7605,03	9227,42	7668,79	8675,32	8941,00	8053,88
1	22	9273,65	8419,74	6621,87	7253,17	.	7141,56	9197,46	9425,71
1	23	9329,86	9100,48	6509,94	.	9843,08	8061,10	9141,37	9328,29
1	24	11402,90	9506,42	7359,82	8819,09	7936,36	7473,95	10048,53	7289,54
1	25	9984,84	8929,20	7632,92	6758,73	7549,26	8771,17	8371,82	6631,29
1	26	7948,86	9120,83	7220,95	7632,92	.	7572,94	8446,75	7641,34
1	27	8725,69	10030,25	6400,28	8407,12	.	10155,75	9182,76	8692,46
1	28	9478,85	10002,87	7904,76	8201,60	.	7306,75	8952,31	8601,39
1	29	11313,09	9603,33	7439,40	6888,25	8947,22	7956,39	9323,08	8316,23
1	30	8916,70	10399,83	5645,61	5857,03	8828,95	9480,54	7998,10	7513,90
1	31	11262,46	11815,38	8372,51	7791,77	.	8627,64	9002,12	7665,77
1	32	8962,80	8757,47	7071,21	8232,13	8390,10	9189,92	7545,93	8298,58
1	T 1	10027,80	11900,99	7443,55	9969,01	.	9594,35	9728,89	9666,96
1	T 2	10038,61	9993,51	6168,07	.	8149,03	7874,99	8925,05	8527,84
1	T 3	9567,47	9708,48	8980,51	8871,10	.	10239,35	8966,88	.
1	T 4	9296,88	9084,27	7798,30	7955,07	9220,88	10150,28	8161,03	9990,18
1	T 5	10944,01	8558,68	10306,74	8003,69	11411,76	12074,72	9280,43	9135,02
1	T 6	9907,46	11696,67	8829,26	8632,61	11436,26	10918,58	8986,60	9117,19
1	T 7	10380,42	9174,66	.	10838,68	9895,34	11590,77	8558,11	8592,16
1	T 8	9350,59	10133,95	8181,25	9552,08	11184,07	9692,84	9061,91	.

Tabela 2: *Topcrosses* de linhagens de milho. Iowa, Slater, EUA, 1996. Produtividade de grãos em kg/ha, em nível de parcelas. Bloco 2

bl.	trat.	<i>Locais</i>							
		<i>Local 1</i>		<i>Local 2</i>		<i>Local 3</i>		<i>Local 4</i>	
		<i>rep 1</i>	<i>rep 2</i>	<i>rep 1</i>	<i>rep 2</i>	<i>rep 1</i>	<i>rep 2</i>	<i>rep 1</i>	<i>rep 2</i>
2	33	8764,44	10720,29	9388,46	8235,96	.	9128,68	8635,37	8760,86
2	34	9548,31	10328,92	10967,00	9518,54	9549,57	9337,59	9006,77	9931,96
2	35	9587,44	9821,98	8354,30	9635,12	9346,88	8925,49	7821,98	9741,96
2	36	8364,47	10332,43	8624,63	9713,19	8775,19	9825,93	8214,86	8227,61
2	37	10259,70	10874,86	8810,11	9947,72	9480,54	9256,12	8506,30	9100,85
2	38	9093,63	9516,28	8973,16	10162,97	10255,24	10662,31	7816,70	7871,79
2	39	9956,70	10479,16	10146,26	12287,39	9612,32	9728,89	.	9417,86
2	40	9633,92	9612,57	8905,77	.	8882,97	7488,71	9238,03	.
2	41	9735,05	9363,40	8782,47	10892,64	.	10128,11	7424,33	8134,46
2	42	9553,72	9848,17	8539,27	6454,92	.	8899,11	8952,87	7727,20
2	43	9158,39	10055,88	9588,64	9536,51	10143,38	8919,96	9868,96	9180,69
2	44	9058,27	10329,80	11188,66	10272,26	9291,36	9705,21	9725,00	8805,21
2	45	9860,29	9272,64	11467,41	7726,01	8922,73	10180,62	6547,44	7630,03
2	46	9041,94	10108,45	9747,23	9827,32	9547,37	8306,81	8722,24	8409,57
2	47	10400,96	9671,55	9756,65	11286,39	9729,77	9872,35	9366,54	8788,12
2	48	9319,43	9269,19	.	8570,68	8637,82	9080,63	7889,56	8243,37
2	49	9644,73	10814,00	9506,80	.	9836,67	8696,23	7400,21	8966,88
2	50	8747,42	9482,87	10525,83	10142,12	9825,93	9205,87	8577,96	10237,90
2	51	8988,99	8967,38	9122,27	8356,81	8418,11	8675,32	7939,00	9845,03
2	52	11225,53	9867,01	10764,63	10306,74	10390,34	9147,02	7386,39	8008,28
2	T 1	10537,76	10501,14	9907,46	11215,98	9269,88	10843,08	9413,21	8971,53
2	T 2	10439,21	9873,23	.	8818,34	10720,29	9421,81	7939,00	9518,35
2	T 3	10778,20	10419,86	8883,41	9972,22	10001,80	10871,34	8021,21	8003,00
2	T 4	10011,85	9825,93	11197,89	.	9933,34	9849,74	9940,75	8377,28
2	T 5	10237,90	11011,41	11692,84	10512,57	10165,55	10366,04	8345,00	10211,84
2	T 6	10205,43	10127,04	10811,30	11799,11	10332,06	11127,29	10408,81	8949,99
2	T 7	9724,75	12516,65	11664,70	10833,47	12000,98	12241,42	8955,14	10133,83
2	T 8	10564,70	11116,99	10912,99	.	.	10002,87	8532,61	8830,02

Tabela 3: : *Topcrosses* de linhagens de milho. Iowa, Slater, EUA, 1996. Produtividade de grãos em kg/ha, em nível de parcelas. Bloco 3

bl.	trat.	<i>Locais</i>							
		<i>Local 1</i>		<i>Local 2</i>		<i>Local 3</i>		<i>Local 4</i>	
		<i>rep 1</i>	<i>rep 2</i>	<i>rep 1</i>	<i>rep 2</i>	<i>rep 1</i>	<i>rep 2</i>	<i>rep 1</i>	<i>rep 2</i>
3	53	10667,15	9659,74	9671,11	8004,38	9351,09	8289,54	9158,95	9864,18
3	54	10683,23	11737,24	9798,17	8856,46	10662,63	9015,06	8903,76	9110,97
3	55	10565,14	10432,99	6133,21	7856,90	7859,85	8871,10	7450,02	7699,75
3	56	9716,90	9318,43	8539,27	6938,68	8510,94	.	.	9285,27
3	57	9903,76	9588,45	9041,25	8027,93	7502,65	8765,95	8148,66	9278,04
3	58	.	12303,10	9284,76	.	7904,76	.	7474,83	8986,42
3	59	9575,82	8733,98	8894,84	7765,70	7259,01	7925,68	8201,60	8008,15
3	60	10366,54	11328,10	9387,08	8340,41	8595,74	7068,07	9308,00	8043,89
3	61	10284,89	12264,09	9238,79	9827,32	8602,08	9301,22	9591,78	8351,03
3	62	11167,68	12298,45	11417,04	9320,82	10448,76	9258,07	10321,63	9813,12
3	63	11337,90	.	11049,54	9351,53	9741,96	8185,40	7632,48	9787,56
3	64	10985,59	10024,41	8624,63	9739,44	9921,53	.	9032,14	9317,74
3	65	9091,56	10052,24	8915,00	8018,07	8691,46	8168,57	8329,74	7797,23
3	66	10161,84	10614,07	9799,24	11714,13	8466,22	8675,32	9421,81	6860,36
3	67	8941,95	11322,82	10340,47	8974,98	7971,15	.	8678,27	7390,92
3	68	9327,85	10728,58	8161,09	8580,54	9261,21	9916,00	8585,75	9572,37
3	T 1	11975,67	11005,07	10610,05	10006,64	9699,12	.	9493,79	8512,39
3	T 2	9368,87	12078,55	9401,59	10649,25	8157,95	8421,94	10341,92	.
3	T 3	10472,81	9502,21	9675,50	8984,72	8684,74	.	8474,07	8152,17
3	T 4	9410,57	9980,32	10015,68	8936,10	8558,74	8888,43	9077,87	8951,74
3	T 5	9591,78	10525,76	11036,97	11606,66	10187,53	9716,90	9122,59	9097,90
3	T 6	12753,76	13099,53	10583,23	10624,94	10630,72	11384,56	9437,33	.
3	T 7	10729,02	10612,38	10326,03	8097,15	10742,08	10312,96	9715,95	10368,61
3	T 8	12418,86	9656,16	8689,14	9979,19	9086,22	.	9143,44	7595,74

Tabela 4: Médias ajustadas das progênes *topcross* de milho, por local e na média dos locais. Iowa, Slater, EUA, 1996.

<i>Linhagens</i>	<i>local 1</i>	<i>local 2</i>	<i>local 3</i>	<i>local 4</i>	<i>conjunta</i>
1	9567,85	10198,48	6601,78	9393,4	8940,37
2	10868,42	8757,31	8178,75	8943,65	9187,03
3	9127,01	7897,59	7588,72	8978,26	8397,9
4	10645,66	10308,65	7880,25	9299,72	9533,57
5	11692,89	9594,28	8406,25	8803,9	9624,33
6	9568,00	9799,13	9033,63	9323,7	9431,11
7	9510,03	9460,52	8139,44	7664,71	8693,68
8	9579,12	8294,99	8111,55	9044,11	8757,44
9	11151,69	9780,92	10851,24	8841,42	10156,32
10	10211,49	7917,6	8008	8424,96	8640,51
11	10002,65	8858,62	8772,9	8524,42	9039,65
12	10573,84	8440,68	9329,93	8958,91	9325,84
13	11408,37	11318,35	6961,75	8393,46	9520,48
14	11159,07	8544,38	9119,77	8373,56	9299,2
15	11821,15	9372,4	5666,61	9187,48	9011,91
16	10248,26	8065,8	7631,74	7908,2	8463,5
17	10934,31	10148,07	9099,23	9146,43	9832,01
18	9389,87	9922,12	7337,79	8516,67	8791,61
19	10875,77	9051	9047,09	8919,69	9473,39
20	9563,29	6944,17	7674,61	8273,72	8113,95
21	10723,77	9480,03	8035,67	8594,8	9208,57
22	9295,53	8001,32	6941,21	9408,95	8411,75
23	9664,01	7730,17	8815,71	9332,19	8885,52
24	10903,50	9153,26	7568,77	8766,4	9097,98
25	9905,86	8259,63	8023,83	7598,92	8447,06
26	8983,68	8490,74	7372,59	8141,41	8247,1
27	9826,81	8467,5	9955,4	9034,97	9321,17
28	10189,70	9116,98	7106,4	8874,21	8821,82
29	10907,05	8227,63	8315,42	8917,02	9091,78
30	10107,10	6815,12	9018,36	7853,36	8448,49
31	11987,76	9145,94	8427,29	8431,31	9498,07
32	9308,97	8715,47	8653,63	8019,62	8674,42
33	9683,23	7995,14	8749,63	8692,33	8780,08
34	9879,48	9425,7	9029,92	9463,58	9449,67
35	9645,57	8177,64	8722,52	8776,19	8830,48
36	9289,31	8351,84	8886,9	8215,45	8685,88
37	10508,14	8561,85	8954,67	8797,79	9205,61
38	9245,82	8751	10045,11	7838,46	8970,1
39	10158,79	10399,76	9256,94	9234,21	9762,42
40	9564,11	8060,38	7772,18	9410,12	8701,7
41	9490,09	9020,49	9749,06	7773,61	9008,31
42	9641,81	6680,03	8520,06	8334,25	8294,04

<i>Linhagens</i>	<i>local 1</i>	<i>local 2</i>	<i>local 3</i>	<i>local 4</i>	<i>conjunta</i>
43	9548,00	8745,51	9118,01	9519,04	9232,64
44	9634,90	9913,39	9084,62	9259,32	9473,06
45	9507,33	8779,64	9138,01	7082,95	8626,98
46	9516,06	8970,21	8513,43	8560,12	8889,95
47	9977,12	9704,45	9387,4	9071,55	9535,13
48	9235,17	7781,93	8445,56	8060,68	8380,84
49	10170,23	8661,41	8852,79	8177,76	8965,55
50	9056,01	9516,91	9102,24	9402,15	9269,32
51	8919,05	7922,47	8133,05	8886,23	8465,2
52	10487,13	9718,62	9355,02	7691,55	9313,08
53	9773,73	8591	9370,35	9419,97	9288,76
54	10820,52	9080,57	10388,88	8915,77	9801,43
55	10109,35	6748,31	8915,51	7483,29	8314,11
56	9127,95	7492,23	9001,75	9281,65	8725,89
57	9356,39	8287,84	8684,33	8621,75	8737,58
58	11767,88	8839,17	8395,57	8139,03	9285,41
59	8765,18	8083,52	8142,38	8013,28	8251,09
60	10457,60	8617	8381,94	8584,35	9010,22
61	10884,77	9286,31	9501,68	8879,81	9638,14
62	11343,35	10122,18	10403,45	9975,78	10461,19
63	11093,69	9953,79	9513,71	8618,42	9794,9
64	10115,28	8935,29	10412,34	9083,34	9636,56
65	9182,18	8219,79	8980,05	7971,89	8588,48
66	9998,24	10509,94	9120,8	8049,49	9419,62
67	9742,67	9410,98	8461,96	7943	8889,65
68	9638,50	8124,07	10138,64	8987,46	9222,17

Tabela 5: Genótipos das plantas-mãe das linhagens S₂ de milho - cromossomo 1.

Linhagens	S1	S2	S3	S4	S5	S6	S7	S8	S9	S10	S11	S12	S13	S14	S15	S16	S17	S18	S19	S20	S21	S22
1	1	0	1	-1	1	1	1	1	-1	-1	-1	1	-1	-1	-1	-1	-1	-1	-1	-1	-1	-1
2	0	1	1	-1	0	0	0	0	-1	-1	0	1	0	0	0	0	1	1	1	1	0	0
3	1	0	0	-1	0	1	0	0	-1	0	-1	1	-1	-1	-1	-1	-1	-1	0	1	-1	-1
4	1	-1	-1	-1	-1	-1	-1	-1	-1	0	-1	1	-1	-1	-1	-1	-1	-1	-1	0	-1	-1
5	0	-1	-1	-1	-1	-1	-1	-1	1	-1	1	1	1	1	1	1	1	0	0	1	0	1
6	1	-1	1	-1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	-1	-1
7	1	0	0	-1	0	0	0	1	-1	-1	-1	0	-1	-1	-1	1	0	-1	-1	-1	-1	-1
8	0	-1	0	-1	0	-1	-1	-1	-1	-1	-1	1	-1	-1	-1	-1	-1	0	0	1	1	1
9	1	-1	-1	-1	-1	-1	-1	-1	-1	1	-1	1	-1	0	0	-1	-1	-1	-1	1	-1	0
10	1	0	0	-1	0	0	0	0	-1	-1	0	1	0	0	-1	0	0	-1	0	1	-1	-1
11	1	-1	-1	-1	-1	-1	-1	-1	-1	0	-1	1	-1	-1	-1	-1	-1	-1	0	1	0	-1
12	-1	-1	-1	-1	-1	-1	-1	-1	-1	-1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0	0
13	0	-1	-1	-1	-1	-1	-1	-1	1	0	-1	0	0	-1	-1	0	0	-1	1	1	0	-1
14	0	-1	0	-1	0	0	0	1	-1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
15	0	0	0	-1	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	1	1	1
16	0	1	0	-1	-1	-1	-1	-1	-1	0	-1	1	-1	-1	-1	-1	-1	-1	-1	0	-1	-1
17	-1	-1	-1	-1	-1	-1	-1	-1	0	-1	-1	1	-1	-1	-1	-1	-1	-1	-1	-1	-1	-1
18	1	-1	-1	-1	-1	-1	-1	-1	1	1	0	0	1	0	0	1	1	-1	-1	0	-1	-1
19	0	0	-1	-1	1	1	1	1	-1	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1	-1	-1	-1
20	0	-1	-1	-1	-1	-1	-1	-1	-1	1	0	1	0	0	0	0	0	0	1	1	1	0
21	1	1	0	-1	0	0	0	-1	1	-1	-1	-1	1	-1	-1	1	1	0	1	1	1	1
22	1	-1	-1	-1	-1	-1	-1	-1	1	-1	0	0	1	0	0	1	1	0	0	1	0	1
23	1	0	-1	-1	-1	-1	-1	-1	-1	1	-1	1	-1	-1	-1	-1	-1	-1	-1	1	-1	-1
24	1	0	0	-1	1	1	1	1	-1	0	1	1	1	1	1	1	1	0	0	0	0	1
25	1	-1	-1	-1	-1	-1	-1	-1	-1	-1	-1	1	-1	-1	-1	-1	-1	1	1	1	1	0
26	1	-1	-1	-1	-1	-1	-1	-1	-1	-1	-1	1	-1	-1	-1	-1	-1	-1	-1	0	-1	-1
27	1	1	1	-1	0	-1	-1	-1	1	1	-1	-1	1	-1	-1	1	1	-1	-1	1	-1	-1
28	1	0	0	-1	0	0	0	0	0	1	-1	-1	1	-1	-1	1	1	0	1	1	0	0
29	1	-1	-1	-1	0	-1	-1	-1	-1	-1	-1	1	-1	-1	-1	-1	-1	-1	-1	0	-1	-1
30	1	-1	-1	-1	0	-1	-1	-1	0	0	-1	0	0	-1	-1	0	1	-1	-1	1	-1	0
31	1	-1	-1	-1	1	1	1	1	-1	1	0	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	1
32	1	0	1	-1	0	0	0	0	-1	1	-1	1	-1	-1	-1	-1	-1	0	0	0	0	-1
33	0	0	0	-1	1	-1	-1	-1	-1	-1	-1	1	-1	-1	-1	-1	-1	-1	0	1	-1	-1
34	0	-1	0	-1	0	0	0	1	-1	-1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0	0
35	1	-1	-1	-1	-1	-1	-1	-1	0	-1	0	0	1	0	-1	1	1	-1	1	-1	-1	-1

Linhagens	S23	S24	S25	S26	S27	S28	S29	S30	S31	S32	S33	S34	S35	S36	S37
36	0	-1	-1	-1	-1	0	-1	-1	-1	-1	-1	-1	0	1	-1
37	-1	0	-1	-1	-1	0	0	0	0	0	0	0	0	1	-1
38	0	-1	-1	1	-1	-1	-1	1	1	-1	-1	-1	-1	1	-1
39	-1	-1	-1	1	-1	-1	1	1	1	0	-1	-1	0	1	-1
40	-1	-1	1	-1	-1	-1	0	-1	-1	1	1	1	1	1	-1
41	0	-1	-1	1	-1	1	0	1	1	-1	-1	-1	0	1	-1
42	0	-1	1	1	-1	-1	1	1	1	-1	-1	-1	-1	0	-1
43	-1	-1	1	1	-1	-1	1	0	0	1	1	1	1	1	-1
44	0	0	-1	-1	-1	-1	0	1	1	0	0	0	0	-1	-1
45	-1	0	-1	1	1	-1	1	-1	-1	-1	-1	-1	-1	1	-1
46	-1	-1	-1	1	1	-1	0	-1	-1	-1	-1	-1	0	0	1
47	-1	-1	-1	0	-1	-1	1	1	1	0	0	0	0	1	-1
48	0	0	1	0	-1	-1	-1	-1	-1	0	0	0	0	0	-1
49	-1	1	-1	1	-1	-1	1	-1	-1	1	1	1	1	1	0
50	-1	-1	-1	0	0	0	-1	-1	-1	0	0	0	1	1	-1
51	-1	-1	-1	1	-1	-1	0	0	0	1	1	1	1	1	0
52	-1	-1	1	1	-1	-1	0	-1	-1	1	1	1	1	0	1
53	-1	0	0	1	-1	-1	0	0	0	0	0	0	1	1	1
54	1	-1	-1	1	0	-1	0	-1	-1	1	1	1	1	0	1
55	-1	0	-1	-1	-1	1	-1	1	1	-1	-1	-1	1	1	-1
56	0	-1	-1	0	-1	-1	0	0	0	-1	-1	-1	0	-1	-1
57	-1	-1	-1	0	-1	0	-1	-1	-1	0	-1	-1	0	1	-1
58	0	0	-1	-1	-1	1	-1	-1	-1	-1	-1	-1	1	1	-1
59	0	-1	1	1	-1	-1	0	-1	-1	0	-1	-1	-1	0	-1
60	-1	-1	-1	-1	-1	1	-1	-1	-1	-1	-1	0	0	1	-1
61	-1	0	1	1	-1	-1	0	0	0	1	1	1	1	0	0
62	-1	-1	0	1	1	-1	1	0	0	-1	-1	-1	-1	1	-1
63	-1	1	-1	1	0	-1	0	0	0	1	0	0	0	-1	-1
64	-1	-1	-1	-1	1	-1	0	-1	-1	-1	-1	-1	-1	-1	-1
65	-1	0	0	0	-1	-1	0	-1	-1	1	0	0	0	-1	0
66	-1	-1	-1	0	0	-1	0	-1	-1	-1	-1	-1	-1	-1	-1
67	-1	0	-1	-1	-1	-1	0	1	1	1	0	0	1	1	-1
68	-1	0	-1	-1	-1	0	0	1	1	1	0	0	1	1	-1

Linhagens	S38	S39	S40	S41	S42	S43	S44	S45	S46	S47	S48	S49	S50	S51	S52	S53	S54	S55	S56	S57	S58	S59
36	1	0	0	-1	-1	-1	-1	-1	1	-1	-1	0	-1	-1	-1	-1	-1	1	-1	-1	-1	-1
37	1	-1	1	1	-1	-1	-1	-1	1	-1	0	0	-1	-1	-1	1	-1	0	-1	-1	-1	-1
38	-1	-1	0	-1	1	1	1	1	-1	1	-1	1	1	-1	0	1	1	0	-1	-1	-1	-1
39	1	-1	-1	0	0	0	0	0	0	0	-1	0	0	-1	-1	-1	-1	0	1	1	0	1
40	1	-1	0	-1	1	1	1	1	-1	1	-1	-1	1	-1	1	0	1	1	-1	-1	-1	-1
41	-1	-1	-1	-1	0	0	0	0	0	0	-1	-1	0	-1	1	0	0	1	-1	-1	-1	-1
42	0	-1	1	1	-1	-1	-1	-1	1	-1	1	0	-1	-1	1	0	0	-1	1	1	-1	-1
43	1	1	-1	-1	1	1	1	1	-1	1	-1	0	1	1	1	-1	-1	1	-1	-1	1	1
44	-1	0	-1	1	-1	-1	-1	-1	0	0	0	-1	-1	-1	1	-1	1	0	-1	-1	-1	-1
45	1	1	-1	-1	0	0	0	0	-1	1	-1	0	0	1	-1	0	-1	-1	-1	-1	-1	-1
46	1	-1	-1	-1	1	1	1	1	-1	1	-1	0	0	0	0	0	-1	0	-1	-1	0	0
47	1	-1	1	1	-1	-1	-1	-1	0	0	1	-1	0	1	1	0	0	1	-1	-1	-1	-1
48	1	1	-1	-1	-1	-1	-1	-1	1	-1	-1	-1	-1	-1	0	-1	0	-1	-1	-1	0	1
49	1	0	1	-1	1	1	1	1	-1	1	-1	-1	0	-1	-1	1	-1	1	-1	-1	1	1
50	1	-1	1	0	-1	-1	-1	-1	1	-1	0	-1	-1	-1	-1	-1	-1	0	1	1	0	0
51	1	1	-1	-1	1	1	1	1	-1	1	-1	-1	-1	1	1	0	-1	-1	-1	-1	-1	-1
52	1	0	0	0	-1	-1	-1	-1	1	-1	0	-1	-1	-1	-1	-1	1	1	1	1	-1	-1
53	1	-1	-1	-1	1	1	1	1	-1	1	-1	1	1	-1	-1	-1	-1	-1	-1	-1	-1	-1
54	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	-1	0	-1	0	-1	0	0	1	1	-1	-1
55	1	-1	-1	0	-1	-1	-1	-1	1	-1	0	-1	-1	-1	-1	-1	-1	-1	-1	-1	-1	-1
56	1	-1	-1	-1	0	0	0	0	-1	1	-1	-1	1	0	1	-1	-1	0	0	0	0	0
57	1	0	1	-1	1	1	1	1	-1	1	-1	-1	1	0	-1	0	-1	-1	1	1	-1	-1
58	1	1	1	-1	1	1	1	1	-1	1	-1	-1	0	-1	1	0	1	0	-1	-1	0	0
59	-1	1	-1	-1	0	0	0	0	0	0	-1	-1	0	0	1	-1	-1	1	-1	-1	1	1
60	1	-1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1	1	-1	-1	0	1	1	-1	-1
61	0	-1	-1	-1	-1	-1	-1	-1	1	-1	-1	-1	-1	-1	0	-1	1	-1	-1	-1	0	0
62	1	1	1	-1	1	1	1	1	0	0	0	-1	0	1	1	-1	-1	-1	0	0	-1	-1
63	0	0	-1	-1	0	0	1	1	-1	1	-1	1	1	1	1	-1	-1	0	-1	-1	0	0
64	1	-1	-1	0	0	0	0	0	0	0	0	-1	0	-1	0	-1	-1	-1	-1	-1	-1	-1
65	-1	1	-1	-1	-1	-1	-1	-1	0	0	-1	-1	0	-1	1	-1	0	0	-1	-1	-1	-1
66	1	-1	0	-1	1	1	1	1	-1	1	-1	1	1	0	1	-1	0	0	-1	-1	0	0
67	-1	0	0	-1	-1	-1	-1	-1	1	-1	-1	-1	0	0	0	-1	0	0	-1	-1	-1	-1
68	-1	0	0	-1	1	1	1	1	-1	1	-1	-1	1	0	1	1	-1	1	-1	-1	-1	0

Linhagens	S60	S61	S62	S63	S64	S65	S66	S67	S68	S69	S70	S71	S73	S74	S75
36	-1	-1	-1	0	0	0	-1	-1	-1	-1	-1	-1	1	1	0
37	-1	-1	-1	-1	0	0	-1	-1	-1	-1	-1	-1	1	1	0
38	-1	-1	-1	-1	1	-1	-1	-1	-1	0	-1	-1	0	0	-1
39	0	0	0	0	0	-1	1	0	-1	-1	-1	-1	-1	-1	-1
40	0	0	-1	-1	-1	1	-1	-1	-1	-1	-1	-1	1	1	1
41	0	0	-1	0	0	0	0	0	-1	-1	-1	-1	1	1	0
42	1	1	-1	0	1	-1	-1	-1	0	0	0	0	1	1	1
43	0	0	0	-1	-1	1	0	0	0	-1	0	0	1	1	0
44	1	1	-1	1	0	0	1	1	1	0	1	1	1	1	0
45	1	1	-1	0	1	-1	1	1	0	0	0	0	0	0	1
46	-1	-1	0	0	0	0	-1	-1	-1	0	-1	-1	1	1	1
47	-1	-1	-1	0	0	0	-1	-1	-1	-1	-1	-1	1	1	1
48	1	1	0	0	0	0	1	1	0	-1	-1	0	1	1	0
49	1	0	0	1	-1	1	1	1	0	-1	0	0	0	0	-1
50	-1	-1	0	1	-1	1	-1	-1	-1	0	-1	-1	0	0	-1
51	1	1	-1	0	-1	1	0	0	0	0	0	0	1	1	-1
52	0	0	1	-1	-1	1	0	0	-1	1	-1	-1	0	0	1
53	1	1	-1	1	-1	1	-1	-1	-1	-1	0	-1	0	0	-1
54	1	1	0	0	-1	1	1	1	1	-1	1	1	1	1	0
55	0	0	0	0	-1	1	-1	-1	-1	1	-1	-1	-1	-1	0
56	-1	-1	-1	-1	0	0	-1	-1	-1	1	-1	-1	1	1	0
57	1	0	0	1	0	0	0	0	-1	-1	-1	-1	1	1	1
58	1	1	0	0	-1	1	0	0	-1	-1	-1	0	1	1	0
59	0	0	1	1	1	-1	1	1	-1	-1	-1	-1	0	0	1
60	0	0	0	1	0	0	0	0	-1	1	-1	-1	1	1	1
61	-1	-1	-1	0	-1	1	0	0	1	-1	1	-1	1	1	-1
62	0	0	-1	0	1	-1	1	-1	-1	1	-1	-1	1	1	1
63	0	0	-1	0	0	0	0	0	-1	1	-1	-1	0	0	0
64	0	0	-1	1	1	-1	0	0	-1	-1	-1	-1	1	1	1
65	-1	-1	-1	1	0	0	1	-1	-1	-1	-1	-1	1	1	0
66	-1	-1	0	1	1	-1	1	-1	-1	-1	-1	-1	1	1	1
67	-1	-1	0	0	-1	1	1	-1	-1	-1	-1	-1	1	1	1
68	1	1	1	0	-1	1	1	-1	0	-1	-1	-1	1	1	0

Tabela 9: Genótipos das plantas-mãe das linhagens S₂ de milho - cromossomo 5.

Linhagens	S76	S77	S78	S79	S80	S81	S82	S83	S84	S85	S86	S87	S88	S89	S90	S91	S92	S93	S94	S95	S96
1	-1	0	1	0	0	-1	-1	0	0	0	0	-1	0	-1	1	-1	-1	-1	-1	1	1
2	-1	1	1	0	0	-1	0	0	0	0	0	0	1	0	1	1	1	0	0	0	0
3	-1	-1	1	0	0	-1	1	0	1	-1	-1	-1	0	-1	0	-1	1	-1	1	-1	-1
4	-1	0	0	-1	1	0	0	0	1	-1	-1	-1	0	0	1	0	0	-1	-1	-1	0
5	-1	1	0	-1	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	1	-1	0	0	1	1	1
6	-1	-1	0	0	1	-1	0	0	0	-1	-1	0	0	-1	1	0	0	-1	-1	0	-1
7	-1	-1	1	-1	1	-1	-1	-1	0	-1	-1	-1	1	0	1	0	1	-1	1	-1	-1
8	-1	0	0	1	-1	-1	1	1	1	-1	-1	-1	1	-1	0	-1	1	-1	-1	-1	-1
9	-1	0	0	-1	1	-1	1	-1	-1	1	1	-1	-1	-1	1	-1	-1	0	0	0	0
10	0	-1	-1	-1	1	0	-1	0	0	0	0	0	0	-1	1	0	1	0	0	0	-1
11	-1	0	0	1	0	0	-1	1	1	-1	-1	-1	0	-1	0	0	1	-1	-1	-1	-1
12	-1	-1	1	-1	1	-1	-1	-1	-1	0	0	-1	-1	-1	1	1	1	-1	-1	-1	-1
13	-1	-1	-1	1	0	-1	-1	0	0	0	0	-1	0	0	-1	-1	1	-1	-1	0	-1
14	1	-1	0	1	0	-1	1	1	1	-1	-1	-1	0	-1	-1	-1	1	-1	-1	1	1
15	0	0	0	-1	1	1	0	1	1	-1	-1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
16	-1	-1	1	-1	1	-1	-1	-1	-1	-1	-1	-1	-1	-1	1	1	1	-1	-1	-1	-1
17	-1	-1	1	0	0	-1	0	1	1	-1	-1	1	1	0	1	0	1	0	0	-1	-1
18	-1	0	0	0	0	-1	1	0	0	-1	-1	0	0	-1	-1	-1	1	0	1	0	0
19	-1	-1	0	-1	1	-1	1	-1	0	-1	-1	-1	0	-1	1	1	1	-1	-1	-1	-1
20	0	-1	0	-1	1	0	-1	0	0	-1	-1	0	1	1	1	0	1	1	1	0	-1
21	-1	-1	0	-1	1	-1	-1	-1	0	-1	-1	-1	-1	-1	1	1	1	-1	-1	-1	-1
22	-1	-1	-1	-1	1	-1	0	1	1	-1	-1	-1	1	1	1	-1	-1	-1	-1	0	1
23	-1	-1	-1	-1	1	0	1	0	0	0	0	-1	-1	-1	1	-1	0	0	0	1	0
24	1	-1	1	0	0	-1	0	0	0	-1	-1	-1	1	-1	0	0	1	0	1	-1	0
25	1	-1	-1	-1	1	-1	-1	-1	-1	1	1	-1	-1	-1	1	0	0	-1	-1	1	1
26	1	-1	-1	0	-1	-1	-1	1	1	-1	-1	-1	0	-1	1	0	0	-1	-1	0	0
27	-1	-1	0	-1	1	0	0	-1	0	0	0	-1	-1	-1	1	-1	1	1	1	1	1
28	-1	-1	0	-1	1	-1	0	-1	-1	0	0	-1	-1	-1	1	-1	1	1	1	1	0
29	-1	0	0	0	0	0	-1	1	1	-1	-1	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1
30	-1	1	1	0	0	0	-1	1	1	-1	-1	-1	0	-1	0	0	1	-1	-1	-1	-1
31	1	-1	1	0	1	-1	-1	1	1	-1	-1	0	1	-1	0	0	1	0	1	1	0
32	-1	-1	1	-1	1	-1	1	-1	0	1	1	-1	-1	-1	1	0	0	-1	-1	0	0
33	-1	0	0	-1	1	1	0	1	1	-1	-1	1	0	0	1	1	1	0	0	0	0
34	-1	-1	0	-1	1	-1	0	-1	-1	1	1	-1	-1	-1	1	0	0	0	0	-1	-1
35	-1	1	1	1	-1	-1	-1	1	1	-1	-1	-1	1	-1	-1	-1	1	-1	-1	0	0

Linagens	S76	S77	S78	S79	S80	S81	S82	S83	S84	S85	S86	S87	S88	S89	S90	S91	S92	S93	S94	S95	S96
36	-1	-1	1	0	0	-1	1	0	0	-1	-1	-1	-1	-1	1	1	1	0	0	0	0
37	0	-1	0	-1	1	-1	1	-1	-1	-1	-1	-1	0	-1	1	1	1	1	-1	0	0
38	-1	-1	-1	0	0	0	1	1	1	-1	-1	0	1	0	0	0	1	0	-1	0	0
39	-1	-1	-1	-1	1	-1	1	-1	-1	1	1	-1	1	0	1	0	1	1	1	1	1
40	-1	0	0	-1	1	1	-1	1	1	-1	-1	1	1	1	1	-1	-1	1	0	1	1
41	0	1	1	1	-1	-1	0	1	1	-1	-1	-1	1	-1	-1	-1	1	-1	-1	-1	-1
42	0	0	0	-1	1	-1	0	-1	-1	1	1	-1	-1	-1	1	-1	-1	-1	-1	0	0
43	-1	0	0	-1	1	0	0	0	0	-1	-1	0	0	0	1	1	0	-1	-1	0	0
44	-1	-1	0	-1	1	-1	0	0	0	-1	-1	1	1	-1	-1	-1	0	-1	-1	-1	-1
45	0	-1	0	-1	1	-1	0	-1	-1	-1	-1	-1	0	-1	1	1	1	-1	0	0	0
46	-1	0	0	0	0	-1	1	0	0	-1	-1	-1	0	-1	0	-1	1	-1	-1	-1	-1
47	1	-1	0	-1	1	0	-1	0	0	-1	-1	0	-1	-1	1	0	1	-1	-1	-1	-1
48	-1	-1	1	-1	0	-1	0	1	1	-1	-1	0	1	-1	0	-1	0	-1	0	0	0
49	0	-1	0	1	-1	-1	-1	1	1	-1	-1	-1	1	-1	-1	-1	0	-1	1	-1	-1
50	-1	-1	0	-1	1	-1	-1	-1	-1	1	1	-1	-1	-1	1	-1	-1	-1	-1	-1	0
51	0	-1	0	0	0	-1	-1	0	0	-1	-1	-1	0	-1	1	1	1	-1	-1	0	0
52	-1	0	1	-1	1	-1	1	-1	-1	1	1	-1	0	-1	1	-1	1	-1	-1	-1	0
53	-1	0	1	-1	1	-1	0	-1	-1	-1	-1	-1	-1	-1	1	0	0	-1	-1	-1	-1
54	0	0	0	-1	1	-1	1	-1	0	1	1	-1	-1	-1	1	-1	-1	-1	-1	1	1
55	-1	1	1	0	0	-1	0	0	0	-1	-1	-1	0	-1	0	-1	1	-1	0	-1	-1
56	-1	-1	1	-1	1	-1	0	0	-1	0	0	-1	-1	-1	1	0	0	-1	0	0	-1
57	-1	-1	-1	-1	1	0	-1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	0	-1
58	-1	-1	-1	-1	1	1	-1	1	1	-1	-1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0
59	1	-1	-1	-1	0	-1	-1	1	1	-1	-1	-1	1	-1	-1	-1	1	-1	-1	-1	-1
60	-1	0	1	-1	1	0	1	0	0	-1	-1	-1	0	-1	1	0	1	0	0	-1	-1
61	0	1	1	1	-1	-1	-1	1	1	-1	-1	-1	1	-1	0	1	1	0	0	0	0
62	0	-1	-1	-1	1	0	1	0	0	0	0	0	0	-1	1	-1	-1	-1	-1	1	0
63	0	0	1	1	-1	-1	1	1	1	-1	-1	-1	0	-1	0	-1	0	-1	-1	0	0
64	-1	0	1	1	-1	-1	0	1	1	-1	-1	-1	1	-1	-1	-1	0	-1	-1	1	0
65	-1	1	-1	-1	1	-1	-1	0	0	-1	-1	1	1	1	1	1	0	1	1	1	0
66	-1	1	0	-1	1	1	-1	1	0	-1	-1	-1	-1	-1	1	0	1	-1	-1	1	0
67	-1	-1	1	-1	1	-1	-1	-1	-1	-1	-1	-1	-1	-1	1	0	1	-1	-1	-1	-1
68	-1	0	0	1	-1	-1	0	1	1	-1	-1	-1	1	-1	0	0	1	-1	-1	0	-1

Tabela 10: Genótipos das plantas-mãe das linhagens S₂ de milho - cromossomo 6.

Linhagens	S97	S98	S99	S100	S101	S102	S103	S104	S105	S106	S107	S108	S109
1	-1	1	1	-1	-1	1	-1	-1	1	0	-1	-1	-1
2	-1	0	0	-1	-1	1	-1	-1	1	0	0	1	-1
3	0	-1	-1	-1	-1	1	1	1	0	-1	-1	-1	-1
4	0	-1	-1	-1	-1	-1	-1	-1	1	0	0	0	-1
5	0	-1	-1	1	1	1	-1	-1	1	0	0	0	-1
6	0	-1	-1	-1	-1	0	-1	-1	0	0	-1	-1	-1
7	-1	0	0	-1	-1	0	-1	-1	0	0	-1	-1	-1
8	-1	-1	-1	0	0	0	-1	-1	0	0	-1	-1	1
9	1	-1	-1	-1	-1	1	-1	-1	1	-1	-1	-1	0
10	-1	-1	-1	-1	-1	-1	-1	-1	0	-1	-1	-1	-1
11	-1	1	1	-1	-1	0	-1	-1	0	0	0	-1	0
12	-1	1	1	-1	-1	1	-1	-1	1	1	0	-1	0
13	-1	-1	-1	-1	-1	-1	1	1	1	-1	-1	-1	0
14	-1	-1	-1	-1	-1	1	-1	-1	0	1	-1	-1	-1
15	0	-1	-1	-1	-1	1	-1	-1	-1	0	-1	-1	0
16	-1	0	0	-1	-1	0	-1	-1	0	0	-1	-1	1
17	0	-1	-1	0	0	0	0	0	0	0	-1	-1	0
18	0	-1	-1	-1	-1	-1	-1	-1	-1	0	-1	-1	0
19	1	-1	-1	-1	-1	-1	-1	-1	-1	0	1	0	0
20	-1	0	0	-1	-1	0	-1	-1	0	0	1	-1	0
21	-1	-1	-1	-1	-1	1	-1	-1	1	0	-1	-1	-1
22	-1	-1	0	0	0	1	-1	-1	1	0	-1	-1	-1
23	0	-1	-1	0	0	1	-1	-1	0	0	-1	-1	1
24	0	0	0	0	0	1	0	0	0	-1	-1	1	0
25	-1	1	0	-1	-1	1	0	0	1	0	0	0	0
26	-1	1	1	-1	-1	1	-1	-1	1	1	1	1	-1
27	-1	-1	-1	0	0	1	0	0	1	0	-1	-1	0
28	-1	-1	-1	0	0	0	0	0	0	0	-1	-1	-1
29	-1	1	1	-1	-1	1	0	0	1	1	-1	-1	0
30	-1	-1	-1	-1	-1	-1	-1	-1	-1	1	0	0	-1
31	-1	1	1	-1	-1	1	-1	-1	1	-1	-1	-1	1
32	-1	-1	-1	1	1	1	-1	-1	-1	1	-1	-1	-1
33	0	-1	-1	-1	-1	-1	-1	-1	-1	0	-1	-1	-1
34	-1	-1	0	0	0	1	0	0	1	-1	0	1	0
35	-1	0	-1	-1	-1	-1	-1	-1	-1	1	-1	-1	-1

Linhagens	S97	S98	S99	S100	S101	S102	S103	S104	S105	S106	S107	S108	S109
36	-1	-1	-1	1	1	1	0	0	0	0	-1	-1	-1
37	0	-1	-1	0	0	1	0	0	-1	0	-1	-1	0
38	1	-1	-1	-1	-1	1	-1	-1	-1	1	-1	-1	-1
39	-1	-1	0	0	0	1	-1	-1	-1	1	-1	-1	0
40	-1	1	-1	0	0	1	0	0	1	1	0	0	0
41	0	-1	0	-1	-1	0	-1	-1	0	0	-1	-1	-1
42	0	0	-1	-1	-1	1	-1	-1	0	1	-1	-1	-1
43	0	-1	-1	-1	-1	0	0	0	1	-1	0	1	-1
44	-1	-1	-1	0	0	0	1	1	1	0	-1	-1	-1
45	-1	-1	-1	0	0	0	-1	-1	-1	1	1	1	0
46	-1	-1	-1	1	1	1	-1	-1	0	1	0	-1	-1
47	-1	1	0	0	0	1	0	0	0	0	-1	-1	1
48	-1	0	0	0	0	1	0	0	0	-1	-1	0	-1
49	-1	-1	-1	-1	-1	-1	-1	-1	0	-1	1	-1	-1
50	-1	-1	-1	-1	-1	1	-1	-1	1	-1	-1	-1	-1
51	-1	0	0	0	0	1	-1	-1	1	-1	-1	-1	0
52	-1	-1	-1	1	1	1	1	1	1	-1	1	0	0
53	-1	0	-1	-1	-1	1	-1	-1	0	0	-1	-1	-1
54	0	-1	-1	-1	-1	1	0	0	0	1	-1	0	-1
55	-1	-1	-1	0	0	0	0	0	0	0	-1	-1	-1
56	0	0	0	-1	-1	1	0	0	1	-1	-1	0	0
57	-1	-1	-1	-1	-1	-1	-1	-1	0	-1	-1	-1	-1
58	-1	1	1	-1	-1	1	-1	-1	1	1	1	1	-1
59	-1	-1	-1	0	0	0	0	0	-1	-1	-1	-1	-1
60	1	-1	-1	-1	-1	1	-1	-1	-1	0	-1	-1	-1
61	-1	-1	-1	-1	-1	-1	-1	-1	-1	1	-1	-1	0
62	-1	-1	-1	1	1	1	1	1	1	-1	-1	-1	-1
63	1	-1	-1	-1	-1	1	-1	-1	-1	0	-1	-1	-1
64	-1	0	0	0	0	1	0	0	1	0	0	0	-1
65	-1	-1	-1	-1	-1	-1	-1	-1	0	0	0	0	-1
66	-1	1	0	0	0	1	-1	-1	-1	1	-1	-1	-1
67	-1	-1	-1	-1	-1	0	-1	-1	-1	0	-1	-1	-1
68	-1	-1	-1	1	1	1	0	0	0	0	-1	-1	-1

Tabela 11: Genótipos das plantas-mãe das linhagens S₂ de milho - cromossomo 7.

Linhagens	S110	S111	S112	S113	S114	S115	S116	S117	S118	S119	S120
1	-1	1	1	1	-1	1	1	-1	-1	0	0
2	1	0	0	0	0	1	0	1	0	1	1
3	0	-1	-1	-1	0	0	-1	-1	-1	0	0
4	0	-1	0	-1	0	0	-1	0	0	1	0
5	1	0	1	0	0	1	0	0	0	1	-1
6	1	-1	-1	-1	1	1	-1	1	0	1	-1
7	0	-1	-1	-1	0	0	-1	0	0	-1	-1
8	0	1	1	1	-1	1	1	-1	-1	1	-1
9	1	-1	1	1	-1	1	1	-1	-1	1	-1
10	-1	1	-1	-1	1	1	-1	1	1	1	0
11	0	-1	1	-1	1	1	-1	1	1	1	-1
12	-1	-1	-1	-1	-1	-1	-1	-1	-1	1	1
13	-1	1	1	0	0	1	-1	1	1	1	-1
14	1	-1	1	-1	1	1	-1	1	1	0	0
15	0	-1	1	-1	1	1	-1	1	1	1	-1
16	-1	1	1	1	-1	1	1	-1	-1	1	-1
17	0	0	0	0	-1	0	0	-1	-1	1	-1
18	1	-1	0	-1	1	1	-1	1	1	1	-1
19	-1	1	1	1	-1	1	0	1	0	1	0
20	0	0	0	0	0	1	0	0	0	1	-1
21	0	-1	1	-1	1	1	-1	1	1	1	-1
22	1	-1	0	-1	0	1	0	0	-1	0	0
23	0	0	0	1	-1	1	1	-1	-1	1	-1
24	0	0	1	0	0	1	-1	0	0	1	1
25	-1	0	0	0	-1	0	0	-1	-1	1	-1
26	-1	0	0	0	-1	1	0	-1	-1	1	-1
27	1	-1	1	-1	1	1	-1	1	1	0	-1
28	1	-1	0	-1	1	1	-1	0	0	-1	1
29	-1	1	1	1	-1	1	1	-1	-1	1	1
30	0	0	1	0	0	1	-1	0	0	1	-1
31	-1	0	0	0	-1	1	1	-1	-1	1	0
32	-1	-1	-1	-1	-1	-1	-1	-1	-1	-1	-1
33	0	-1	0	-1	0	0	-1	0	0	1	0
34	-1	-1	-1	-1	1	1	-1	1	1	1	-1
35	-1	-1	-1	-1	1	1	-1	1	1	1	-1

Linagens	S110	S111	S112	S113	S114	S115	S116	S117	S118	S119	S120
36	0	0	0	0	0	1	0	0	0	-1	1
37	-1	0	1	-1	1	1	-1	1	0	1	-1
38	-1	0	-1	1	-1	1	1	1	1	1	-1
39	0	0	1	0	0	1	0	0	-1	1	0
40	0	-1	0	-1	1	1	0	1	1	1	-1
41	0	0	0	0	0	0	-1	0	0	1	0
42	-1	-1	1	-1	1	1	-1	1	1	1	-1
43	0	-1	0	-1	0	1	-1	1	1	0	0
44	0	-1	0	-1	0	0	-1	0	0	1	1
45	0	-1	0	-1	0	0	0	-1	-1	0	0
46	1	-1	1	-1	1	1	-1	-1	-1	1	-1
47	1	-1	0	-1	1	1	-1	1	0	1	-1
48	1	-1	-1	-1	0	0	-1	0	0	1	0
49	-1	1	1	-1	1	1	-1	1	1	1	-1
50	0	-1	-1	-1	0	0	-1	0	1	1	-1
51	0	0	0	0	0	1	0	0	1	1	-1
52	-1	0	0	1	-1	1	1	-1	-1	0	1
53	-1	-1	-1	-1	-1	0	-1	-1	-1	-1	0
54	0	-1	-1	-1	1	1	-1	1	1	0	0
55	-1	1	1	1	-1	1	0	0	-1	1	-1
56	-1	0	0	0	-1	0	0	-1	-1	1	-1
57	-1	0	1	0	1	1	-1	1	1	1	-1
58	0	-1	0	-1	0	0	-1	1	0	1	0
59	0	0	-1	-1	-1	-1	-1	-1	-1	1	-1
60	-1	-1	-1	-1	-1	-1	-1	-1	0	1	-1
61	1	-1	-1	0	0	1	0	0	-1	1	0
62	1	-1	-1	-1	1	1	-1	1	1	1	0
63	0	-1	-1	-1	0	1	-1	1	1	1	-1
64	0	-1	0	-1	0	0	-1	0	0	-1	1
65	0	-1	0	-1	0	0	-1	0	0	1	0
66	-1	-1	-1	-1	-1	-1	-1	-1	-1	1	0
67	-1	1	1	-1	1	1	-1	1	1	1	-1
68	0	-1	-1	-1	1	1	-1	1	1	1	-1

Tabela 12: Genótipos das plantas-mãe das linhagens S₂ de milho - cromossomo 8.

Linhagens	S121	S122	S123	S124	S126	S127	S129	S130	S131	S132
1	0	1	1	0	0	1	1	0	1	1
2	1	0	0	1	1	0	0	1	0	0
3	-1	1	1	0	1	1	-1	0	-1	-1
4	-1	1	1	-1	-1	-1	-1	-1	-1	-1
5	1	1	1	1	1	1	-1	-1	0	0
6	0	0	0	0	-1	-1	-1	0	0	-1
7	-1	1	1	-1	-1	-1	-1	1	0	0
8	-1	1	1	-1	-1	1	-1	-1	-1	-1
9	0	1	1	0	-1	-1	-1	-1	-1	-1
10	0	1	1	-1	-1	-1	-1	0	-1	-1
11	1	1	1	-1	-1	0	-1	-1	-1	-1
12	-1	-1	-1	-1	-1	-1	0	-1	0	0
13	0	0	0	0	1	1	-1	-1	-1	-1
14	1	0	0	0	1	1	0	-1	0	0
15	1	-1	-1	-1	-1	-1	0	0	0	0
16	-1	1	1	0	0	1	1	1	1	1
17	1	0	0	0	0	0	0	-1	-1	-1
18	1	0	0	-1	-1	-1	-1	-1	-1	-1
19	1	0	0	1	0	-1	-1	0	-1	-1
20	0	0	0	-1	-1	-1	0	-1	-1	-1
21	-1	1	1	0	-1	-1	0	0	0	0
22	0	0	0	1	-1	0	-1	-1	-1	-1
23	1	-1	-1	-1	-1	-1	-1	0	-1	-1
24	-1	1	1	1	1	1	0	0	0	1
25	0	-1	-1	0	0	0	-1	-1	-1	-1
26	1	0	0	-1	-1	-1	-1	-1	-1	-1
27	1	0	1	-1	-1	0	-1	1	-1	-1
28	0	-1	1	0	-1	0	-1	0	-1	-1
29	-1	1	1	0	-1	0	-1	-1	-1	-1
30	1	1	0	0	-1	-1	-1	-1	-1	-1
31	0	0	1	-1	-1	-1	1	-1	1	1
32	0	1	0	1	0	0	1	1	1	1
33	1	0	-1	-1	-1	0	0	0	0	0
34	-1	1	-1	-1	-1	-1	-1	-1	-1	-1
35	0	-1	-1	-1	-1	-1	0	-1	0	0

Linagens	S121	S122	S123	S124	S126	S127	S129	S130	S131	S132
36	0	0	1	0	-1	-1	-1	0	0	0
37	-1	1	1	0	1	1	1	-1	1	1
38	-1	-1	-1	-1	1	-1	-1	-1	-1	-1
39	-1	0	0	0	0	-1	0	1	0	0
40	0	1	1	0	0	0	-1	-1	-1	-1
41	1	1	1	1	1	0	0	-1	0	0
42	-1	0	0	-1	0	-1	-1	-1	-1	-1
43	0	1	1	-1	-1	-1	-1	-1	-1	-1
44	0	1	1	-1	-1	-1	0	0	0	0
45	0	0	0	-1	-1	0	-1	1	-1	-1
46	-1	1	1	-1	0	0	0	0	0	0
47	0	1	1	1	1	-1	1	0	1	1
48	1	-1	-1	-1	-1	0	0	-1	0	-1
49	1	1	1	0	1	-1	-1	0	-1	-1
50	-1	1	1	-1	-1	-1	-1	0	0	0
51	0	1	1	-1	-1	-1	-1	-1	-1	-1
52	-1	0	0	1	-1	-1	0	0	0	0
53	1	1	1	0	-1	0	-1	-1	-1	-1
54	-1	1	-1	-1	-1	-1	1	-1	1	1
55	-1	1	1	0	-1	-1	-1	1	-1	-1
56	1	0	0	1	-1	-1	-1	-1	-1	-1
57	-1	1	1	-1	1	1	-1	-1	-1	-1
58	0	1	1	0	0	0	-1	0	-1	-1
59	0	0	0	-1	-1	-1	-1	-1	-1	-1
60	0	0	0	0	-1	-1	-1	-1	-1	-1
61	1	1	1	-1	-1	0	0	0	0	0
62	0	1	1	0	0	0	-1	1	-1	-1
63	1	0	0	-1	-1	0	-1	-1	-1	0
64	1	-1	-1	-1	-1	-1	1	1	0	-1
65	1	-1	-1	-1	-1	-1	-1	-1	-1	-1
66	-1	1	1	-1	-1	0	0	0	0	0
67	0	1	1	-1	-1	0	-1	0	-1	-1
68	0	1	1	-1	1	-1	0	-1	-1	-1

Tabela 13: Genótipos das plantas-mãe das linhagens S₂ de milho - cromossomo 9.

Linhagens	S133	S134	S135	S136	S137	S138	S139	S140	S141	S142	S143	S144	S145	S146	S147	S148
1	0	0	0	0	0	0	-1	0	0	-1	1	1	-1	0	-1	-1
2	0	-1	-1	0	0	-1	-1	-1	1	0	1	1	-1	1	1	1
3	-1	-1	-1	0	-1	-1	0	-1	0	-1	1	1	-1	-1	-1	-1
4	-1	0	0	0	1	-1	-1	-1	1	0	1	1	-1	0	0	1
5	-1	-1	-1	0	1	0	0	0	0	-1	1	1	-1	-1	-1	-1
6	1	0	0	0	0	0	-1	-1	1	-1	1	1	-1	1	0	1
7	1	1	1	1	-1	0	0	1	0	-1	-1	0	0	0	-1	0
8	1	1	1	1	-1	0	0	-1	0	-1	0	0	0	-1	-1	-1
9	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	1	-1	-1	-1	-1
10	-1	1	1	1	1	1	0	0	1	-1	1	1	-1	1	-1	-1
11	0	-1	-1	0	-1	1	1	1	-1	-1	1	-1	1	-1	-1	-1
12	1	1	1	0	-1	0	-1	-1	1	-1	1	1	-1	1	1	1
13	1	1	1	1	1	1	0	0	1	-1	0	0	0	-1	-1	-1
14	1	1	1	1	1	1	1	-1	1	-1	1	1	-1	0	0	0
15	0	1	0	0	0	1	1	1	-1	-1	0	0	0	1	-1	-1
16	0	0	0	1	0	0	0	0	0	-1	1	1	-1	-1	-1	-1
17	-1	-1	-1	0	1	-1	-1	-1	1	1	1	1	-1	-1	-1	-1
18	1	1	1	1	-1	1	1	1	0	-1	1	1	-1	1	0	0
19	1	1	1	1	-1	0	0	0	0	0	0	0	1	-1	-1	-1
20	-1	-1	-1	0	-1	1	1	0	0	-1	1	1	-1	0	-1	-1
21	0	-1	-1	0	-1	1	1	1	-1	-1	-1	-1	1	-1	1	1
22	1	-1	-1	0	-1	1	1	1	-1	0	1	1	-1	-1	-1	-1
23	0	-1	0	0	1	0	0	0	0	-1	1	1	-1	0	-1	-1
24	-1	-1	-1	0	1	1	1	1	-1	-1	1	1	-1	1	-1	0
25	1	-1	-1	0	1	0	0	0	0	-1	1	1	-1	1	0	0
26	0	1	1	0	0	-1	-1	-1	1	-1	1	1	-1	0	0	-1
27	1	1	1	1	0	1	0	0	0	-1	0	1	0	1	0	0
28	0	0	0	0	-1	1	1	1	-1	-1	0	0	0	0	-1	-1
29	1	1	1	1	-1	-1	-1	-1	1	-1	1	1	0	1	-1	-1
30	-1	-1	-1	0	0	-1	-1	-1	1	-1	1	1	0	-1	-1	-1
31	1	0	1	1	1	1	0	-1	1	-1	1	1	-1	-1	-1	-1
32	-1	-1	-1	0	-1	-1	-1	-1	1	-1	1	1	-1	1	1	-1
33	1	0	0	0	0	1	0	1	-1	-1	0	0	0	-1	1	-1
34	-1	-1	-1	1	1	-1	-1	-1	1	0	-1	-1	1	0	-1	-1
35	0	-1	0	1	-1	-1	-1	-1	1	-1	1	1	-1	0	0	-1

Linhagens	S133	S134	S135	S136	S137	S138	S139	S140	S141	S142	S143	S144	S145	S146	S147	S148
36	0	0	0	1	-1	-1	-1	-1	1	-1	1	1	-1	-1	-1	-1
37	-1	0	0	1	-1	0	0	0	0	-1	1	1	-1	0	-1	-1
38	1	-1	-1	-1	0	-1	-1	-1	1	-1	1	1	-1	0	0	-1
39	0	0	0	-1	-1	-1	-1	-1	1	-1	1	1	-1	0	-1	-1
40	0	0	0	0	1	-1	-1	-1	1	-1	1	1	-1	-1	-1	-1
41	0	0	0	0	1	1	1	1	-1	-1	1	1	-1	0	-1	-1
42	1	0	0	1	0	-1	-1	-1	1	-1	1	0	0	-1	-1	-1
43	0	0	0	0	1	-1	-1	-1	1	1	1	1	-1	-1	-1	-1
44	-1	-1	-1	1	1	0	0	0	0	-1	1	1	-1	1	-1	0
45	-1	0	0	0	-1	0	0	-1	1	0	1	1	-1	1	-1	-1
46	-1	0	0	0	0	-1	-1	0	0	0	1	1	-1	-1	-1	-1
47	1	1	1	1	1	-1	-1	-1	1	1	1	1	-1	1	1	1
48	-1	0	0	1	-1	1	0	0	0	-1	0	0	-1	-1	-1	-1
49	1	1	1	1	-1	1	0	1	-1	-1	0	0	0	-1	-1	0
50	0	1	0	1	-1	1	1	1	-1	-1	-1	-1	1	-1	1	-1
51	0	1	0	1	1	0	-1	0	0	1	0	0	0	0	-1	0
52	-1	-1	-1	1	-1	1	0	1	-1	-1	-1	-1	1	-1	-1	-1
53	-1	0	0	1	-1	1	0	0	1	-1	1	1	-1	0	-1	-1
54	1	0	0	0	0	-1	-1	-1	1	-1	1	1	-1	1	-1	-1
55	1	1	1	1	-1	-1	-1	-1	1	-1	1	1	-1	0	-1	-1
56	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	1	-1	1	0	0
57	1	1	1	1	1	-1	-1	0	0	-1	0	0	0	-1	-1	-1
58	0	1	1	1	0	0	0	0	0	-1	1	1	-1	0	0	0
59	0	-1	-1	0	0	0	0	0	0	-1	1	1	-1	1	-1	-1
60	-1	-1	-1	0	1	1	1	1	-1	1	1	1	-1	1	-1	-1
61	1	1	1	1	0	-1	-1	-1	1	-1	1	1	-1	1	1	1
62	1	1	0	0	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0	-1	-1
63	1	1	1	1	1	1	1	1	-1	1	0	0	0	1	1	1
64	1	1	1	1	-1	1	1	1	-1	-1	-1	0	0	0	-1	-1
65	0	-1	0	0	1	1	1	1	-1	-1	0	0	-1	1	-1	-1
66	-1	1	-1	0	1	-1	-1	-1	1	0	1	1	-1	-1	-1	-1
67	1	1	1	0	0	1	1	1	-1	0	1	1	-1	1	-1	0
68	1	0	0	1	1	-1	-1	-1	1	1	1	1	-1	-1	-1	-1

Tabela 14: Genótipos das plantas-mãe das linhagens S₂ de milho - cromossomo 10.

Linhagens	S149	S150	S151	S152	S153	S154
1	0	0	0	0	0	1
2	-1	0	0	0	1	0
3	-1	-1	-1	-1	0	0
4	-1	-1	-1	1	1	1
5	-1	-1	-1	-1	1	1
6	-1	-1	-1	0	0	1
7	-1	0	-1	-1	1	1
8	-1	-1	-1	-1	-1	1
9	0	1	-1	-1	0	0
10	1	1	1	1	1	1
11	-1	0	-1	-1	-1	0
12	-1	-1	-1	-1	-1	0
13	1	1	1	1	1	1
14	-1	-1	-1	-1	0	1
15	-1	-1	-1	-1	0	1
16	-1	-1	-1	-1	1	1
17	-1	-1	-1	-1	-1	1
18	0	0	0	-1	-1	-1
19	-1	-1	-1	-1	1	1
20	-1	-1	0	0	0	1
21	-1	-1	-1	-1	-1	0
22	-1	-1	-1	-1	0	1
23	0	1	0	0	1	0
24	0	1	-1	-1	0	1
25	0	-1	-1	-1	1	-1
26	-1	-1	-1	-1	-1	1
27	-1	-1	-1	1	-1	1
28	0	0	0	0	-1	1
29	1	1	1	1	0	1
30	-1	-1	-1	-1	-1	0
31	1	1	0	0	-1	1
32	-1	-1	-1	-1	0	1
33	-1	-1	-1	-1	0	1
34	-1	-1	-1	-1	1	1
35	-1	-1	-1	-1	0	-1

Linhagens	S149	S150	S151	S152	S153	S154
36	-1	-1	-1	0	0	1
37	-1	-1	-1	-1	0	0
38	0	0	-1	-1	-1	0
39	0	1	1	1	-1	1
40	0	0	0	0	-1	1
41	-1	-1	0	0	0	1
42	0	0	-1	-1	1	0
43	-1	-1	-1	-1	0	-1
44	-1	-1	-1	-1	1	1
45	0	0	0	0	1	1
46	-1	-1	-1	0	1	0
47	1	1	1	1	1	0
48	-1	-1	-1	-1	0	1
49	-1	-1	-1	-1	-1	-1
50	-1	-1	-1	-1	-1	0
51	-1	-1	-1	-1	-1	-1
52	0	0	0	0	0	1
53	-1	-1	-1	-1	-1	1
54	1	1	1	0	0	-1
55	-1	-1	-1	-1	0	-1
56	-1	-1	-1	-1	0	-1
57	-1	-1	-1	-1	1	0
58	-1	-1	-1	-1	0	-1
59	0	0	0	1	1	0
60	-1	-1	-1	-1	1	1
61	-1	-1	0	0	-1	1
62	-1	-1	-1	1	1	1
63	-1	-1	-1	-1	0	1
64	-1	-1	-1	-1	1	-1
65	-1	-1	-1	-1	0	1
66	-1	0	0	0	1	1
67	-1	0	0	-1	1	1
68	0	-1	-1	-1	0	1

Tabela 15: Genótipos das plantas-mãe das linhagens S₂ de milho - marcas extras.

Linhagens	S155	S156	S157	S158	S159
1	-1	0	-1	1	1
2	-1	0	-1	0	0
3	-1	-1	-1	-1	-1
4	0	-1	0	1	0
5	0	0	0	1	1
6	-1	0	0	0	0
7	1	-1	-1	-1	-1
8	-1	-1	-1	-1	-1
9	-1	-1	-1	1	1
10	0	-1	0	1	1
11	-1	0	0	-1	-1
12	-1	-1	-1	-1	-1
13	-1	-1	-1	-1	-1
14	-1	-1	-1	1	1
15	1	-1	0	1	1
16	0	-1	-1	-1	-1
17	0	-1	0	0	0
18	0	-1	0	0	0
19	0	-1	-1	-1	-1
20	-1	-1	0	0	0
21	0	-1	-1	-1	-1
22	1	-1	-1	1	1
23	0	-1	0	1	1
24	0	-1	-1	0	0
25	-1	-1	-1	0	0
26	-1	0	0	0	0
27	0	-1	0	1	1
28	-1	0	-1	1	1
29	0	1	0	1	1
30	-1	0	0	-1	-1
31	1	-1	0	0	-1
32	-1	1	-1	0	0
33	0	-1	1	1	0
34	0	-1	1	1	0
35	0	-1	-1	-1	-1

Linhagens	S155	S156	S157	S158	S159
36	-1	-1	-1	1	0
37	0	-1	-1	1	1
38	-1	-1	0	0	0
39	0	-1	-1	1	1
40	1	-1	1	1	1
41	-1	-1	-1	-1	-1
42	-1	-1	-1	1	1
43	1	-1	0	0	0
44	1	-1	0	-1	-1
45	-1	-1	-1	0	0
46	-1	-1	-1	0	0
47	-1	-1	0	-1	-1
48	1	-1	-1	0	0
49	1	-1	-1	-1	-1
50	0	-1	-1	1	1
51	1	-1	-1	1	1
52	1	0	0	-1	-1
53	0	-1	-1	-1	-1
54	1	-1	-1	1	1
55	-1	0	-1	0	-1
56	-1	-1	-1	0	0
57	-1	-1	0	1	1
58	-1	-1	1	1	1
59	-1	-1	-1	-1	-1
60	-1	-1	0	1	0
61	1	1	-1	1	0
62	-1	-1	0	1	1
63	1	-1	-1	0	0
64	-1	-1	-1	0	0
65	1	-1	1	1	1
66	-1	-1	0	-1	-1
67	0	1	-1	-1	-1
68	0	-1	-1	0	0

Tabela 16: Valores calculados do índice de seleção nos quatro locais avaliados e na média dos locais. Iowa, Slater, Eua, 1996.

<i>Pares de linhagens</i>	<i>lii'</i>				
	<i>local 1</i>	<i>local 2</i>	<i>local 3</i>	<i>local 4</i>	<i>média</i>
1 2	0,3761	0,6280	-0,2365	0,4253	0,3261
1 3	0,0558	0,2639	-0,4488	0,3455	0,5662
1 4	0,0595	0,7105	0,1579	0,5863	0,3499
1 5	0,8021	0,6233	-0,4184	0,4766	0,7070
1 6	0,3106	0,7154	0,0299	0,4860	0,3687
1 7	0,0541	0,6783	-0,1687	0,0837	0,1414
1 8	0,1221	0,4347	0,2773	0,4124	0,5472
1 9	0,3767	0,4752	0,6547	0,6558	0,8031
1 10	0,3115	0,4310	-0,0348	0,1416	-0,0846
1 11	0,0559	0,3484	-0,2298	0,0673	-0,0792
1 12	0,7554	0,7968	0,2630	0,2308	0,1500
1 13	0,0453	0,4212	-0,2989	0,1833	-0,1537
1 14	0,8420	0,6951	-0,2463	0,3830	0,7466
1 15	0,6167	0,5583	-0,3332	0,2738	0,2794
1 16	0,2100	0,3813	-0,2800	0,1364	-0,0269
1 17	0,1867	0,2830	0,0873	0,4772	0,2151
1 18	0,2897	0,4470	-0,1623	0,3912	0,6298
1 19	0,7887	0,6516	0,0938	0,3225	0,6900
1 20	0,3385	0,4749	-0,3527	0,1324	-0,1124
1 21	0,1655	0,7440	-0,0942	0,1968	0,0872
1 22	0,3491	0,4772	-0,3451	0,3749	0,3412
1 23	0,0512	0,3988	-0,0618	0,5485	0,5569
1 24	0,9068	0,7405	-0,6251	0,2923	0,3071
1 25	0,1251	0,4446	-0,1292	0,0982	-0,0640
1 26	0,0803	0,3780	-0,0986	-0,0254	-0,1170
1 27	0,0223	0,6029	-0,2257	0,3109	0,2756
1 28	0,0826	0,3940	-0,3672	0,4467	0,1597
1 29	0,2035	0,4327	-0,5015	0,1526	-0,0859
1 30	0,0242	0,3484	-0,1796	0,1987	-0,1148
1 31	0,8689	0,6813	-0,2615	0,3315	0,0657
1 32	0,2156	0,4112	0,0280	0,2257	0,5798
1 33	0,1051	0,4673	-0,1861	0,2403	0,1534
1 34	0,7365	0,8041	0,2316	0,4460	0,3626
1 35	0,3598	0,4165	0,1588	0,2948	-0,0997
1 36	0,0152	0,3792	-0,0644	0,3230	0,5644
1 37	0,1597	0,3536	-0,0065	0,1467	0,6218
1 38	0,0617	0,4097	0,1882	0,2775	0,6146
1 39	0,7468	0,7637	0,0656	0,3901	0,6885
1 40	0,1089	0,4019	-0,3085	0,4524	-0,0418
1 41	0,0319	0,4249	-0,1976	0,0265	0,1422
1 42	0,0654	0,3529	0,3036	0,2085	0,2026
1 43	0,0700	0,3834	0,1508	0,3164	0,3305

<i>Pares de linhagens</i>	<i>local 1</i>	<i>local 2</i>	<i>local 3</i>	<i>local 4</i>	<i>média</i>
1 44	0,2242	0,4502	0,0065	0,4050	0,2552
1 45	0,0889	0,2987	-0,3705	0,2442	0,1733
1 46	0,0691	0,2429	0,0992	0,3121	0,6345
1 47	0,0683	0,6737	0,3908	0,4896	0,1946
1 48	0,1423	0,4451	-0,4375	0,1979	0,1532
1 49	0,2910	0,5249	-0,2035	0,0804	0,0331
1 50	0,3336	0,5506	0,0622	0,2804	-0,0060
1 51	0,7498	0,7372	-0,0468	0,3711	0,2365
1 52	0,2215	0,6132	0,2560	0,1959	0,6914
1 53	0,0771	0,3823	-0,1504	0,1719	0,2281
1 54	0,1192	0,3434	0,1785	0,4842	0,6671
1 55	0,1966	0,3333	-0,1165	0,1271	0,1463
1 56	0,1102	0,4561	0,0792	0,1491	0,2318
1 57	0,0232	0,4147	-0,4286	0,2051	-0,1071
1 58	0,7544	0,6365	-0,4160	0,1388	0,0047
1 59	0,0191	0,4412	-0,1969	0,2381	-0,1785
1 60	0,1493	0,3780	0,3612	0,1408	0,6851
1 61	0,2012	0,6527	-0,3697	0,6920	0,1129
1 62	0,7999	0,7941	0,4324	0,5978	0,7948
1 63	0,4667	0,6301	0,0708	0,1776	0,8523
1 64	0,0158	0,5042	-0,0990	0,0468	0,1845
1 65	0,1461	0,4670	-0,1395	0,2316	-0,0811
1 66	0,0481	0,2713	0,1196	0,1835	-0,0671
1 67	0,1301	0,4704	-0,2130	0,1517	0,0142
1 68	0,1238	0,3562	0,2956	0,2563	0,2750
2 3	0,2351	0,2974	-0,1291	0,2543	0,2948
2 4	0,2280	0,4246	0,3442	0,6454	0,0953
2 5	0,4364	0,4334	-0,1827	0,2488	0,4217
2 6	0,0627	0,2451	0,1896	0,5767	0,1174
2 7	0,2416	0,5501	0,0286	-0,0062	0,4402
2 8	0,2841	0,3764	0,4696	0,2372	0,3316
2 9	0,3492	0,5125	0,6782	0,8294	0,5416
2 10	0,0107	0,3388	0,1500	0,1054	0,3336
2 11	0,2618	0,2499	0,0678	0,0430	0,2793
2 12	0,3191	0,2783	0,3172	0,1269	0,4193
2 13	0,2892	0,4949	-0,0123	0,1482	0,2868
2 14	0,4633	0,2940	0,0151	0,2375	0,4214
2 15	0,4333	0,4089	-0,2043	0,4081	0,1809
2 16	0,4196	0,3776	0,0085	0,3195	0,3422
2 17	0,3637	0,3702	0,2184	0,1859	0,0899
2 18	0,0473	0,0951	0,0773	0,3660	0,3114
2 19	0,4093	0,4370	0,1338	0,2291	0,3972
2 20	0,0539	0,2737	-0,2231	0,0728	0,2373
2 21	0,3691	0,5222	0,0195	0,0718	0,4009
2 22	0,0776	0,3024	-0,2545	0,4376	0,1318

<i>Pares de linhagens</i>	<i>local 1</i>	<i>local 2</i>	<i>local 3</i>	<i>local 4</i>	<i>média</i>
2 23	0,2593	0,3243	0,1008	0,7664	0,2729
2 24	0,5107	0,4384	-0,2080	0,2623	0,1284
2 25	0,2884	0,1813	-0,1279	0,0685	0,2563
2 26	0,2705	0,3207	0,0245	-0,0027	0,2518
2 27	0,2818	0,4323	-0,0466	0,1927	0,1026
2 28	0,3169	0,4741	-0,3064	0,5863	0,0682
2 29	0,3906	0,3872	-0,2786	0,1602	0,2770
2 30	0,2343	0,2499	0,0597	0,0737	0,2416
2 31	0,5252	0,4912	0,0146	0,6194	0,4091
2 32	0,3897	0,4216	0,0010	0,1455	0,3006
2 33	0,2999	0,4479	0,0459	0,1157	0,0559
2 34	0,3409	0,5522	0,2068	0,3440	0,2125
2 35	0,1208	0,1770	0,2708	0,1094	0,2713
2 36	0,2353	0,3499	0,0196	0,1262	0,2820
2 37	0,3981	0,3070	0,1764	0,2023	0,3532
2 38	0,2085	0,3351	0,3720	0,0880	0,3433
2 39	0,3631	0,5075	0,1010	0,1864	0,3941
2 40	0,3057	0,3450	0,0136	0,3603	0,3058
2 41	0,2215	0,4219	0,0079	-0,0282	0,0372
2 42	0,2719	0,2783	0,3456	0,4840	0,0856
2 43	0,2671	0,2702	0,2978	0,3916	0,2101
2 44	0,3566	0,2854	0,0924	0,5521	0,0833
2 45	0,3281	0,5491	-0,1591	0,3220	0,0967
2 46	0,3387	0,5048	0,3099	0,1915	0,3759
2 47	0,2766	0,3757	0,4533	0,2009	0,4324
2 48	0,2840	0,3983	-0,2765	0,1468	0,0410
2 49	0,4567	0,2943	0,0776	0,2752	0,3359
2 50	0,0601	0,4442	0,0647	0,1847	0,3930
2 51	0,3631	0,3030	0,1183	0,3895	0,2890
2 52	0,3506	0,5980	0,2144	0,1924	0,4286
2 53	0,2397	0,3485	0,1108	0,4680	0,1268
2 54	0,3504	0,4009	0,2137	0,6304	0,4071
2 55	0,3514	0,1983	-0,0003	0,0889	0,0295
2 56	0,2631	0,2040	0,1453	0,0997	0,0143
2 57	0,2511	0,3286	-0,0744	0,1393	0,2525
2 58	0,3613	0,1693	-0,0589	0,0539	0,2806
2 59	0,1708	0,3666	-0,0495	0,1198	0,1891
2 60	0,2590	0,3207	0,3616	0,2968	0,4017
2 61	0,3489	0,3829	-0,2132	0,7019	0,3685
2 62	0,3931	0,6771	0,5616	0,3940	0,5109
2 63	0,5894	0,4516	0,1731	0,1964	0,5260
2 64	0,2933	0,5490	0,0694	-0,0104	0,1378
2 65	0,3313	0,4205	0,0066	0,1076	0,2788
2 66	0,2625	0,4190	0,3396	0,2283	0,3415
2 67	0,3254	0,2817	-0,1071	0,1032	0,3084

<i>Pares de linhagens</i>	<i>local 1</i>	<i>local 2</i>	<i>local 3</i>	<i>local 4</i>	<i>média</i>
2 68	0,2791	0,2988	0,4222	0,1137	0,1436
3 4	-0,1653	0,3126	0,2652	0,3324	0,2708
3 5	0,6869	0,3341	-0,3291	0,3770	-0,0358
3 6	0,0664	0,3069	0,1161	0,4961	0,2764
3 7	-0,1908	0,2902	-0,0507	0,0804	0,6721
3 8	-0,0311	-0,0588	0,3986	0,2567	0,0527
3 9	0,2395	0,1578	0,7564	0,6201	0,1039
3 10	0,1154	0,1008	0,0824	0,0799	0,5526
3 11	-0,0976	-0,2339	-0,0607	0,1709	0,4871
3 12	0,5797	0,4755	0,3772	0,3035	0,7318
3 13	-0,0479	0,0776	-0,1219	0,1231	0,5262
3 14	0,6985	0,3276	-0,1527	0,3588	0,0518
3 15	0,4477	0,1597	-0,2006	0,2581	0,2047
3 16	0,0541	0,0064	-0,1095	0,1725	0,5604
3 17	-0,1210	-0,1750	0,1946	0,2408	0,1441
3 18	0,1319	-0,0116	-0,0916	0,2477	-0,1257
3 19	0,6264	0,3157	0,1927	0,2806	-0,0223
3 20	0,1664	0,0246	-0,2057	0,1359	0,4714
3 21	0,0630	0,4041	0,0606	0,0922	0,6917
3 22	0,1763	0,0173	-0,2801	0,5879	-0,0095
3 23	-0,1106	-0,1424	0,0105	0,5014	-0,2215
3 24	0,7630	0,4965	-0,4538	0,3869	0,2851
3 25	-0,0353	-0,1233	0,0076	0,1016	0,5200
3 26	-0,1816	-0,1399	0,0379	0,0827	0,4786
3 27	-0,0734	0,1809	-0,0924	0,1901	0,1832
3 28	-0,1209	0,0058	-0,2599	0,3176	0,0870
3 29	0,0470	-0,0136	-0,3123	0,2476	0,5012
3 30	-0,1294	-0,2339	-0,0171	0,0941	0,4522
3 31	0,7132	0,3680	-0,1177	0,4625	0,6342
3 32	-0,0756	0,0397	0,0870	0,0457	-0,1597
3 33	-0,1331	0,0332	-0,0788	0,1361	0,0644
3 34	0,5242	0,4164	0,3212	0,4810	0,2943
3 35	0,1322	-0,0692	0,2732	0,0767	0,4929
3 36	-0,1477	-0,0449	0,0108	0,1508	-0,2039
3 37	0,0313	-0,0752	0,0915	0,1789	-0,1238
3 38	-0,1925	-0,1525	0,2454	0,0544	-0,1635
3 39	0,6229	0,4315	0,1642	0,3515	-0,0463
3 40	-0,0518	-0,0896	-0,1581	0,3792	0,5280
3 41	-0,1650	0,0106	-0,0903	0,0210	0,0563
3 42	-0,0604	-0,2092	0,4253	0,3192	0,1047
3 43	-0,1219	-0,2021	0,2581	0,2307	0,2517
3 44	-0,0271	0,0183	0,1139	0,2089	0,1752
3 45	-0,1247	0,1027	-0,2632	0,1164	0,1488
3 46	0,0064	0,0769	0,1969	0,2702	-0,0905
3 47	-0,0933	0,3293	0,5183	0,3521	0,7276

<i>Pares de linhagens</i>	<i>local 1</i>	<i>local 2</i>	<i>local 3</i>	<i>local 4</i>	<i>média</i>
3 48	-0,1905	-0,0446	-0,3679	0,2004	0,0764
3 49	0,0461	-0,0118	-0,0395	0,0321	0,5825
3 50	0,1391	0,2025	0,1771	0,2565	0,6353
3 51	0,5866	0,2900	0,0616	0,3936	0,5077
3 52	0,0376	0,2364	0,3401	0,1389	0,0103
3 53	-0,2855	-0,1175	-0,0720	0,3078	0,1427
3 54	-0,0225	0,0083	0,2423	0,3074	-0,0320
3 55	-0,0078	-0,2562	0,0116	0,0630	0,0470
3 56	-0,0762	-0,1091	0,1865	0,1483	0,1490
3 57	-0,1013	-0,1310	-0,2378	0,0704	0,4823
3 58	0,5806	0,1772	-0,2605	0,2402	0,5663
3 59	-0,2681	-0,0567	-0,0783	0,0699	0,4140
3 60	-0,1129	-0,1399	0,4258	0,2685	-0,0096
3 61	-0,0828	0,2819	-0,2494	0,4356	0,6425
3 62	0,6423	0,5763	0,4984	0,5754	0,1247
3 63	0,2011	0,3327	0,1242	0,2056	0,1994
3 64	-0,0823	0,1527	0,0083	0,0400	0,1683
3 65	-0,0821	-0,0273	-0,0038	0,1279	0,4991
3 66	-0,1274	-0,0371	0,2364	0,2712	0,5784
3 67	-0,0815	-0,0229	-0,0494	0,0891	0,5558
3 68	-0,1968	-0,1557	0,3864	0,1592	0,1802
4 5	0,6732	0,6691	0,2672	0,6972	0,4202
4 6	0,0990	0,2420	0,1712	0,7088	0,0566
4 7	-0,1899	0,4302	0,0864	0,4595	0,3625
4 8	-0,1128	0,2599	0,6579	0,6245	0,2681
4 9	0,2664	0,6901	0,9351	0,7153	0,5535
4 10	0,1146	0,4270	0,2243	0,4438	0,2932
4 11	-0,2380	0,1714	0,0856	0,5203	0,2096
4 12	0,5935	0,6444	0,7202	0,6472	0,4358
4 13	-0,1120	0,4265	0,2937	0,5031	0,2752
4 14	0,7117	0,4895	0,2607	0,7060	0,4076
4 15	0,4540	0,4404	0,1667	0,4937	0,1104
4 16	-0,0093	0,3141	0,3010	0,4262	0,2799
4 17	-0,0143	0,3399	0,4937	0,6185	0,0707
4 18	0,1114	0,3476	0,1801	0,5115	0,2981
4 19	0,6317	0,6522	0,4026	0,6272	0,3933
4 20	0,1445	0,2857	0,2116	0,5073	0,2057
4 21	-0,0099	0,5683	0,3373	0,4822	0,3788
4 22	0,1460	0,3076	0,1925	0,8844	0,0676
4 23	-0,2066	0,1936	0,3113	0,5523	0,2188
4 24	0,7685	0,7282	0,1618	0,6963	0,1838
4 25	-0,0851	0,1436	0,3925	0,4741	0,2112
4 26	-0,1729	0,1963	0,2635	0,4366	0,2017
4 27	-0,1545	0,2012	0,3122	0,5449	-0,0098
4 28	-0,0133	0,4244	0,2258	0,4056	0,0527

<i>Pares de linhagens</i>	<i>local 1</i>	<i>local 2</i>	<i>local 3</i>	<i>local 4</i>	<i>média</i>
4 29	-0,0005	0,2018	0,1494	0,5944	0,2152
4 30	-0,2398	0,1714	0,1636	0,4840	0,1905
4 31	0,7117	0,5967	0,1175	0,5344	0,3561
4 32	0,0668	0,3443	0,4399	0,4352	0,2735
4 33	-0,1249	0,3435	0,3584	0,5146	0,0000
4 34	0,5420	0,6641	0,5550	0,7886	0,1943
4 35	0,1520	0,3028	0,6010	0,4780	0,2165
4 36	-0,1374	0,2306	0,3489	0,5731	0,2475
4 37	-0,0143	0,2860	0,4667	0,5481	0,3019
4 38	-0,2204	0,2316	0,4780	0,4846	0,2930
4 39	0,6067	0,6267	0,4747	0,7227	0,3823
4 40	-0,1613	0,1938	0,1372	0,7199	0,2351
4 41	-0,2648	0,2725	0,1613	0,4085	-0,0274
4 42	-0,1569	0,1748	0,7848	0,5358	0,0246
4 43	-0,2175	0,2157	0,1934	0,4228	0,0911
4 44	-0,0456	0,1624	0,3597	0,2811	-0,0344
4 45	-0,0074	0,5867	0,2207	0,3917	0,1369
4 46	-0,0212	0,6057	0,2906	0,6381	0,3908
4 47	-0,1892	0,2682	0,6769	0,6996	0,3737
4 48	-0,1629	0,2684	0,1945	0,5313	-0,0388
4 49	0,0450	0,2320	0,0327	0,3038	0,2600
4 50	0,1390	0,6108	0,5202	0,6233	0,3889
4 51	0,5674	0,5089	0,2196	0,6244	0,2383
4 52	-0,0239	0,4767	0,6453	0,4743	0,3704
4 53	-0,1740	0,1993	0,2968	0,5355	0,0424
4 54	-0,0244	0,4767	0,5688	0,3826	0,3808
4 55	-0,0291	0,1684	0,3221	0,4445	-0,0419
4 56	-0,1319	0,1509	0,2902	0,5257	-0,0697
4 57	-0,2062	0,2421	0,2316	0,4893	0,2160
4 58	0,5944	0,4066	0,0983	0,5758	0,2695
4 59	-0,3032	0,2146	0,2218	0,4340	0,1481
4 60	-0,1574	0,1963	0,5774	0,6074	0,3478
4 61	-0,0853	0,1427	0,1850	0,4235	0,2968
4 62	0,6648	0,9124	0,5917	0,8948	0,5397
4 63	0,2848	0,4314	0,2960	0,5665	0,4950
4 64	-0,0174	0,6752	0,3599	0,4347	0,1721
4 65	-0,1021	0,2889	0,1217	0,5020	0,2159
4 66	-0,1186	0,3958	0,3610	0,6346	0,3301
4 67	-0,1387	0,1173	0,1668	0,4605	0,2362
4 68	-0,1707	0,1762	0,2381	0,5241	0,0295
5 6	0,3302	0,4193	0,1531	0,5203	0,4137
5 7	0,6361	0,6321	-0,0225	0,0540	0,8016
5 8	0,6919	0,3743	0,3923	0,2885	0,2413
5 9	0,6494	0,4848	0,6690	0,8096	0,2403
5 10	0,3495	0,2110	0,0484	0,0745	0,6935

<i>Pares de linhagens</i>	<i>local 1</i>	<i>local 2</i>	<i>local 3</i>	<i>local 4</i>	<i>média</i>
5 11	0,6604	0,2893	-0,0783	0,1477	0,6291
5 12	0,2442	0,3168	0,3598	0,2164	0,8419
5 13	0,7011	0,5186	-0,2209	0,1434	0,6734
5 14	0,2657	0,1057	-0,1529	0,0602	0,1357
5 15	0,5973	0,2295	-0,2185	0,2705	0,3113
5 16	0,7978	0,3778	-0,1273	0,3313	0,6863
5 17	0,7618	0,3649	0,2232	0,3623	0,3156
5 18	0,3084	0,2059	-0,0839	0,2418	0,0071
5 19	0,2143	0,0529	0,1880	0,0901	0,0417
5 20	0,3260	0,1434	-0,1683	0,0044	0,6053
5 21	0,7729	0,7759	0,0442	0,0645	0,8273
5 22	0,3619	0,1192	-0,2684	0,4013	0,0912
5 23	0,6631	0,3582	-0,0548	0,6891	-0,0330
5 24	0,3683	0,1796	-0,4466	0,1151	0,3658
5 25	0,7018	0,3759	-0,1400	0,1890	0,6671
5 26	0,6829	0,3216	0,0407	0,1604	0,6271
5 27	0,6674	0,5691	-0,2078	0,0856	0,3318
5 28	0,7646	0,4838	-0,3590	0,5356	0,2577
5 29	0,8266	0,4078	-0,3132	0,3704	0,6410
5 30	0,6423	0,2893	-0,0342	0,0664	0,6051
5 31	0,4866	0,2374	-0,1115	0,5814	0,7412
5 32	0,7798	0,4116	-0,0405	0,2030	0,0282
5 33	0,7456	0,4369	-0,0350	0,0834	0,2331
5 34	0,1748	0,2494	0,2250	0,4127	0,3817
5 35	0,3753	0,1120	0,2979	0,2425	0,6334
5 36	0,6958	0,3684	0,0297	0,3018	0,0055
5 37	0,7868	0,3453	0,0875	0,1973	0,0438
5 38	0,6384	0,3513	0,2944	0,2492	0,0608
5 39	0,1303	0,1936	0,0071	0,2861	0,0267
5 40	0,6954	0,3627	-0,1492	0,4560	0,6590
5 41	0,6786	0,4185	-0,0635	-0,0030	0,2216
5 42	0,6804	0,2945	0,3267	0,4402	0,2716
5 43	0,6902	0,3187	0,2605	0,3277	0,3865
5 44	0,8226	0,4159	0,1290	0,5572	0,3197
5 45	0,7711	0,5445	-0,2015	0,2737	0,3229
5 46	0,7518	0,5407	0,1932	0,2008	0,1141
5 47	0,6898	0,6722	0,5254	0,4294	0,8616
5 48	0,7242	0,3858	-0,2969	0,0766	0,2315
5 49	0,8180	0,4547	-0,0567	0,2168	0,7157
5 50	0,3481	0,3329	0,0745	0,1150	0,7519
5 51	0,1006	0,2059	0,0654	0,4071	0,6011
5 52	0,8016	0,5864	0,2221	0,1040	0,1329
5 53	0,6678	0,3267	-0,0185	0,4409	0,2975
5 54	0,7770	0,4752	0,1299	0,6835	0,0840
5 55	0,7523	0,2668	-0,0052	0,0815	0,2196

<i>Pares de Linhagens</i>	<i>local 1</i>	<i>local 2</i>	<i>local 3</i>	<i>local 4</i>	<i>média</i>
5 56	0,6831	0,3881	0,1319	0,2430	0,3134
5 57	0,6562	0,3530	-0,3553	0,2569	0,6302
5 58	0,1876	0,0987	-0,2497	0,0235	0,6813
5 59	0,6000	0,4143	-0,0339	0,0798	0,5667
5 60	0,6790	0,3216	0,3959	0,2842	0,1610
5 61	0,7764	0,6219	-0,2139	0,7456	0,7741
5 62	0,2484	0,3835	0,4803	0,3616	0,2093
5 63	0,9684	0,6848	0,1517	0,1827	0,3627
5 64	0,7453	0,6027	0,0434	0,0188	0,3337
5 65	0,7589	0,4086	-0,0013	0,0720	0,6410
5 66	0,7201	0,4340	0,2846	0,4180	0,7272
5 67	0,7172	0,4101	-0,0666	0,1073	0,6999
5 68	0,6890	0,2990	0,4033	0,1326	0,3347
6 7	0,0697	0,4359	-0,0353	0,4031	0,3985
6 8	0,1686	0,2505	0,5516	0,5950	0,2728
6 9	0,1968	0,6094	0,8211	0,7552	0,5361
6 10	-0,1155	0,3067	0,1372	0,4182	0,3117
6 11	0,1166	0,1630	0,0475	0,4760	0,2306
6 12	0,2478	0,3514	0,5514	0,5922	0,4125
6 13	0,1752	0,4599	0,2331	0,4804	0,2926
6 14	0,3558	0,1764	0,1184	0,4530	0,3650
6 15	0,2442	0,2859	-0,0115	0,3946	0,1228
6 16	0,2577	0,3026	0,2247	0,5298	0,3200
6 17	0,1478	0,3360	0,4857	0,6327	0,1150
6 18	-0,1158	0,1881	0,1247	0,4895	0,3105
6 19	0,2798	0,4021	0,2604	0,5437	0,4030
6 20	-0,0767	0,1245	0,0053	0,4130	0,2015
6 21	0,2766	0,5639	0,2058	0,4217	0,4139
6 22	-0,0158	0,1426	0,0587	0,5520	0,1245
6 23	0,0944	0,2244	0,2405	0,7555	0,2477
6 24	0,4458	0,4612	0,0372	0,4845	0,1590
6 25	0,1547	0,1385	0,2600	0,4687	0,2239
6 26	0,0679	0,1899	0,0709	0,4351	0,2166
6 27	0,1367	0,2807	0,2086	0,4501	0,0340
6 28	0,2025	0,4395	0,0548	0,6045	0,0510
6 29	0,2796	0,2513	0,0008	0,5542	0,2456
6 30	0,0890	0,1630	0,1203	0,4235	0,1921
6 31	0,3933	0,4014	0,0621	0,7134	0,3809
6 32	0,1767	0,3402	0,2622	0,4541	0,2810
6 33	0,1424	0,3408	0,2440	0,4470	-0,0049
6 34	0,1360	0,4251	0,5115	0,6627	0,2092
6 35	-0,1994	0,1555	0,4367	0,5110	0,2386
6 36	0,1479	0,2459	0,2089	0,4755	0,2521
6 37	0,2350	0,2730	0,3465	0,4446	0,3128
6 38	0,0390	0,2368	0,4282	0,5160	0,2727

<i>Pares de Linhagens</i>	<i>local 1</i>	<i>local 2</i>	<i>local 3</i>	<i>local 4</i>	<i>média</i>
6 39	0,2616	0,3928	0,3803	0,5606	0,3401
6 40	0,1418	0,2126	0,1149	0,5926	0,2845
6 41	0,1014	0,3051	0,0403	0,3488	-0,0258
6 42	0,1420	0,1800	0,6339	0,4997	-0,0061
6 43	0,1377	0,2150	0,3083	0,4992	0,1861
6 44	0,2514	0,1678	0,1528	0,5989	0,0192
6 45	0,2110	0,5952	0,1082	0,4687	0,1510
6 46	0,2472	0,6118	0,3551	0,4560	0,4067
6 47	0,1289	0,3382	0,6033	0,6919	0,4203
6 48	0,0979	0,2664	-0,0081	0,4187	0,0116
6 49	0,2495	0,2381	-0,0019	0,3954	0,3072
6 50	-0,0919	0,4756	0,3612	0,4945	0,4041
6 51	0,2142	0,2468	0,2580	0,5554	0,2830
6 52	0,2905	0,4925	0,5164	0,4497	0,4134
6 53	0,0577	0,2073	0,1976	0,4401	0,0407
6 54	0,2341	0,4862	0,4520	0,6806	0,4202
6 55	0,2020	0,1548	0,1886	0,4221	-0,0404
6 56	0,1295	0,1541	0,2725	0,5248	-0,0147
6 57	0,1058	0,2380	0,1710	0,4343	0,2273
6 58	0,1952	0,1265	0,0422	0,4646	0,2591
6 59	-0,0143	0,2676	0,0651	0,3962	0,1600
6 60	0,1064	0,1899	0,5075	0,4395	0,3712
6 61	0,1733	0,2380	0,0248	0,7568	0,3354
6 62	0,3067	0,7189	0,6156	0,6452	0,5467
6 63	0,3995	0,4461	0,2796	0,4144	0,5185
6 64	0,2260	0,6512	0,2126	0,3723	0,1952
6 65	0,1656	0,2876	-0,1109	0,4361	0,2469
6 66	0,1392	0,4125	0,3682	0,5163	0,3320
6 67	0,1457	0,1279	0,0669	0,4467	0,2665
6 68	0,0576	0,1691	0,3139	0,4831	0,1081
7 8	-0,0555	0,0753	0,4502	-0,0358	0,6032
7 9	0,2765	0,5896	0,7397	0,6581	0,9260
7 10	0,0929	0,4650	-0,0296	-0,3303	0,0194
7 11	-0,1566	0,1476	-0,0753	-0,3705	-0,0866
7 12	0,5615	0,7040	0,4058	-0,0691	0,2522
7 13	-0,0454	0,3552	0,0702	-0,2825	0,0238
7 14	0,6709	0,4905	0,0616	0,0417	0,8191
7 15	0,4229	0,2709	-0,2350	0,1229	0,2789
7 16	-0,0133	0,2132	0,0225	-0,0543	-0,0470
7 17	-0,0008	0,3168	0,2788	0,0496	0,3382
7 18	0,0912	0,3743	-0,0881	0,1160	0,7166
7 19	0,6091	0,5488	0,1862	-0,0426	0,7743
7 20	0,1326	0,3032	-0,2142	-0,2287	-0,0349
7 21	0,0157	0,4178	-0,0080	-0,3671	0,0833
7 22	0,0951	0,2851	-0,1426	0,2076	0,3887

<i>Pares de Linhagens</i>	<i>local 1</i>	<i>local 2</i>	<i>local 3</i>	<i>local 4</i>	<i>média</i>
7 23	-0,1701	0,2154	0,0532	0,4751	0,6264
7 24	0,7453	0,7189	-0,1534	0,0287	0,4142
7 25	-0,0581	0,1956	0,0390	-0,2686	-0,0169
7 26	-0,1273	0,1715	-0,0800	-0,3357	-0,0354
7 27	-0,1621	0,2151	0,0003	-0,1228	0,2739
7 28	-0,0471	0,3221	-0,1641	0,3121	0,2614
7 29	0,0886	0,2549	-0,2630	-0,0608	-0,0619
7 30	-0,1493	0,1476	-0,0735	-0,3654	-0,0630
7 31	0,6652	0,5525	-0,2008	0,3336	0,0416
7 32	-0,0655	0,2575	0,1501	-0,0858	0,6705
7 33	-0,0601	0,1328	0,0476	-0,2938	0,2022
7 34	0,4889	0,4793	0,2882	0,2305	0,3844
7 35	0,1029	0,2461	0,2791	-0,1202	-0,0797
7 36	-0,1783	0,2021	-0,0167	-0,0460	0,6546
7 37	0,0014	0,1898	0,2180	-0,2053	0,6898
7 38	-0,2062	0,2238	0,2574	-0,1350	0,6876
7 39	0,5860	0,6555	0,1845	0,1319	0,7652
7 40	-0,1529	0,2164	-0,1468	0,1738	-0,0523
7 41	-0,1600	0,2613	-0,0840	-0,4684	0,2164
7 42	-0,0822	0,1339	0,4786	0,1296	0,2725
7 43	-0,2368	0,1936	0,1517	0,0697	0,3550
7 44	0,0205	0,1717	0,0665	0,3059	0,2818
7 45	-0,0118	0,5995	-0,0771	0,0054	0,3654
7 46	0,0170	0,5957	0,2248	-0,1258	0,7847
7 47	-0,1851	0,4317	0,4691	0,0969	0,1618
7 48	-0,1349	0,0773	-0,2225	-0,1684	0,1888
7 49	0,0516	0,1407	-0,1950	-0,0937	-0,0892
7 50	0,0901	0,3602	0,1527	-0,1380	0,0695
7 51	0,5183	0,4520	0,0449	0,2435	0,2011
7 52	-0,0455	0,1539	0,3482	-0,2159	0,7242
7 53	-0,2994	0,1562	0,0577	0,1071	0,2785
7 54	-0,1327	0,4422	0,2691	0,4355	0,7578
7 55	0,0174	0,1328	-0,0356	-0,3673	0,2159
7 56	-0,0972	0,2044	0,0497	-0,2285	0,2941
7 57	-0,1219	0,0651	-0,0323	-0,0881	-0,0536
7 58	0,5679	0,4262	-0,2081	-0,1974	0,0736
7 59	-0,2776	0,2812	-0,1242	-0,1410	-0,0895
7 60	-0,1723	0,1715	0,4237	-0,0544	0,7520
7 61	-0,1022	0,3471	-0,2396	0,5370	0,0160
7 62	0,6269	0,8787	0,5339	0,3101	0,9229
7 63	0,2373	0,3860	0,1518	-0,1433	0,9126
7 64	-0,0522	0,4917	0,0461	-0,4491	0,3417
7 65	-0,0457	0,1184	-0,2032	-0,3134	-0,1004
7 66	-0,0953	0,3851	0,2255	0,0200	0,1269
7 67	-0,0816	0,1901	-0,0929	-0,3353	-0,0332

<i>Pares de Linhagens</i>	<i>local 1</i>	<i>local 2</i>	<i>local 3</i>	<i>local 4</i>	<i>média</i>
7 68	-0,1812	0,1344	0,2795	-0,2695	0,3124
8 9	0,2986	0,3187	0,7490	0,8145	0,3720
8 10	0,2151	0,1454	0,6569	-0,0492	0,5101
8 11	-0,1579	-0,2537	0,4344	-0,0085	0,4270
8 12	0,6458	0,5347	0,5122	0,1853	0,6983
8 13	-0,1540	0,0578	0,4789	-0,1029	0,4793
8 14	0,7166	0,2612	0,3759	0,2968	0,2589
8 15	0,4522	0,0298	0,3638	0,2957	0,1953
8 16	0,0699	-0,1035	0,1780	0,1090	0,5070
8 17	0,0490	-0,0442	0,5172	0,0904	0,1737
8 18	0,1760	0,1270	0,5869	0,3012	0,1589
8 19	0,6771	0,2959	0,4048	0,1395	0,2184
8 20	0,1313	-0,0552	0,3925	0,0216	0,4138
8 21	-0,0920	0,3906	0,2867	-0,0328	0,6441
8 22	0,2096	-0,0456	0,3591	0,4860	0,1727
8 23	-0,0941	-0,1378	0,6868	0,5874	0,0293
8 24	0,8063	0,5315	0,2944	0,2393	0,3227
8 25	-0,1448	-0,0814	0,4747	-0,0584	0,4631
8 26	-0,0904	-0,2572	0,2678	0,0229	0,4181
8 27	-0,0901	0,0098	0,3407	0,0450	0,1646
8 28	0,0974	0,0142	0,3528	0,5507	0,0972
8 29	0,1186	-0,1202	0,2439	0,1418	0,4439
8 30	-0,1943	-0,2537	0,5365	-0,0311	0,3938
8 31	0,7594	0,3075	0,5249	0,5261	0,5816
8 32	0,1092	-0,0382	0,5561	0,0822	0,0718
8 33	-0,0063	-0,1720	0,3303	-0,0002	0,0406
8 34	0,5817	0,2785	0,8047	0,3678	0,2775
8 35	0,2331	-0,0463	0,3923	0,0395	0,4360
8 36	-0,0110	-0,1722	0,4902	0,1314	0,0454
8 37	0,0460	-0,1166	0,1520	-0,0245	0,1079
8 38	-0,1615	-0,1224	0,7900	0,0387	0,0798
8 39	0,6454	0,3983	0,7075	0,2893	0,1791
8 40	-0,0317	-0,1988	0,4510	0,2328	0,4743
8 41	-0,1123	-0,0641	0,3857	-0,0541	0,0417
8 42	-0,2084	-0,2317	0,6094	0,3575	0,0973
8 43	-0,0398	-0,1322	0,7310	0,3080	0,2540
8 44	0,0659	-0,0950	0,3307	0,5156	0,1667
8 45	0,0386	0,3045	0,4723	0,1849	0,2134
8 46	-0,0451	0,3279	0,6274	0,1629	0,2219
8 47	-0,0768	0,3021	0,4866	0,1648	0,6761
8 48	0,0070	-0,3392	0,3239	0,1388	0,0568
8 49	0,1160	-0,0441	0,4979	0,1654	0,5204
8 50	0,1912	0,1737	0,5396	0,1492	0,5848
8 51	0,6033	0,2632	0,6819	0,4439	0,5415
8 52	0,0443	0,0026	0,6072	-0,0713	0,1897

<i>Pares de Linhagens</i>	<i>local 1</i>	<i>local 2</i>	<i>local 3</i>	<i>local 4</i>	<i>média</i>
8 53	-0,0315	-0,2320	0,5930	0,3507	0,1417
8 54	0,1314	0,1928	0,6748	0,6190	0,2298
8 55	-0,1350	-0,2274	0,2888	-0,0552	0,0362
8 56	-0,2094	-0,0581	0,6297	-0,0198	0,1402
8 57	-0,1621	-0,2854	0,4432	0,0903	0,4180
8 58	0,6439	0,1805	0,4314	0,1783	0,5135
8 59	-0,1734	-0,0560	0,5044	0,0503	0,3566
8 60	-0,1417	-0,2572	0,7565	0,2048	0,1960
8 61	0,0894	0,2126	0,2926	0,6484	0,5926
8 62	0,6907	0,6454	0,7825	0,5118	0,3805
8 63	0,3052	0,3200	0,6143	0,1346	0,4144
8 64	0,0911	0,2685	0,4444	-0,0327	0,2074
8 65	0,0348	-0,2654	0,3670	-0,0120	0,4309
8 66	0,0199	0,0659	0,6818	0,2529	0,5395
8 67	-0,0698	-0,1186	0,2970	-0,0275	0,4978
8 68	-0,0368	-0,3065	0,7915	0,0415	0,1706
9 10	0,2497	0,3324	0,8243	0,6831	0,8030
9 11	0,2429	0,2394	0,8190	0,6907	0,7549
9 12	0,6249	0,6251	0,7123	0,7982	0,9647
9 13	0,2641	0,3570	0,8214	0,7004	0,7698
9 14	0,6971	0,5510	0,7923	0,7509	0,2949
9 15	0,5112	0,4428	0,6129	0,5461	0,4683
9 16	0,3866	0,4157	0,6981	0,5878	0,8290
9 17	0,2767	0,2389	0,8469	0,8627	0,4054
9 18	0,1944	0,2209	0,8354	0,5470	0,2039
9 19	0,6028	0,4124	0,6796	0,7375	0,2208
9 20	0,2640	0,3525	0,6436	0,5970	0,7330
9 21	0,3751	0,6016	0,6515	0,6826	0,9305
9 22	0,3129	0,3604	0,6452	0,9288	0,2773
9 23	0,2605	0,3322	0,8392	0,6458	0,1662
9 24	0,7596	0,6500	0,6634	0,7759	0,5159
9 25	0,3228	0,3021	0,6644	0,6740	0,7849
9 26	0,2322	0,3106	0,5814	0,6549	0,7444
9 27	0,2646	0,5341	0,5668	0,6643	0,4728
9 28	0,3398	0,3040	0,5818	0,5302	0,3579
9 29	0,4088	0,4116	0,5926	0,8172	0,7686
9 30	0,2146	0,2394	0,8510	0,6845	0,7243
9 31	0,6841	0,6064	0,7908	0,6702	0,8926
9 32	0,3837	0,4599	0,7000	0,6707	0,2072
9 33	0,3079	0,4150	0,7141	0,7259	0,3679
9 34	0,5545	0,5720	0,9034	0,9438	0,5265
9 35	0,2653	0,2620	0,7256	0,7774	0,7645
9 36	0,3186	0,3824	0,7886	0,7917	0,1552
9 37	0,3605	0,3464	0,7240	0,7110	0,2242
9 38	0,2471	0,3249	1,0899	0,7610	0,1604

<i>Pares de Linhagens</i>	<i>local 1</i>	<i>local 2</i>	<i>local 3</i>	<i>local 4</i>	<i>média</i>
9 39	0,6074	0,6638	0,7659	0,8177	0,2371
9 40	0,3095	0,3527	0,8224	0,8945	0,7945
9 41	0,2686	0,4541	0,7921	0,5837	0,3647
9 42	0,2682	0,2681	0,5741	0,7122	0,3856
9 43	0,3066	0,2602	0,9696	0,6383	0,5065
9 44	0,4202	0,4315	0,6584	0,5215	0,4768
9 45	0,3064	0,3216	0,7406	0,5116	0,3745
9 46	0,3063	0,2976	0,9908	0,7698	0,1271
9 47	0,2963	0,6927	0,7779	0,8675	0,9805
9 48	0,3062	0,3409	0,6398	0,6636	0,3743
9 49	0,3791	0,3609	0,7653	0,4729	0,8428
9 50	0,2657	0,3044	0,5926	0,7340	0,8611
9 51	0,5916	0,4842	0,8889	0,6788	0,7407
9 52	0,4625	0,5409	0,7134	0,6909	0,3133
9 53	0,2651	0,3386	0,9343	0,7202	0,4085
9 54	0,4102	0,3581	0,7081	0,5655	0,2836
9 55	0,3298	0,1883	0,6107	0,6704	0,3595
9 56	0,2974	0,3240	0,7853	0,7242	0,4356
9 57	0,2306	0,2691	0,7353	0,7149	0,7404
9 58	0,5839	0,4013	0,7568	0,6881	0,8168
9 59	0,1938	0,3918	0,8151	0,6501	0,6857
9 60	0,3138	0,3106	0,8075	0,7403	0,2338
9 61	0,3808	0,6618	0,6758	0,7333	0,9121
9 62	0,6573	0,5927	0,9262	0,9440	0,2537
9 63	0,5768	0,5911	0,9002	0,6776	0,3943
9 64	0,3359	0,2060	0,7176	0,6062	0,3973
9 65	0,3316	0,3625	0,6378	0,7171	0,7582
9 66	0,3131	0,3415	1,0421	0,8341	0,8013
9 67	0,2691	0,4025	0,6932	0,6869	0,8187
9 68	0,2662	0,2887	1,0467	0,7246	0,4586
10 11	0,1513	0,0726	0,0203	-0,1872	-0,2408
10 12	0,2429	0,4347	0,5206	0,0012	0,1261
10 13	0,2062	0,1828	0,0789	-0,3674	-0,1754
10 14	0,4184	0,2239	0,2055	0,0590	0,7294
10 15	0,3519	0,1875	0,0119	0,1015	0,2194
10 16	0,3146	0,2012	0,2019	-0,0342	-0,1253
10 17	0,2482	0,1202	0,4586	0,0338	0,1859
10 18	-0,1399	0,1102	0,0071	0,1605	0,6173
10 19	0,3162	0,1816	0,3850	-0,0893	0,6767
10 20	-0,0248	-0,0198	0,0045	-0,1736	-0,2089
10 21	0,2970	0,6256	0,2380	-0,3492	0,0833
10 22	-0,0488	0,0355	0,0854	0,2759	0,3016
10 23	0,1287	0,1097	0,0174	0,4582	0,5298
10 24	0,4666	0,4025	-0,0048	0,0312	0,3153
10 25	0,2014	0,1860	0,1429	-0,2810	-0,1545

<i>Pares de Linhagens</i>	<i>local 1</i>	<i>local 2</i>	<i>local 3</i>	<i>local 4</i>	<i>média</i>
10 26	0,1530	0,0969	0,1599	-0,2713	-0,2213
10 27	0,1716	0,2827	0,0839	-0,0798	0,2085
10 28	0,2340	0,2036	-0,0080	0,3449	0,1316
10 29	0,3147	0,0902	-0,0023	-0,0012	-0,2249
10 30	0,1358	0,0726	0,0221	-0,3473	-0,2508
10 31	0,4335	0,2700	-0,1062	0,3459	-0,0420
10 32	0,2867	0,2528	0,2245	-0,1427	0,5705
10 33	0,2083	0,2519	0,2155	-0,3238	0,1108
10 34	0,2079	0,3288	0,3442	0,2213	0,3159
10 35	-0,0651	0,0500	0,4593	-0,1968	-0,2238
10 36	0,1611	0,1131	0,2632	-0,0423	0,5534
10 37	0,3042	0,1741	0,4485	-0,2989	0,6019
10 38	0,0862	0,1627	0,3892	-0,1959	0,5829
10 39	0,2911	0,2733	0,2064	0,1833	0,6618
10 40	0,1638	0,0935	-0,0081	0,1518	-0,1682
10 41	0,1301	0,1888	0,1219	-0,3621	0,1010
10 42	0,1887	0,0743	0,5417	0,0388	0,1415
10 43	0,1420	0,1306	0,2843	0,0459	0,2606
10 44	0,2864	0,2153	0,2785	0,3067	0,2010
10 45	0,2436	0,2858	0,0630	-0,0100	0,1904
10 46	0,2636	0,3196	0,3696	-0,0579	0,6550
10 47	0,1635	0,4692	0,6649	0,1659	0,1243
10 48	0,1513	0,1608	0,0075	-0,0760	0,1042
10 49	0,3380	0,2677	-0,1009	-0,1513	-0,0803
10 50	-0,1095	0,2696	0,2283	-0,1290	-0,0214
10 51	0,2363	0,2763	0,1410	0,2838	0,1598
10 52	0,2826	0,3777	0,4514	-0,3247	0,6659
10 53	0,1101	0,0982	0,1372	0,0546	0,1681
10 54	0,2232	0,2929	0,2807	0,4285	0,6592
10 55	0,2816	0,0570	0,2178	-0,4682	0,0889
10 56	0,1763	0,2021	0,1971	-0,2003	0,1885
10 57	0,1526	0,1354	-0,0330	-0,1376	-0,1883
10 58	0,2611	0,1596	-0,1129	-0,0702	-0,0455
10 59	0,0329	0,1309	0,0416	-0,2091	-0,2615
10 60	0,1410	0,0969	0,4961	-0,1008	0,6557
10 61	0,2136	0,4204	0,0441	0,5412	0,0063
10 62	0,3050	0,4032	0,5668	0,3235	0,8005
10 63	0,4823	0,5123	0,3462	-0,1593	0,8422
10 64	0,2106	0,4153	0,1835	-0,3195	0,2140
10 65	0,2187	0,1973	0,0589	-0,3373	-0,1871
10 66	0,1503	0,1697	0,3584	0,0336	-0,0700
10 67	0,2155	0,1971	0,1685	-0,4274	-0,1274
10 68	0,1303	0,0599	0,3758	-0,2563	0,2020
11 12	0,6212	0,4199	0,4509	-0,1324	0,0856
11 13	-0,1628	0,0623	-0,1605	-0,1901	-0,1961

<i>Pares de Linhagens</i>	<i>local 1</i>	<i>local 2</i>	<i>local 3</i>	<i>local 4</i>	<i>média</i>
11 14	0,7088	0,1875	-0,1026	0,1300	0,6508
11 15	0,4354	0,0115	-0,0993	0,1741	0,1265
11 16	-0,0528	-0,1743	-0,0932	-0,0950	-0,2401
11 17	-0,0159	-0,1399	0,3101	0,1141	0,1310
11 18	0,1096	-0,0388	-0,0724	0,1691	0,5516
11 19	0,6287	0,2647	0,2105	0,0164	0,6111
11 20	0,1426	-0,1481	-0,0562	-0,2240	-0,3285
11 21	-0,0513	0,3611	0,0503	-0,1865	0,0246
11 22	0,1630	-0,1383	-0,0534	0,2451	0,2146
11 23	-0,2081	-0,3448	0,0647	0,4853	0,4498
11 24	0,7751	0,4471	-0,2157	0,0301	0,2506
11 25	-0,0864	-0,3180	0,1005	-0,2626	-0,2634
11 26	-0,1732	-0,3673	0,0281	-0,3578	-0,3308
11 27	-0,2056	0,0216	-0,0020	-0,0536	0,1219
11 28	0,0370	0,0068	-0,0726	0,3758	0,0704
11 29	0,0298	-0,1905	-0,1513	-0,1258	-0,3422
11 30	-0,3176	-0,5684	-0,2251	-0,1847	-0,3622
11 31	0,7204	0,2340	-0,1803	0,2700	-0,1414
11 32	0,0879	-0,1337	0,2034	0,0050	0,4944
11 33	-0,0830	-0,1465	0,0572	-0,1287	0,0171
11 34	0,5505	0,2889	0,3850	0,2307	0,2374
11 35	0,1697	-0,2303	0,3281	-0,0115	-0,3367
11 36	-0,0762	-0,2416	0,1456	0,0632	0,4746
11 37	-0,0581	-0,2663	0,2019	-0,1264	0,5207
11 38	-0,1775	-0,3587	0,2637	-0,0255	0,5041
11 39	0,6036	0,3021	0,2548	0,1328	0,5856
11 40	-0,1622	-0,3041	-0,2334	0,2293	-0,2722
11 41	-0,2010	-0,1625	-0,1366	-0,3682	0,0069
11 42	-0,2139	-0,4155	0,5431	0,2154	0,0622
11 43	-0,1659	-0,3908	0,1489	0,1655	0,1768
11 44	0,0267	-0,1655	0,1196	0,3697	0,1118
11 45	0,0203	0,2172	-0,0500	0,0620	0,1620
11 46	-0,0602	0,1978	0,1172	0,0054	0,6046
11 47	-0,1908	0,1847	0,5202	0,0589	0,0330
11 48	-0,0824	-0,2277	-0,0969	-0,1163	0,0150
11 49	0,0123	-0,1696	-0,2102	-0,0034	-0,2001
11 50	0,1569	0,1651	0,2750	-0,0125	-0,0670
11 51	0,5652	0,1608	0,0549	0,2437	0,0687
11 52	0,0368	0,0909	0,4054	-0,1393	0,5850
11 53	-0,1121	-0,3005	-0,0855	0,1919	0,0841
11 54	0,0362	0,0030	0,3441	0,4926	0,5987
11 55	-0,0668	-0,4737	0,0682	-0,2121	0,0044
11 56	-0,1331	-0,2921	0,2133	-0,2209	0,1023
11 57	-0,2740	-0,3298	-0,1623	0,0106	-0,2888
11 58	0,6022	0,0363	-0,2701	-0,2174	-0,1473

<i>Pares de Linhagens</i>	<i>local 1</i>	<i>local 2</i>	<i>local 3</i>	<i>local 4</i>	<i>média</i>
11 59	-0,2528	-0,2335	-0,1062	-0,0418	-0,3791
11 60	-0,1198	-0,3673	0,4664	0,0392	0,5749
11 61	-0,0132	0,1398	-0,1182	0,5717	-0,0878
11 62	0,6825	0,5962	0,5384	0,3895	0,7532
11 63	0,3042	0,3009	0,1852	-0,0256	0,7740
11 64	0,0314	0,2088	0,0800	-0,3451	0,1762
11 65	-0,0614	-0,2147	-0,0290	-0,1435	-0,3210
11 66	-0,0477	-0,0276	0,1721	0,0587	-0,1077
11 67	-0,1960	-0,2176	-0,0835	-0,1851	-0,2598
11 68	-0,1296	-0,3733	0,2192	-0,1156	0,1179
12 13	0,6649	0,6860	0,4262	0,0074	0,1040
12 14	0,2763	0,1788	0,4803	0,1995	0,8501
12 15	0,6164	0,4528	0,2364	0,2969	0,4236
12 16	0,7644	0,5411	0,2376	0,0991	0,1703
12 17	0,6945	0,5423	0,5086	0,2543	0,3943
12 18	0,2770	0,1779	0,4714	0,3267	0,7679
12 19	0,1915	0,3364	0,3429	-0,0093	0,8341
12 20	0,2815	0,3514	0,2137	-0,0942	0,0155
12 21	0,7341	0,7141	0,1431	0,0581	0,2085
12 22	0,3065	0,3475	0,2992	0,3974	0,4880
12 23	0,6213	0,4983	0,5142	0,6568	0,7170
12 24	0,2803	0,2865	0,3009	0,0430	0,4256
12 25	0,6534	0,3734	0,3291	-0,0926	0,0387
12 26	0,6253	0,4858	0,1601	-0,1847	0,0603
12 27	0,6464	0,6368	0,2003	0,2016	0,3890
12 28	0,6777	0,6559	0,2247	0,5759	0,3419
12 29	0,7669	0,5721	0,2068	-0,0216	0,0901
12 30	0,5965	0,4199	0,4083	0,0599	0,0434
12 31	0,4591	0,4767	0,3870	0,3571	0,1970
12 32	0,7013	0,5815	0,4612	0,1118	0,7448
12 33	0,6685	0,6052	0,2571	0,1017	0,3160
12 34	0,0768	0,4645	0,6312	0,1175	0,4752
12 35	0,3046	0,2299	0,0583	0,0932	0,0873
12 36	0,5996	0,5322	0,4317	0,2069	0,7284
12 37	0,7564	0,4754	0,4298	0,0620	0,7847
12 38	0,5596	0,4916	0,7167	0,0742	0,7634
12 39	0,1603	0,4442	0,5362	0,0510	0,8060
12 40	0,6602	0,5257	0,4129	0,3729	0,1460
12 41	0,5921	0,5939	0,4356	-0,0948	0,3052
12 42	0,6441	0,4348	0,2668	0,3736	0,3504
12 43	0,6266	0,4236	0,7174	0,3695	0,4912
12 44	0,7235	0,4798	0,2192	0,5189	0,3768
12 45	0,6939	0,7180	0,3831	0,2600	0,4006
12 46	0,7063	0,6820	0,7368	0,2616	0,8307
12 47	0,6293	0,6113	0,4251	0,2462	0,2487

<i>Pares de Linhagens</i>	<i>local 1</i>	<i>local 2</i>	<i>local 3</i>	<i>local 4</i>	<i>média</i>
12 48	0,6328	0,5516	0,2229	0,1462	0,3268
12 49	0,7836	0,4630	0,4484	0,1652	0,1670
12 50	0,2604	0,4937	0,2110	0,1198	0,1992
12 51	0,1365	0,1860	0,5630	0,2376	0,2939
12 52	0,7092	0,7488	0,3618	0,0522	0,8546
12 53	0,5679	0,5005	0,5025	0,3571	0,3896
12 54	0,7015	0,5824	0,3959	0,6174	0,8473
12 55	0,7062	0,3619	0,1652	-0,0146	0,2986
12 56	0,6255	0,3901	0,5942	-0,0502	0,3548
12 57	0,6198	0,4862	0,3927	0,1140	0,0811
12 58	0,1342	0,0585	0,3565	-0,2140	0,0175
12 59	0,5120	0,5517	0,3182	0,1261	0,0180
12 60	0,5977	0,4858	0,6119	0,2058	0,8446
12 61	0,6916	0,5941	0,2313	0,7236	0,1733
12 62	0,1196	0,6166	0,8474	0,4231	0,9459
12 63	0,8963	0,6537	0,6635	0,1886	0,9841
12 64	0,6584	0,6940	0,2208	-0,0754	0,4152
12 65	0,6978	0,5752	0,3805	0,0932	0,1154
12 66	0,6310	0,6120	0,7310	0,1575	0,1878
12 67	0,6778	0,4739	0,3614	0,0108	0,1136
12 68	0,6169	0,4623	0,8010	0,1204	0,4268
13 14	0,7436	0,4972	-0,0726	0,1279	0,6981
13 15	0,4803	0,2997	-0,0326	0,1332	0,2098
13 16	0,0773	0,1949	-0,1249	-0,0771	-0,0923
13 17	0,0339	0,0888	0,3030	0,0460	0,1642
13 18	0,1645	0,2735	0,0155	0,1679	0,5900
13 19	0,6875	0,4443	0,3079	-0,0940	0,6439
13 20	0,1692	0,1810	-0,0157	-0,1590	-0,2429
13 21	-0,0548	0,5364	0,1135	-0,2982	0,0086
13 22	0,2308	0,2200	-0,0340	0,3400	0,2809
13 23	-0,1294	0,0936	0,0506	0,4647	0,5003
13 24	0,8254	0,6773	-0,2670	0,0895	0,2875
13 25	-0,1107	0,1880	-0,0179	-0,2513	-0,1991
13 26	-0,1067	0,0823	0,1450	-0,1954	-0,2625
13 27	-0,1266	0,1905	-0,0578	-0,0656	0,1866
13 28	0,0636	0,0359	-0,1253	0,3861	0,0975
13 29	0,0995	0,0614	-0,1425	0,0167	-0,2232
13 30	-0,2033	0,0623	-0,0987	-0,2962	-0,2443
13 31	0,7773	0,5080	-0,0812	0,3728	-0,0006
13 32	0,1296	0,2471	0,1433	-0,0836	0,5356
13 33	-0,0182	0,1724	0,0532	-0,2408	0,0810
13 34	0,6096	0,5077	0,3068	0,2526	0,2616
13 35	0,2400	0,2053	0,3638	-0,1305	-0,2035
13 36	-0,0145	0,0930	0,1931	0,0022	0,5153
13 37	0,0346	0,1707	0,2138	-0,3053	0,5815

<i>Pares de Linhagens</i>	<i>local 1</i>	<i>local 2</i>	<i>local 3</i>	<i>local 4</i>	<i>média</i>
13 38	-0,1456	0,1558	0,3092	-0,1498	0,5586
13 39	0,6552	0,5638	0,1736	0,1915	0,6374
13 40	-0,0585	0,0716	-0,1823	0,1820	-0,1622
13 41	-0,1120	0,1706	-0,0246	-0,2918	0,0812
13 42	-0,2037	0,0628	0,4731	0,1281	0,1198
13 43	-0,0489	0,1294	0,2863	0,1189	0,2561
13 44	0,0982	0,2079	0,2247	0,3481	0,1929
13 45	-0,0023	0,2638	-0,0532	0,0067	0,1511
13 46	-0,0997	0,3064	0,2031	-0,0131	0,6178
13 47	-0,0731	0,4743	0,5901	0,1645	0,1341
13 48	0,0016	0,0715	-0,0889	-0,0060	0,0644
13 49	0,1256	0,2175	-0,0251	-0,0913	-0,0917
13 50	0,2047	0,3168	0,2146	-0,0833	-0,1112
13 51	0,6265	0,4853	0,1274	0,3057	0,1447
13 52	0,1014	0,2403	0,3444	-0,3021	0,6298
13 53	-0,0212	0,0820	-0,0618	0,1118	0,1514
13 54	0,0974	0,2885	0,2802	0,4785	0,6384
13 55	-0,0521	0,0550	0,1290	-0,4104	0,0674
13 56	-0,1440	0,2038	0,2551	-0,2186	0,1535
13 57	-0,1975	0,0565	-0,3468	-0,0929	-0,2887
13 58	0,6538	0,4107	-0,2253	-0,0277	-0,1065
13 59	-0,1698	0,1123	-0,0268	-0,0973	-0,3132
13 60	-0,0756	0,0823	0,5000	-0,0567	0,6293
13 61	0,0874	0,4214	-0,0946	0,5834	0,0323
13 62	0,7001	0,6554	0,5665	0,3888	0,7616
13 63	0,3250	0,4567	0,2627	-0,0939	0,8150
13 64	0,0350	0,3181	0,1269	-0,2728	0,1421
13 65	0,0106	0,1116	0,1342	-0,2535	-0,2294
13 66	-0,0287	0,1305	0,2375	0,0765	-0,1140
13 67	-0,0691	0,1887	0,0054	-0,3723	-0,0908
13 68	-0,0438	0,0437	0,4002	-0,2081	0,1993
14 15	0,5827	0,1491	-0,0869	0,1995	0,3310
14 16	0,8332	0,2636	-0,0738	0,3104	0,7132
14 17	0,7734	0,3606	0,3237	0,3685	0,3581
14 18	0,3979	0,1363	0,0639	0,2316	0,0607
14 19	0,2689	0,1075	0,1940	0,0833	0,1341
14 20	0,3570	0,0296	-0,0243	-0,0372	0,6154
14 21	0,8135	0,6658	0,1074	0,0546	0,8392
14 22	0,3970	0,0389	-0,1117	0,3328	0,1437
14 23	0,7116	0,2772	0,1764	0,6973	0,0112
14 24	0,3603	0,1744	-0,2852	0,0321	0,3767
14 25	0,7265	0,2256	0,1111	0,1236	0,6694
14 26	0,7051	0,2192	0,0872	0,0971	0,6371
14 27	0,7063	0,4155	0,0381	0,1067	0,3516
14 28	0,7570	0,4759	-0,0975	0,5131	0,3079

<i>Pares de Linhagens</i>	<i>local 1</i>	<i>local 2</i>	<i>local 3</i>	<i>local 4</i>	<i>média</i>
14 29	0,8360	0,3053	-0,1587	0,3294	0,6605
14 30	0,6840	0,1875	0,0243	0,0563	0,6146
14 31	0,5042	0,1358	0,0326	0,5536	0,7723
14 32	0,7559	0,3199	0,1561	0,2066	0,0322
14 33	0,7579	0,3454	0,0678	0,1041	0,2496
14 34	0,2013	0,1516	0,4503	0,3955	0,4114
14 35	0,4125	0,0018	0,3674	0,2469	0,6485
14 36	0,6987	0,2541	0,1160	0,2366	-0,0354
14 37	0,8157	0,2321	0,0639	0,1053	0,0383
14 38	0,6714	0,2815	0,3281	0,2310	-0,0093
14 39	0,2101	0,1356	0,2836	0,2170	-0,0003
14 40	0,7504	0,2606	-0,0462	0,4374	0,6840
14 41	0,7105	0,3376	-0,1086	-0,0446	0,2406
14 42	0,7138	0,2021	0,5432	0,3979	0,2700
14 43	0,7257	0,2376	0,2945	0,3589	0,4070
14 44	0,8235	0,2442	0,1335	0,5339	0,3356
14 45	0,7829	0,6162	-0,0592	0,2322	0,3559
14 46	0,8028	0,6110	0,1648	0,1298	0,1753
14 47	0,7379	0,4749	0,5587	0,3655	0,8587
14 48	0,7433	0,2830	-0,1391	0,1221	0,2546
14 49	0,8340	0,3146	0,0274	0,1751	0,7288
14 50	0,4197	0,3304	0,3241	0,1089	0,7889
14 51	0,2274	0,0284	0,2036	0,3122	0,6213
14 52	0,8105	0,4949	0,4083	0,1397	0,2062
14 53	0,6679	0,2339	-0,0079	0,3585	0,2787
14 54	0,8208	0,4715	0,3944	0,6418	0,2003
14 55	0,7572	0,1559	0,0956	0,0670	0,2359
14 56	0,7078	0,2472	0,2875	0,2247	0,3111
14 57	0,6981	0,2507	-0,0835	0,1936	0,6399
14 58	0,1874	-0,1211	-0,0947	0,0138	0,6793
14 59	0,6411	0,3333	0,0233	0,0640	0,5716
14 60	0,7101	0,2192	0,4823	0,1746	0,1246
14 61	0,8020	0,4266	-0,1113	0,7372	0,7754
14 62	0,3119	0,5264	0,5775	0,2842	0,3218
14 63	0,9704	0,5708	0,1570	0,0827	0,3111
14 64	0,7656	0,6263	0,1448	0,0079	0,3974
14 65	0,7780	0,3172	0,0301	0,0929	0,6558
14 66	0,7606	0,4301	0,2578	0,3181	0,7203
14 67	0,7461	0,2519	-0,0786	0,0924	0,7081
14 68	0,7176	0,1848	0,3737	0,1207	0,3618
15 16	0,5047	0,0920	-0,1087	0,0987	0,1682
15 17	0,4621	0,1836	0,1800	0,4060	0,0498
15 18	0,3025	0,1816	-0,1855	0,0884	0,2341
15 19	0,5666	0,1943	-0,0144	0,1606	0,2791
15 20	0,2765	-0,0411	-0,4683	0,0142	0,1244

<i>Pares de Linhagens</i>	<i>local 1</i>	<i>local 2</i>	<i>local 3</i>	<i>local 4</i>	<i>média</i>
15 21	0,5308	0,5532	-0,2143	0,1380	0,3513
15 22	0,3041	-0,0869	-0,4231	0,4842	-0,0426
15 23	0,4356	0,0788	-0,0497	0,3834	0,1365
15 24	0,6879	0,3873	-0,3482	0,1779	0,0491
15 25	0,4597	0,1369	-0,1331	0,1543	0,1946
15 26	0,4122	0,0316	-0,2238	0,1594	0,1514
15 27	0,4399	0,2621	-0,1828	0,1119	-0,0281
15 28	0,5277	0,2507	-0,4211	0,2955	-0,0466
15 29	0,5501	0,1369	-0,4951	0,3365	0,1456
15 30	0,4299	0,0115	-0,1631	0,1398	0,1207
15 31	0,6267	0,1780	-0,2481	0,3012	0,2423
15 32	0,4717	0,1157	-0,0011	0,1805	0,1943
15 33	0,4766	0,0665	-0,0751	0,1793	-0,1328
15 34	0,4706	0,1509	0,2118	0,4703	0,0444
15 35	0,2660	-0,0392	0,1071	0,2785	0,1235
15 36	0,5003	0,0803	-0,2178	0,3187	0,1675
15 37	0,4977	0,0711	0,0758	0,1214	0,1899
15 38	0,4181	0,0705	0,2168	0,2757	0,2012
15 39	0,5789	0,2392	0,0131	0,3396	0,2666
15 40	0,4592	0,0783	-0,1668	0,4593	0,1497
15 41	0,4702	0,1180	-0,1197	0,0239	-0,1138
15 42	0,4480	0,0138	0,2638	0,2772	-0,0599
15 43	0,4613	0,0642	0,1516	0,2126	0,0152
15 44	0,5375	0,1405	-0,0958	0,2893	-0,0281
15 45	0,5191	0,4795	-0,2495	0,0226	0,0643
15 46	0,5502	0,4761	0,2031	0,2658	0,3229
15 47	0,4676	0,4513	0,3507	0,4378	0,3920
15 48	0,4539	0,0338	-0,4580	0,1601	-0,1767
15 49	0,4786	0,1679	-0,1880	-0,0138	0,1907
15 50	0,3300	0,1759	-0,0248	0,2484	0,2677
15 51	0,5108	0,1765	-0,0426	0,2585	0,1715
15 52	0,5568	0,2091	0,1535	0,0830	0,2472
15 53	0,4137	0,0333	-0,0226	0,2260	-0,1029
15 54	0,5664	0,3180	0,1212	0,4382	0,2754
15 55	0,4530	0,0194	-0,2723	0,1062	-0,1042
15 56	0,4425	0,1462	0,0461	0,2345	0,0091
15 57	0,4401	0,0174	-0,1325	0,2065	0,1382
15 58	0,5293	0,1242	-0,2644	0,1640	0,2219
15 59	0,3982	0,1487	-0,2307	0,0881	0,0739
15 60	0,4394	0,0316	0,3168	0,1855	0,2596
15 61	0,4955	0,3834	-0,3968	0,5332	0,2718
15 62	0,6417	0,5784	0,5468	0,5335	0,4760
15 63	0,6513	0,4887	0,0834	0,1525	0,4677
15 64	0,5743	0,4693	-0,1135	0,0637	0,0765
15 65	0,4760	0,0506	-0,2581	0,1656	0,1245

<i>Pares de Linhagens</i>	<i>local 1</i>	<i>local 2</i>	<i>local 3</i>	<i>local 4</i>	<i>média</i>
15 66	0,5260	0,2514	0,2673	0,3629	0,2476
15 67	0,4337	0,1378	-0,2257	0,1317	0,1997
15 68	0,4155	0,0131	0,3087	0,2023	0,0004
16 17	0,0783	0,0253	0,1273	0,2649	0,2181
16 18	0,2758	0,1780	0,0567	0,1389	0,6105
16 19	0,7556	0,3850	0,1351	0,0956	0,6707
16 20	0,3175	0,0088	-0,0668	-0,0666	-0,1882
16 21	0,1229	0,4878	-0,1316	0,0184	0,0773
16 22	0,3157	0,0180	-0,1130	0,4971	0,2658
16 23	0,0090	-0,0658	0,1778	0,2779	0,5087
16 24	0,8834	0,4948	-0,2663	0,2027	0,2902
16 25	0,1243	-0,0219	0,0163	-0,0761	-0,1304
16 26	-0,0090	-0,1658	-0,0508	-0,0683	-0,1871
16 27	0,0130	0,1562	-0,1437	0,0798	0,1977
16 28	0,1842	0,1625	-0,1325	0,2817	0,1634
16 29	0,1634	-0,0454	-0,2469	0,1090	-0,2332
16 30	-0,0335	-0,1743	-0,0443	0,0202	-0,2074
16 31	0,8185	0,2513	-0,0356	0,1180	-0,1644
16 32	0,1481	-0,2168	0,1961	0,0919	0,5466
16 33	0,0430	-0,0778	-0,1404	0,0729	0,0973
16 34	0,6773	0,4085	0,3717	0,3866	0,2986
16 35	0,2824	-0,0520	0,1005	0,1337	-0,2803
16 36	0,1004	-0,2184	0,0789	0,2458	0,5334
16 37	-0,0262	-0,2664	-0,0532	-0,0148	0,5683
16 38	0,0373	-0,0532	0,3166	0,1199	0,5760
16 39	0,7476	0,4020	0,2664	0,3022	0,6500
16 40	0,0268	-0,1136	-0,1534	0,3751	-0,2410
16 41	0,0060	-0,0958	-0,0638	-0,1083	0,0895
16 42	0,0386	-0,1546	0,3545	0,2104	0,1512
16 43	0,0200	-0,0704	0,2945	0,1618	0,2300
16 44	0,1299	-0,1249	0,0409	0,2354	0,1754
16 45	0,1707	0,3562	-0,0419	-0,0360	0,2373
16 46	0,1318	0,3276	0,2008	0,2346	0,6653
16 47	-0,0477	0,2424	0,3330	0,2684	0,0760
16 48	0,0517	-0,0787	-0,1574	0,1121	0,0799
16 49	0,0486	0,0786	0,0171	-0,0881	-0,1483
16 50	0,3045	0,2806	0,1608	0,1768	-0,0143
16 51	0,7051	0,3466	0,1617	0,2628	0,1226
16 52	0,1787	0,1540	0,2645	-0,0649	0,6289
16 53	0,0204	-0,1445	0,0185	0,1881	0,1516
16 54	0,1528	0,1276	0,2771	0,3861	0,6326
16 55	0,0915	-0,1628	-0,1072	-0,0569	0,0943
16 56	0,0848	0,0010	0,2592	-0,0270	0,1895
16 57	-0,0043	-0,0925	-0,1371	0,1256	-0,1714
16 58	0,7359	0,2260	-0,1637	0,0627	-0,0455

<i>Pares de Linhagens</i>	<i>local 1</i>	<i>local 2</i>	<i>local 3</i>	<i>local 4</i>	<i>média</i>
16 59	-0,0301	0,0099	-0,0307	0,0831	-0,2534
16 60	0,0711	-0,1658	0,4480	0,1536	0,6357
16 61	0,0663	0,2060	-0,2163	0,4825	-0,0664
16 62	0,8341	0,7221	0,5510	0,5860	0,8233
16 63	0,3751	0,3722	0,2162	0,1324	0,8303
16 64	0,2198	0,4011	0,0015	-0,0833	0,2551
16 65	0,0741	-0,0382	0,0661	0,0591	-0,2138
16 66	0,1321	0,0480	0,2483	0,2489	-0,0318
16 67	-0,0530	-0,0433	-0,1117	-0,0308	-0,1321
16 68	0,0052	-0,2091	0,4277	0,0830	0,1946
17 18	0,2282	0,1202	0,3205	0,4121	0,2353
17 19	0,6913	0,3469	0,3363	0,2319	0,2827
17 20	0,2613	0,0460	0,1767	0,1369	0,1133
17 21	0,1439	0,4762	0,2048	0,0566	0,3620
17 22	0,3039	0,0377	0,1152	0,5354	0,0058
17 23	0,0020	-0,0514	0,4175	0,7078	0,1472
17 24	0,8376	0,5291	0,1149	0,3446	0,1334
17 25	0,0730	0,0162	0,3422	0,0275	0,1646
17 26	-0,1350	-0,1334	0,2701	0,0614	0,1166
17 27	0,0338	0,2037	0,2183	0,1756	0,0005
17 28	0,0617	0,0038	0,1954	0,6186	-0,1294
17 29	0,1285	0,0026	0,0620	0,1714	0,1423
17 30	-0,0469	-0,1399	0,3024	0,0585	0,0885
17 31	0,7890	0,3988	0,2579	0,6374	0,2930
17 32	0,0128	0,0572	0,5031	0,0716	0,1864
17 33	-0,0418	0,0484	0,1471	0,0832	-0,1285
17 34	0,6007	0,4505	0,5060	0,3778	0,1106
17 35	0,2134	0,0558	0,3995	0,0029	0,1355
17 36	0,0691	-0,0308	0,2797	0,0998	0,1604
17 37	0,0517	0,0064	0,3017	0,1105	0,2247
17 38	-0,0420	-0,0607	0,5039	0,0009	0,1923
17 39	0,7071	0,4646	0,4912	0,3197	0,2826
17 40	0,0576	-0,0802	0,2015	0,2639	0,1826
17 41	-0,0129	0,0233	0,2676	0,0258	-0,1447
17 42	0,0215	-0,1175	0,5941	0,4273	-0,0988
17 43	0,0475	-0,0495	0,3959	0,3398	0,0075
17 44	0,0930	0,0362	0,3403	0,5549	-0,0101
17 45	0,0076	0,1121	0,1402	0,2731	-0,0948
17 46	0,0882	0,1647	0,3908	0,2156	0,2418
17 47	0,0194	0,4001	0,4412	0,1818	0,3535
17 48	-0,0526	-0,0306	0,1377	0,2136	-0,1090
17 49	0,0002	0,1188	0,3177	0,2396	0,2471
17 50	0,2538	0,2771	0,4387	0,2305	0,2947
17 51	0,6716	0,3888	0,2765	0,4766	0,2023
17 52	0,2108	0,2616	0,5376	0,0730	0,3165

<i>Pares de Linhagens</i>	<i>local 1</i>	<i>local 2</i>	<i>local 3</i>	<i>local 4</i>	<i>média</i>
17 53	-0,0770	-0,1088	0,3576	0,4242	-0,0377
17 54	0,1654	0,1555	0,5300	0,6340	0,2971
17 55	0,0143	-0,1068	0,1849	0,0311	-0,1704
17 56	0,0343	0,0314	0,3696	0,0322	-0,0926
17 57	-0,0191	-0,0446	0,2409	0,0705	0,1290
17 58	0,6563	0,2774	0,1870	0,2507	0,2263
17 59	-0,1103	0,0282	0,2719	0,0803	0,0569
17 60	0,0270	-0,1334	0,5271	0,2351	0,2522
17 61	0,0409	0,3087	0,1228	0,6880	0,3111
17 62	0,7471	0,6095	0,6199	0,5027	0,3846
17 63	0,2359	0,3576	0,3297	0,1609	0,4461
17 64	0,1287	0,2746	0,2517	0,0444	-0,0019
17 65	0,0063	-0,0148	0,3514	0,0753	0,1514
17 66	0,0545	-0,0482	0,4214	0,2215	0,2036
17 67	-0,0695	-0,0082	0,1762	0,0295	0,1832
17 68	-0,1022	-0,1470	0,5861	0,0669	-0,1120
18 19	0,2933	0,1758	0,2483	0,1976	-0,0470
18 20	-0,0661	0,0494	-0,1124	0,0194	0,5303
18 21	0,2577	0,3963	0,0922	0,1298	0,7243
18 22	-0,0528	0,0431	-0,1228	0,5529	0,0118
18 23	0,1056	0,0437	-0,1262	0,4028	-0,1654
18 24	0,4618	0,3150	-0,1846	0,2808	0,2874
18 25	0,1804	-0,0966	0,1377	0,2100	0,5782
18 26	0,1315	0,0823	0,0774	0,2091	0,5482
18 27	0,1306	0,2763	-0,0295	0,0598	0,2413
18 28	0,2474	0,2464	-0,1083	0,2313	0,1796
18 29	0,3098	0,1671	-0,1424	0,4127	0,5621
18 30	0,0948	-0,0388	-0,1600	0,1317	0,5232
18 31	0,4296	0,2976	-0,3019	0,3794	0,6840
18 32	0,2849	0,2290	0,2283	0,2250	-0,0791
18 33	0,2052	0,2305	0,0650	0,1847	0,1515
18 34	0,2060	0,2988	0,3423	0,5617	0,3230
18 35	-0,0654	-0,1815	0,3487	0,3201	0,5493
18 36	0,1748	0,1425	0,0737	0,3596	-0,1104
18 37	0,2649	0,0634	0,3190	0,2212	-0,0537
18 38	0,0846	0,0517	0,2118	0,3065	-0,0387
18 39	0,2681	0,3320	0,1563	0,3824	0,0135
18 40	0,1413	0,1251	-0,1743	0,5204	0,5744
18 41	0,1269	0,2159	0,0203	0,0299	0,1480
18 42	0,1481	-0,0371	0,5044	0,4040	0,1960
18 43	0,1388	-0,0770	0,1665	0,2333	0,3041
18 44	0,3005	0,1277	0,1787	0,2791	0,2334
18 45	0,2401	0,3174	-0,0989	0,0249	0,2142
18 46	0,2237	0,2523	0,2243	0,2677	0,0001
18 47	0,1413	0,3077	0,5871	0,4220	0,7695

<i>Pares de Linhagens</i>	<i>local 1</i>	<i>local 2</i>	<i>local 3</i>	<i>local 4</i>	<i>média</i>
18 48	0,1683	0,1430	-0,1472	0,1337	0,1298
18 49	0,3020	-0,0072	-0,1928	0,0490	0,6155
18 50	-0,1093	0,1579	0,2310	0,2408	0,6820
18 51	0,2141	0,0014	-0,0581	0,3310	0,5277
18 52	0,2958	0,3823	0,3863	0,1471	0,0452
18 53	0,1255	0,0851	-0,0317	0,3808	0,2069
18 54	0,2398	0,1267	0,2358	0,4449	-0,0105
18 55	0,2442	-0,1524	0,0384	0,1401	0,1392
18 56	0,1550	-0,0819	0,1862	0,2665	0,2126
18 57	0,1113	0,0243	-0,0927	0,2858	0,5437
18 58	0,2579	-0,1262	-0,2900	0,1583	0,6019
18 59	0,0314	0,1085	-0,0839	0,1363	0,4732
18 60	0,1394	0,0823	0,4467	0,3127	0,0382
18 61	0,2298	0,3041	-0,0875	0,5231	0,6679
18 62	0,3210	0,4650	0,5770	0,5600	0,1790
18 63	0,4806	0,3576	0,2116	0,2143	0,1976
18 64	0,2243	0,2251	0,0265	0,0548	0,2412
18 65	0,2155	0,1782	0,0368	0,1709	0,5519
18 66	0,1679	0,2183	0,3153	0,4687	0,6375
18 67	0,1756	0,1097	0,0752	0,1653	0,6067
18 68	0,1287	0,0469	0,3329	0,1951	0,2545
19 20	0,3405	0,1232	0,0366	-0,1448	0,5825
19 21	0,7633	0,7014	0,0173	-0,0323	0,7941
19 22	0,3441	0,1163	0,0068	0,4195	0,0561
19 23	0,6500	0,3437	0,3576	0,5769	-0,0601
19 24	0,2509	0,2847	0,0954	0,0364	0,3502
19 25	0,7056	0,3506	0,2689	-0,0225	0,6498
19 26	0,6410	0,2972	-0,0232	-0,0052	0,6075
19 27	0,6545	0,4989	0,1357	0,0727	0,3217
19 28	0,7130	0,4201	0,0683	0,4971	0,2400
19 29	0,7742	0,3771	0,0081	0,1992	0,6224
19 30	0,6107	0,2647	0,2106	-0,0304	0,5836
19 31	0,4705	0,2883	0,2136	0,4176	0,7360
19 32	0,7369	0,4355	0,3174	0,0509	0,0114
19 33	0,6984	0,3975	0,1618	0,0179	0,2114
19 34	0,1043	0,0796	0,5399	0,2315	0,3284
19 35	0,3329	0,1100	0,2110	0,0891	0,6097
19 36	0,6589	0,3545	0,1909	0,2053	-0,0136
19 37	0,7540	0,3515	0,2228	-0,0283	0,0384
19 38	0,6245	0,3478	0,5364	0,0723	0,0507
19 39	0,1528	0,2521	0,4208	0,1463	0,0502
19 40	0,6824	0,3382	0,2410	0,3714	0,6348
19 41	0,6419	0,4267	0,1640	-0,0997	0,2175
19 42	0,6669	0,2689	0,4496	0,3159	0,2668
19 43	0,6582	0,3031	0,4079	0,2590	0,3497

<i>Pares de Linhagens</i>	<i>local 1</i>	<i>local 2</i>	<i>local 3</i>	<i>local 4</i>	<i>média</i>
19 44	0,7651	0,4015	-0,0227	0,4610	0,3233
19 45	0,7279	0,5305	0,1495	0,1297	0,2738
19 46	0,7336	0,5478	0,4357	0,1823	0,0696
19 47	0,6672	0,6769	0,3233	0,3225	0,8376
19 48	0,6727	0,3123	0,0296	0,1217	0,1904
19 49	0,7476	0,3911	0,2122	0,0428	0,6797
19 50	0,3391	0,2093	0,2996	0,0181	0,7211
19 51	0,1378	0,1239	0,3047	0,2480	0,5608
19 52	0,7721	0,5018	0,3666	-0,0771	0,0945
19 53	0,6078	0,3013	0,3294	0,2970	0,2778
19 54	0,7633	0,5010	0,4151	0,5874	0,0885
19 55	0,7182	0,2313	-0,0030	-0,1114	0,2104
19 56	0,6777	0,3674	0,3698	0,0130	0,2903
19 57	0,6341	0,2806	0,2776	0,0814	0,5976
19 58	0,1109	0,0615	0,1870	-0,0733	0,6571
19 59	0,5685	0,3992	0,1479	0,0374	0,5337
19 60	0,6642	0,2972	0,4123	0,0895	0,0828
19 61	0,7294	0,6146	0,0559	0,7122	0,7505
19 62	0,2888	0,3071	0,6587	0,3655	0,1359
19 63	0,9292	0,6402	0,3298	0,0615	0,2907
19 64	0,7129	0,4944	0,1186	-0,0780	0,2894
19 65	0,7164	0,3467	0,0910	0,0067	0,6039
19 66	0,7019	0,4396	0,5243	0,2475	0,6902
19 67	0,6657	0,3854	0,0393	-0,0987	0,6706
19 68	0,6472	0,2631	0,4739	0,0096	0,2984
20 21	0,2429	0,5399	-0,1648	-0,1485	0,0209
20 22	-0,0267	-0,2357	-0,3312	0,2727	0,2046
20 23	0,1393	-0,0718	-0,0112	0,4237	0,4369
20 24	0,4775	0,3288	-0,3040	-0,1107	0,2128
20 25	0,1345	-0,0075	-0,1005	-0,1848	-0,2953
20 26	0,1515	-0,1341	-0,1877	-0,2113	-0,3689
20 27	0,1630	0,1423	-0,1178	-0,1767	0,1230
20 28	0,2795	0,1553	-0,3551	0,3168	0,0572
20 29	0,3397	-0,0596	-0,4858	0,0219	-0,3219
20 30	0,1150	-0,1481	-0,1172	-0,1467	-0,3857
20 31	0,4436	0,1071	-0,2131	0,2342	-0,1228
20 32	0,2755	0,0512	0,0506	-0,0832	0,4726
20 33	0,2247	0,0458	-0,0871	-0,1046	0,0040
20 34	0,2066	0,1612	0,2229	0,2170	0,1951
20 35	-0,0019	-0,1421	0,1050	0,0163	-0,3201
20 36	0,1930	-0,0713	-0,1616	0,0910	0,4518
20 37	0,2959	-0,0132	0,1263	-0,1128	0,5118
20 38	0,0720	-0,0520	0,2311	-0,0029	0,4872
20 39	0,2878	0,1004	0,0696	0,0397	0,5520
20 40	0,1869	-0,1182	-0,1335	0,2610	-0,2371

<i>Pares de Linhagens</i>	<i>local 1</i>	<i>local 2</i>	<i>local 3</i>	<i>local 4</i>	<i>média</i>
20 41	0,1469	0,0046	-0,0991	-0,3692	-0,0041
20 42	0,1354	-0,1088	0,2785	0,2257	0,0444
20 43	0,1830	-0,0544	0,2042	0,1386	0,1867
20 44	0,3012	0,0210	-0,0753	0,3067	0,1150
20 45	0,2605	0,3475	-0,2598	-0,0652	0,1344
20 46	0,2447	0,3690	0,2533	0,0345	0,5841
20 47	0,1738	0,3395	0,3603	0,1171	0,0430
20 48	0,1999	-0,0314	-0,4625	-0,1757	0,0050
20 49	0,3413	0,1055	-0,1412	-0,1061	-0,1575
20 50	-0,0687	0,2068	-0,0036	-0,0346	-0,0979
20 51	0,2277	0,1141	0,0052	0,1582	0,0480
20 52	0,2789	0,2296	0,2128	-0,1804	0,5818
20 53	0,1549	-0,0915	0,0025	0,2223	0,0771
20 54	0,2968	0,2365	0,1713	0,4315	0,5931
20 55	0,2014	-0,1279	-0,1957	-0,1755	-0,0135
20 56	0,1087	0,0152	0,0668	-0,1089	0,0832
20 57	0,1317	-0,0508	-0,1160	-0,0228	-0,3366
20 58	0,2775	-0,0195	-0,2304	-0,2499	-0,2646
20 59	0,0516	-0,0242	-0,2524	-0,1881	-0,4342
20 60	0,1075	-0,1341	0,3555	0,0080	0,5641
20 61	0,2722	0,2750	-0,3763	0,5497	-0,0591
20 62	0,3108	0,4761	0,5529	0,3138	0,7194
20 63	0,4691	0,4473	0,1500	-0,0836	0,7658
20 64	0,2710	0,4161	-0,1306	-0,3301	0,1529
20 65	0,2474	-0,0134	-0,2228	-0,1126	-0,2992
20 66	0,2040	0,1240	0,2559	0,1313	-0,1443
20 67	0,2074	-0,0193	-0,1775	-0,1488	-0,2151
20 68	0,1608	-0,1504	0,3424	-0,0791	0,1201
21 22	0,2948	0,5372	-0,1027	0,2782	0,4314
21 23	0,0102	0,4413	0,2138	0,4988	0,6584
21 24	0,8834	0,8163	-0,0774	0,0996	0,4095
21 25	-0,0056	0,2959	0,0296	-0,1848	-0,0023
21 26	0,0336	0,4312	-0,1982	-0,1858	0,0216
21 27	0,0132	0,4687	-0,0601	-0,1188	0,3168
21 28	0,1912	0,4928	-0,1229	0,3338	0,2815
21 29	0,2192	0,5249	-0,2431	0,0682	0,0260
21 30	-0,0593	0,3611	-0,0102	-0,4785	0,0206
21 31	0,8373	0,7905	-0,0006	0,4278	0,1729
21 32	0,2020	0,5263	0,2135	-0,0740	0,6982
21 33	0,1014	0,4531	-0,0468	-0,3393	0,2539
21 34	0,6768	0,7186	0,3569	0,2980	0,4261
21 35	0,3222	0,4209	-0,0163	-0,1165	0,0236
21 36	0,0935	0,4782	-0,0251	-0,0426	0,6792
21 37	0,1181	0,4179	0,0789	-0,2084	0,7306
21 38	-0,0344	0,4341	0,3523	-0,1318	0,7255

<i>Pare s de Linhagens</i>	<i>local 1</i>	<i>local 2</i>	<i>local 3</i>	<i>local 4</i>	<i>média</i>
21 39	0,7425	0,8570	0,2517	0,2015	0,8029
21 40	0,0496	0,4729	-0,0020	0,1863	0,0440
21 41	-0,0019	0,5386	0,0182	-0,3543	0,2650
21 42	-0,0563	0,3773	0,2900	0,1433	0,3226
21 43	0,0408	0,3690	0,3305	0,0793	0,4221
21 44	0,1527	0,4003	-0,1029	0,3277	0,3259
21 45	0,1069	0,6652	0,0331	0,0171	0,3492
21 46	-0,0150	0,6224	0,3316	-0,1357	0,7792
21 47	-0,0055	0,5299	0,2470	0,1675	0,2014
21 48	0,1069	0,4065	-0,1489	-0,0885	0,2342
21 49	0,1986	0,2778	0,0524	-0,0817	-0,0066
21 50	0,2639	0,4916	0,0822	-0,1438	0,0738
21 51	0,6916	0,5720	0,1979	0,3110	0,2547
21 52	0,1104	0,5251	0,1758	-0,2173	0,7616
21 53	0,0674	0,4472	0,1570	0,1213	0,3338
21 54	0,1705	0,5193	0,2591	0,4595	0,7841
21 55	0,0097	0,3086	-0,3131	-0,3985	0,2667
21 56	-0,0579	0,3116	0,2383	-0,1404	0,3114
21 57	-0,0293	0,3335	0,0857	-0,0798	-0,0128
21 58	0,7452	0,5354	-0,0243	-0,0594	0,0715
21 59	-0,0509	0,5001	-0,0714	-0,1328	-0,0444
21 60	-0,0376	0,4312	0,4299	-0,0438	0,7854
21 61	0,1609	0,5073	-0,2149	0,5606	0,0775
21 62	0,7746	0,9520	0,6610	0,3261	0,9232
21 63	0,3748	0,3908	0,2870	-0,1445	0,9147
21 64	0,1650	0,4720	-0,0517	-0,3325	0,3115
21 65	0,1354	0,4277	-0,0086	-0,3686	-0,0187
21 66	0,1014	0,5450	0,3758	0,0912	0,1331
21 67	0,0332	0,3963	-0,1075	-0,3608	0,0512
21 68	0,0634	0,4090	0,4646	-0,2991	0,3804
22 23	0,1599	-0,0716	0,0086	0,8754	-0,1000
22 24	0,4798	0,3099	-0,3762	0,3038	0,0812
22 25	0,2138	0,0010	-0,0976	0,3014	0,2621
22 26	0,1961	-0,1237	-0,1214	0,2280	0,2209
22 27	0,1652	0,1831	-0,1507	0,3638	-0,0053
22 28	0,2578	0,1725	-0,4055	0,7538	-0,0290
22 29	0,3269	-0,0101	-0,4304	0,3839	0,2220
22 30	0,1598	-0,1383	-0,0616	0,2800	0,2071
22 31	0,4333	0,1074	-0,1507	0,7510	0,3364
22 32	0,3002	0,0430	-0,0084	0,4127	-0,0082
22 33	0,2516	0,0369	-0,0562	0,2965	-0,0789
22 34	0,2427	0,1406	0,2278	0,5079	0,0453
22 35	0,0134	-0,1514	0,1728	0,4340	0,2201
22 36	0,1689	-0,0315	-0,1363	0,4036	-0,0415
22 37	0,3167	-0,0043	0,0520	0,2994	0,0006

<i>Pares de Linhagens</i>	<i>local 1</i>	<i>local 2</i>	<i>local 3</i>	<i>local 4</i>	<i>média</i>
22 38	0,1339	-0,0806	0,2724	0,4364	0,0206
22 39	0,3150	0,1285	0,0879	0,4614	0,0800
22 40	0,1822	-0,0744	-0,1306	0,4830	0,2237
22 41	0,1739	0,0046	-0,1011	0,1804	-0,0938
22 42	0,1973	-0,1373	0,3351	0,4705	-0,0381
22 43	0,1407	-0,0767	0,1416	0,5006	-0,0105
22 44	0,3018	0,0303	-0,0169	0,7703	-0,0141
22 45	0,2854	0,3496	-0,2937	0,5043	0,0404
22 46	0,3035	0,3713	0,1859	0,2849	0,1109
22 47	0,1945	0,3705	0,3546	0,5538	0,4533
22 48	0,2026	-0,0407	-0,4682	0,2557	-0,1376
22 49	0,3407	0,0873	-0,0841	0,4229	0,2809
22 50	-0,0203	0,2010	0,0475	0,3064	0,3602
22 51	0,2381	0,0959	-0,0652	0,5613	0,1098
22 52	0,2520	0,2312	0,2057	0,3364	0,0393
22 53	0,1247	-0,1238	0,0012	0,4593	-0,0488
22 54	0,2599	0,2385	0,1639	0,8447	0,0599
22 55	0,2771	-0,1191	-0,1668	0,2829	-0,0981
22 56	0,1885	0,0093	0,0722	0,3427	-0,0290
22 57	0,1766	-0,0589	-0,1359	0,3871	0,2205
22 58	0,3044	-0,0111	-0,2275	0,2567	0,2852
22 59	0,0963	0,0038	-0,1395	0,3390	0,1537
22 60	0,1602	-0,1237	0,2904	0,2991	0,0386
22 61	0,2519	0,2768	-0,3731	0,9397	0,3580
22 62	0,3678	0,4953	0,4853	0,4508	0,2469
22 63	0,5160	0,4322	-0,0144	0,2469	0,2799
22 64	0,2498	0,4234	-0,0330	0,2006	0,0607
22 65	0,2499	-0,0232	-0,1594	0,2881	0,2146
22 66	0,2309	0,1417	0,2669	0,3777	0,3338
22 67	0,2277	-0,0097	-0,2321	0,2981	0,2805
22 68	0,1811	-0,1402	0,2898	0,3200	-0,0299
23 24	0,7959	0,5163	-0,0662	0,6382	0,2505
23 25	-0,1373	-0,2023	0,1276	0,4778	0,4842
23 26	-0,1912	-0,2325	0,2005	0,4851	0,4441
23 27	-0,2224	0,0497	0,0158	0,4607	0,1384
23 28	0,0064	0,0633	-0,0603	0,3704	0,0890
23 29	0,0229	-0,1815	-0,0285	0,6550	0,4579
23 30	-0,2112	-0,3448	-0,0095	0,5006	0,4236
23 31	0,7102	0,2843	-0,1244	0,3640	0,5884
23 32	0,0606	-0,0453	0,2163	0,5071	-0,2454
23 33	-0,0972	-0,0565	0,1663	0,5280	0,0385
23 34	0,5504	0,3580	0,3047	0,8449	0,2283
23 35	0,1473	-0,1451	0,4527	0,6038	0,4496
23 36	-0,0845	-0,1632	0,1879	0,6953	-0,2840
23 37	-0,0290	-0,1524	0,4237	0,5104	-0,2106

<i>Pares de Linhagens</i>	<i>local 1</i>	<i>local 2</i>	<i>local 3</i>	<i>local 4</i>	<i>média</i>
23 38	-0,2388	-0,2991	0,3149	0,6052	-0,1819
23 39	0,6061	0,3389	0,0877	0,7644	-0,0766
23 40	-0,2541	-0,2239	-0,0248	0,7656	0,4703
23 41	-0,1739	-0,1441	0,1385	0,4011	0,0305
23 42	-0,1753	-0,3558	0,4965	0,5214	0,0738
23 43	-0,1839	-0,3281	0,3001	0,4280	0,1842
23 44	0,0465	-0,0554	0,2888	0,3606	0,1329
23 45	0,0115	0,2655	0,0067	0,2812	0,1578
23 46	-0,0019	0,2456	0,3392	0,6589	-0,0382
23 47	-0,1644	0,2249	0,6888	0,7302	0,6905
23 48	-0,1350	-0,1368	-0,0301	0,4876	0,0111
23 49	0,0621	-0,1032	-0,0375	0,2519	0,5250
23 50	0,1517	0,2462	0,2235	0,6114	0,5994
23 51	0,5663	0,2298	0,0869	0,6428	0,4532
23 52	0,0547	0,1337	0,3816	0,4131	-0,1253
23 53	-0,1237	-0,2369	0,0941	0,5586	0,0895
23 54	-0,0349	0,0439	0,2023	0,4982	-0,1169
23 55	-0,0102	-0,3450	0,1641	0,4604	0,0213
23 56	-0,1480	-0,2012	0,2174	0,5361	0,1095
23 57	-0,2279	-0,2342	-0,0635	0,5910	0,4392
23 58	0,5942	0,1264	-0,1302	0,5684	0,5261
23 59	-0,2747	-0,2925	0,0394	0,4603	0,3735
23 60	-0,1355	-0,2325	0,4879	0,6135	-0,1099
23 61	-0,0615	0,1849	0,0395	0,5612	0,5912
23 62	0,6647	0,6400	0,6124	0,9411	0,1678
23 63	0,2793	0,3693	0,3379	0,5608	0,1788
23 64	0,0018	0,2994	0,1302	0,4255	0,1763
23 65	-0,1188	-0,1225	0,1588	0,5174	0,4500
23 66	-0,1325	0,0280	0,4136	0,7465	0,5536
23 67	-0,1141	-0,1018	0,1959	0,4842	0,5185
23 68	-0,1879	-0,2445	0,4558	0,5560	0,1381
24 25	0,8346	0,4824	-0,1126	0,0349	0,2734
24 26	0,7874	0,4809	-0,0819	-0,0005	0,2499
24 27	0,8005	0,6756	-0,2320	0,1306	0,1192
24 28	0,8398	0,6451	-0,3768	0,5652	0,0600
24 29	0,9013	0,5648	-0,4680	0,1808	0,2603
24 30	0,7571	0,4471	-0,1642	0,1015	0,2320
24 31	0,5664	0,3666	-0,2472	0,3963	0,3503
24 32	0,8561	0,5289	0,0170	0,1838	0,2826
24 33	0,8259	0,5754	-0,1575	0,1176	0,0255
24 34	0,2837	0,4322	0,2478	0,2445	0,1730
24 35	0,4837	0,2608	0,1874	0,2217	0,2404
24 36	0,7765	0,5068	-0,0743	0,2737	0,2589
24 37	0,8819	0,4619	-0,0152	0,0643	0,3005
24 38	0,7618	0,5095	0,1874	0,2252	0,3125

<i>Pares de Linhagens</i>	<i>local 1</i>	<i>local 2</i>	<i>local 3</i>	<i>local 4</i>	<i>média</i>
24 39	0,3035	0,3635	0,0592	0,1504	0,3425
24 40	0,8282	0,5214	-0,2964	0,3960	0,2747
24 41	0,7693	0,5579	-0,1876	-0,0608	0,0130
24 42	0,8046	0,4527	0,3253	0,3490	0,0760
24 43	0,7948	0,4734	0,1473	0,3502	0,1891
24 44	0,8740	0,5012	0,0214	0,5558	0,0843
24 45	0,8560	0,7041	-0,3552	0,2310	0,0936
24 46	0,8622	0,6790	0,0895	0,2220	0,3605
24 47	0,7950	0,6929	0,4190	0,3224	0,4622
24 48	0,8093	0,5436	-0,4307	0,0974	0,0094
24 49	0,8939	0,5610	-0,1884	0,1737	0,3116
24 50	0,4750	0,4832	0,0804	0,1592	0,3511
24 51	0,3175	0,3150	-0,0453	0,2559	0,2662
24 52	0,8728	0,7212	0,2513	0,0531	0,3881
24 53	0,7441	0,4864	-0,1599	0,3357	0,0652
24 54	0,8813	0,5917	0,1710	0,6630	0,3632
24 55	0,8475	0,4205	-0,1159	0,0670	0,0312
24 56	0,8068	0,4946	0,0938	0,1377	0,0910
24 57	0,7804	0,5094	-0,3949	0,1906	0,2471
24 58	0,2975	0,2080	-0,4056	-0,0678	0,2654
24 59	0,7141	0,5706	-0,1662	0,0505	0,1755
24 60	0,7932	0,4809	0,3531	0,1720	0,3754
24 61	0,8567	0,6584	-0,3567	0,7305	0,3623
24 62	0,4106	0,5771	0,4475	0,3571	0,5059
24 63	1,0492	0,7187	0,0399	0,1295	0,5276
24 64	0,8396	0,7517	-0,0710	-0,0112	0,1312
24 65	0,8532	0,5668	-0,1226	0,1093	0,2501
24 66	0,8291	0,5760	0,1479	0,2656	0,3151
24 67	0,8125	0,5171	-0,1978	0,0923	0,3070
24 68	0,7932	0,4578	0,3022	0,1630	0,1579
25 26	-0,0964	-0,1527	0,0634	-0,4404	-0,3155
25 27	-0,0907	0,0768	-0,0628	-0,0062	0,1460
25 28	0,0768	0,1450	-0,3152	0,4091	0,1063
25 29	0,1216	-0,0304	-0,2201	-0,1355	-0,2700
25 30	-0,1196	-0,3180	0,0928	-0,1831	-0,3029
25 31	0,7573	0,3308	0,0484	0,2857	-0,0424
25 32	0,0879	0,0210	-0,0999	-0,1335	0,5208
25 33	-0,0104	0,0179	0,1308	-0,1267	0,0600
25 34	0,5892	0,3720	0,1101	0,1524	0,2671
25 35	0,2197	-0,2029	0,3148	-0,1512	-0,2443
25 36	-0,0112	-0,0668	0,0654	-0,0203	0,5004
25 37	0,0763	-0,1595	0,2073	-0,2199	0,5626
25 38	-0,2234	-0,2119	0,4211	-0,1664	0,5380
25 39	0,6554	0,3893	0,0060	0,1146	0,6169
25 40	-0,0670	-0,1057	0,0222	0,1091	-0,1873

<i>Pares de Linhagens</i>	<i>local 1</i>	<i>local 2</i>	<i>local 3</i>	<i>local 4</i>	<i>média</i>
25 41	-0,0844	0,0072	0,0705	-0,3200	0,0476
25 42	-0,1599	-0,2687	0,3096	0,1182	0,0908
25 43	-0,0426	-0,3510	0,3876	0,1511	0,2338
25 44	0,0914	-0,0989	0,1735	0,3488	0,1403
25 45	0,0365	0,3209	0,0365	0,0397	0,1892
25 46	0,0220	0,2633	0,3754	0,0543	0,6327
25 47	-0,0488	0,1068	0,5339	0,0216	0,0264
25 48	-0,0257	-0,0581	-0,1546	-0,0284	0,0567
25 49	0,1640	-0,2637	0,1078	-0,0845	-0,1445
25 50	0,1930	0,2295	-0,0621	-0,0565	-0,0285
25 51	0,6120	0,1264	0,2378	0,2386	0,1074
25 52	0,0702	0,2110	0,0927	-0,1902	0,6255
25 53	-0,0339	-0,1151	0,1864	0,1601	0,1284
25 54	0,0835	0,0289	0,1336	0,4042	0,6390
25 55	-0,0479	-0,4316	0,0273	-0,2682	0,0382
25 56	-0,2469	-0,4689	0,1425	-0,3153	0,1055
25 57	-0,1257	-0,2044	-0,0800	-0,1153	-0,2875
25 58	0,6433	-0,0007	-0,0222	-0,0877	-0,1844
25 59	-0,1831	-0,1205	0,0290	-0,1359	-0,3502
25 60	-0,1581	-0,1527	0,4668	0,0039	0,6122
25 61	0,0620	0,1111	-0,1905	0,5359	-0,0726
25 62	0,6797	0,6699	0,6370	0,3411	0,7805
25 63	0,2847	0,2782	0,2964	-0,0760	0,7946
25 64	0,0713	0,2299	0,1785	-0,2549	0,2000
25 65	0,0019	-0,0389	0,0410	-0,1416	-0,2371
25 66	-0,0434	0,1161	0,4009	-0,0038	-0,0796
25 67	-0,0071	-0,1434	-0,0377	-0,2398	-0,1993
25 68	-0,0719	-0,1710	0,5198	-0,1133	0,1714
26 27	-0,1407	0,0393	-0,0682	0,0058	0,1243
26 28	-0,0212	0,0218	-0,1421	0,3687	0,0651
26 29	0,0125	-0,1863	-0,2129	-0,2296	-0,3558
26 30	-0,2109	-0,3673	0,0286	-0,1840	-0,3840
26 31	0,7181	0,2635	-0,0167	0,2236	-0,1021
26 32	-0,0256	-0,1264	0,1563	-0,1427	0,4798
26 33	-0,1799	-0,1449	0,0001	-0,1305	0,0162
26 34	0,5413	0,3222	0,4030	0,1188	0,2244
26 35	0,1343	-0,0941	0,0031	-0,1484	-0,3170
26 36	-0,0689	-0,2469	0,0524	-0,0275	0,4578
26 37	-0,0628	-0,1743	0,1194	-0,1668	0,5202
26 38	-0,2155	-0,2437	0,4174	-0,1628	0,4954
26 39	0,6195	0,3342	0,2738	0,0791	0,5770
26 40	-0,1170	-0,3349	0,0329	0,1380	-0,2525
26 41	-0,1734	-0,1643	0,0129	-0,3869	0,0016
26 42	-0,1521	-0,3005	0,2862	0,1001	0,0472
26 43	-0,1061	-0,2074	0,3101	0,1287	0,1845

<i>Pares de Linhagens</i>	<i>local 1</i>	<i>local 2</i>	<i>local 3</i>	<i>local 4</i>	<i>média</i>
26 44	0,0053	-0,1594	-0,1907	0,3114	0,1142
26 45	-0,0350	0,2446	0,0167	0,0514	0,1420
26 46	-0,0001	0,2702	0,3645	0,0361	0,5905
26 47	-0,1311	0,2574	0,2425	0,0328	0,0402
26 48	-0,1749	-0,2294	-0,1828	-0,1005	0,0105
26 49	-0,0169	-0,0269	-0,0126	-0,1020	-0,1550
26 50	0,1670	0,2370	0,0527	-0,0632	-0,0693
26 51	0,5887	0,2620	0,1853	0,1985	0,0844
26 52	0,0929	0,1129	0,2359	-0,1516	0,5880
26 53	-0,1629	-0,3151	0,1716	0,1344	0,0802
26 54	0,0388	0,1319	0,2340	0,3669	0,5991
26 55	-0,0779	-0,2833	-0,2033	-0,2630	-0,0108
26 56	-0,1265	-0,1290	0,2231	-0,2999	0,0822
26 57	-0,2018	-0,2277	0,0830	-0,1213	-0,3405
26 58	0,5872	0,1399	-0,0394	-0,2176	-0,1924
26 59	-0,2744	-0,1382	-0,0534	-0,1467	-0,4225
26 60	-0,1104	-0,4679	0,3658	-0,0173	0,5737
26 61	-0,0650	0,1642	-0,1843	0,5213	-0,0526
26 62	0,6775	0,6319	0,5781	0,3142	0,7376
26 63	0,2191	0,3290	0,2558	-0,0847	0,7755
26 64	0,0280	0,3140	-0,0473	-0,3233	0,1571
26 65	-0,1398	-0,2208	-0,1724	-0,1445	-0,3054
26 66	-0,0929	-0,0149	0,3900	-0,0749	-0,1425
26 67	-0,1779	-0,2210	-0,0994	-0,2363	-0,2038
26 68	-0,2357	-0,4111	0,3836	-0,1196	0,1196
27 28	-0,0163	0,2134	-0,2521	0,3354	-0,1088
27 29	0,0263	0,0098	-0,2183	0,2029	0,1337
27 30	-0,2092	0,0216	-0,0106	-0,1170	0,1046
27 31	0,7269	0,4763	-0,0921	0,4300	0,2712
27 32	0,0676	0,2087	0,0728	-0,0112	0,1982
27 33	-0,0531	0,1274	-0,0711	-0,0780	-0,1608
27 34	0,5760	0,4776	0,2795	0,4172	0,0739
27 35	0,1899	0,1722	0,1345	0,0945	0,1357
27 36	-0,1102	0,0470	0,0996	0,1393	0,1726
27 37	-0,0258	0,1335	0,1328	-0,0044	0,2234
27 38	-0,1485	0,1169	0,3759	0,0929	0,2087
27 39	0,6106	0,5338	0,0776	0,2573	0,2946
27 40	-0,1735	0,0244	-0,0720	0,2823	0,1597
27 41	-0,1276	0,1256	0,0473	-0,2234	-0,1593
27 42	-0,1736	0,0214	0,1669	0,3096	-0,1131
27 43	-0,1782	0,0932	0,3049	0,1519	0,0373
27 44	0,0805	0,0679	0,0564	0,3631	-0,1347
27 45	0,0175	0,4747	-0,0652	-0,0020	0,0686
27 46	0,0012	0,4967	0,3106	0,0237	0,3304
27 47	-0,1156	0,2886	0,3929	0,2068	0,3584

<i>Pares de Linhagens</i>	<i>local 1</i>	<i>local 2</i>	<i>local 3</i>	<i>local 4</i>	<i>média</i>
27 48	-0,0550	0,0230	-0,1805	-0,1683	-0,1850
27 49	0,0655	0,0972	-0,0344	-0,0051	0,1921
27 50	0,1934	0,3944	-0,0451	0,0612	0,2837
27 51	0,5817	0,4071	0,1067	0,3662	0,1893
27 52	0,0605	0,1942	0,1473	-0,1292	0,2639
27 53	-0,1160	0,0381	0,0904	0,2967	-0,0687
27 54	0,0062	0,3635	0,0239	0,4962	0,3023
27 55	-0,0071	0,0184	-0,1123	-0,0890	-0,1758
27 56	-0,1032	0,0918	0,1854	0,0469	-0,1127
27 57	-0,2268	0,0117	-0,1726	0,0683	0,1220
27 58	0,6093	0,3342	-0,1717	0,0332	0,2129
27 59	-0,1889	0,0672	0,0030	-0,1439	0,0708
27 60	-0,0646	0,0393	0,3445	0,0987	0,2922
27 61	0,0132	0,2086	-0,1371	0,5660	0,2580
27 62	0,6897	0,7825	0,4972	0,4239	0,4786
27 63	0,3251	0,3814	0,2569	-0,0270	0,4669
27 64	-0,0200	0,4794	-0,0438	-0,1996	0,0448
27 65	-0,0673	0,0644	0,0286	-0,0936	0,1311
27 66	-0,0500	0,2561	0,3819	0,2702	0,2717
27 67	-0,1117	0,0449	0,0090	-0,0625	0,1825
27 68	-0,1012	-0,0001	0,4510	-0,0454	-0,0283
28 29	0,0707	0,0854	-0,4563	0,5894	0,0910
28 30	0,0070	0,0068	-0,0809	0,3357	0,0368
28 31	0,7924	0,5009	-0,1709	0,4083	0,2427
28 32	0,0431	0,1964	-0,1800	0,4058	0,1308
28 33	-0,0014	0,1074	-0,0591	0,3852	-0,2561
28 34	0,6414	0,4855	0,1216	0,8034	0,0447
28 35	0,2669	0,1795	0,1552	0,4914	0,0843
28 36	-0,1353	0,0841	-0,1181	0,5385	0,1092
28 37	0,1418	0,1400	0,0621	0,4312	0,1695
28 38	-0,0138	0,0839	0,2803	0,4782	0,1413
28 39	0,6911	0,5499	-0,0641	0,6589	0,2274
28 40	0,0615	0,0383	-0,1508	0,7155	0,1319
28 41	-0,0119	0,1393	-0,1035	0,2372	-0,2409
28 42	0,0497	0,0271	0,2178	0,4640	-0,1812
28 43	-0,0331	0,0833	0,2191	0,3065	0,0362
28 44	0,0942	0,1749	-0,0203	0,1100	-0,0854
28 45	-0,0296	0,2306	-0,2221	0,1685	-0,1053
28 46	0,1394	0,2776	0,2343	0,4682	0,2109
28 47	0,0710	0,4851	0,4018	0,6434	0,3489
28 48	-0,0160	0,0272	-0,4633	0,3437	-0,2141
28 49	0,1761	0,1880	-0,1036	0,1213	0,1772
28 50	0,2871	0,2845	-0,1305	0,4770	0,2071
28 51	0,6836	0,4648	0,0232	0,5307	0,1854
28 52	0,1220	0,2313	0,0717	0,3717	0,2316

<i>Pares de Linhagens</i>	<i>local 1</i>	<i>local 2</i>	<i>local 3</i>	<i>local 4</i>	<i>média</i>
28 53	-0,1435	0,0433	-0,0026	0,4405	-0,1011
28 54	0,0690	0,2637	0,0244	0,3390	0,2419
28 55	0,1249	0,0251	-0,1691	0,3276	-0,2447
28 56	0,0615	0,1606	0,0361	0,4698	-0,1186
28 57	0,0101	0,0167	-0,2350	0,4617	0,0562
28 58	0,6593	0,3906	-0,2483	0,4130	0,1716
28 59	-0,0564	0,1115	-0,1607	0,3358	0,0009
28 60	0,0737	0,0218	0,3154	0,4848	0,2357
28 61	0,0732	0,4139	-0,3986	0,4534	0,2611
28 62	0,7312	0,6528	0,5026	0,8040	0,3677
28 63	0,3507	0,4255	0,1032	0,4126	0,4223
28 64	-0,1095	0,2882	-0,0362	0,2631	-0,1380
28 65	0,0106	0,0415	-0,1797	0,3725	0,0794
28 66	0,0018	0,0868	0,2859	0,6223	0,1772
28 67	0,0590	0,1352	-0,1957	0,3516	0,1480
28 68	-0,0024	0,0051	0,3541	0,3927	-0,0613
29 30	0,0195	-0,1905	-0,1598	0,0700	-0,3369
29 31	0,8447	0,3044	-0,2405	0,4192	-0,1425
29 32	0,2130	0,0084	-0,0214	0,0389	0,5033
29 33	0,0208	-0,0012	-0,1826	0,0996	0,0422
29 34	0,7153	0,3962	0,1554	0,1839	0,2346
29 35	0,3328	-0,0048	0,0893	0,0044	-0,3335
29 36	0,0408	-0,2014	-0,2521	0,0827	0,4803
29 37	0,1272	-0,0613	-0,0575	0,0193	0,5350
29 38	0,0591	-0,0862	0,1761	-0,0011	0,5179
29 39	0,7502	0,3685	0,0094	0,1496	0,5994
29 40	0,0633	-0,2343	-0,2570	0,2348	-0,3184
29 41	0,0246	-0,1140	-0,2130	-0,0860	0,0298
29 42	0,0603	-0,1945	0,2511	0,3244	0,0734
29 43	0,0202	-0,0970	0,1419	0,3619	0,1803
29 44	0,0980	-0,0356	-0,0869	0,5077	0,1254
29 45	0,1371	0,2991	-0,3151	0,2718	0,1673
29 46	0,2045	0,3249	0,1218	0,2293	0,6139
29 47	0,0984	0,2632	0,3086	0,1811	0,0472
29 48	0,0286	-0,1074	-0,5226	0,1355	0,0196
29 49	0,1564	0,0567	-0,1833	0,1769	-0,1899
29 50	0,3682	0,3209	-0,0268	0,2214	-0,0679
29 51	0,7407	0,3352	-0,0285	0,3532	0,0738
29 52	0,1817	0,1474	0,1506	0,0378	0,5933
29 53	0,0326	-0,1932	-0,0566	0,2769	0,0897
29 54	0,1836	0,1863	0,1445	0,5841	0,6044
29 55	0,1419	-0,1734	-0,2758	-0,0049	0,0156
29 56	0,1069	-0,0152	-0,0155	-0,0995	0,1102
29 57	0,0173	-0,1168	-0,2486	-0,0121	-0,2977
29 58	0,7289	0,2234	-0,3194	0,0357	-0,1581

<i>Pares de Linhagens</i>	<i>local 1</i>	<i>local 2</i>	<i>local 3</i>	<i>local 4</i>	<i>média</i>
29 59	0,0167	-0,1738	-0,2363	0,0823	-0,3765
29 60	0,1328	-0,1863	0,3391	0,1297	0,5887
29 61	0,1004	0,2007	-0,5241	0,6734	-0,0794
29 62	0,8290	0,6613	0,4826	0,5130	0,7618
29 63	0,4307	0,4082	0,0487	0,1552	0,7905
29 64	0,1289	0,3983	-0,1192	-0,0667	0,1822
29 65	-0,0068	-0,0653	-0,2496	0,0912	-0,3043
29 66	0,0998	0,0492	0,1552	-0,0511	-0,1062
29 67	0,0421	-0,0580	-0,3255	0,0206	-0,2035
29 68	0,0489	-0,2315	0,3113	0,1308	0,1330
30 31	0,7104	0,2340	-0,2848	0,4296	-0,1169
30 32	0,0593	-0,1337	0,2444	-0,0722	0,4558
30 33	-0,1183	-0,1465	0,0484	-0,3377	-0,0209
30 34	0,5325	0,2889	0,3342	0,2998	0,2144
30 35	0,1541	-0,2303	0,2830	-0,1148	-0,3657
30 36	-0,1076	-0,2416	0,0894	-0,0408	0,4373
30 37	-0,0648	-0,2663	0,2840	-0,2066	0,4933
30 38	-0,2120	-0,3587	0,1962	-0,1300	0,4646
30 39	0,5788	0,3021	0,2017	0,2033	0,5462
30 40	-0,1396	-0,3041	-0,2462	0,1881	-0,2400
30 41	-0,2413	-0,1625	-0,0511	-0,3526	-0,0247
30 42	-0,2602	-0,4155	0,5051	0,1451	0,0190
30 43	-0,1465	-0,3908	0,1503	0,0811	0,1715
30 44	0,0156	-0,1655	0,1200	0,3295	0,0966
30 45	-0,0106	0,2172	-0,0591	0,0191	0,1166
30 46	-0,0956	0,1978	0,1831	-0,1335	0,5708
30 47	-0,1939	0,1847	0,5192	0,1693	0,0126
30 48	-0,0931	-0,2277	-0,1053	-0,0867	-0,0065
30 49	0,0208	-0,1696	-0,2061	-0,0799	-0,1613
30 50	0,1414	0,1651	0,2295	-0,1419	-0,0664
30 51	0,5541	0,1608	-0,0147	0,3128	0,0712
30 52	0,0431	0,0909	0,3594	-0,2155	0,5719
30 53	-0,1245	-0,3005	-0,0970	0,1231	0,0577
30 54	0,0410	0,0030	0,2953	0,4613	0,5785
30 55	-0,1015	-0,4737	0,0098	-0,3968	-0,0391
30 56	-0,1678	-0,2921	0,2137	-0,1386	0,0703
30 57	-0,3317	-0,3298	-0,1097	-0,0780	-0,3402
30 58	0,5773	0,0363	-0,2818	-0,0576	-0,1838
30 59	-0,2891	-0,2335	-0,2031	-0,1311	-0,4521
30 60	-0,1305	-0,3673	0,4661	-0,0420	0,5498
30 61	-0,0046	0,1398	-0,1269	0,5624	-0,0884
30 62	0,6577	0,5962	0,6222	0,3281	0,7202
30 63	0,2891	0,3009	0,2365	-0,1426	0,7487
30 64	0,0017	0,2088	0,0107	-0,3303	0,1467
30 65	-0,0706	-0,2147	0,0288	-0,3670	-0,2984

<i>Pares de Linhagens</i>	<i>local 1</i>	<i>local 2</i>	<i>local 3</i>	<i>local 4</i>	<i>média</i>
30 66	-0,0799	-0,0276	0,2333	0,0931	-0,1652
30 67	-0,1974	-0,2176	-0,0250	-0,3591	-0,2547
30 68	-0,1396	-0,3733	0,2846	-0,2974	0,0953
31 32	0,7800	0,2961	0,1917	0,4221	0,6272
31 33	0,7644	0,3526	0,0024	0,4620	0,1811
31 34	0,3664	0,3114	0,2797	0,6275	0,3509
31 35	0,4122	0,0598	0,2629	0,5033	-0,1586
31 36	0,7296	0,2494	0,0442	0,6169	0,6118
31 37	0,8139	0,2245	0,2795	0,3988	0,6475
31 38	0,6839	0,3083	0,1875	0,5049	0,6508
31 39	0,4426	0,2062	0,1264	0,5620	0,7083
31 40	0,7355	0,2873	-0,2975	0,7154	-0,1325
31 41	0,7196	0,3098	-0,0423	0,2447	0,1694
31 42	0,7474	0,2252	0,4418	0,4615	0,2264
31 43	0,7212	0,2693	0,1038	0,4229	0,3066
31 44	0,8247	0,3220	0,1160	0,3663	0,2490
31 45	0,8157	0,6442	-0,1615	0,2573	0,3247
31 46	0,8339	0,6193	0,1956	0,6085	0,7446
31 47	0,7274	0,5481	0,5040	0,5803	0,1557
31 48	0,7309	0,3176	-0,2098	0,3921	0,1686
31 49	0,8323	0,4001	-0,3251	0,1863	-0,0291
31 50	0,4413	0,3986	0,1423	0,5320	0,0582
31 51	0,3861	0,2648	-0,1223	0,4047	0,1655
31 52	0,8187	0,4864	0,3481	0,3263	0,7075
31 53	0,6791	0,2539	-0,0943	0,4750	0,2323
31 54	0,7967	0,4480	0,2035	0,4867	0,7111
31 55	0,7996	0,2076	-0,0242	0,3623	0,1696
31 56	0,7389	0,3422	0,1236	0,3825	0,2680
31 57	0,7237	0,2878	-0,1935	0,4906	-0,0659
31 58	0,4080	0,1584	-0,4308	0,2911	-0,0036
31 59	0,6470	0,3267	-0,1955	0,3625	-0,1377
31 60	0,7180	0,2635	0,4123	0,5117	0,7185
31 61	0,7696	0,5266	-0,1852	0,5678	0,0355
31 62	0,5258	0,6400	0,5391	0,8347	0,8806
31 63	0,9764	0,6870	0,1810	0,4872	0,9099
31 64	0,8035	0,6933	-0,0362	0,2893	0,3391
31 65	0,7748	0,3526	-0,0564	0,4499	-0,0949
31 66	0,7594	0,4244	0,2211	0,5786	0,0711
31 67	0,7565	0,3562	-0,0168	0,3857	-0,0310
31 68	0,7061	0,2283	0,2703	0,4829	0,2698
32 33	0,0281	-0,0549	0,2759	-0,0328	0,0646
32 34	0,6088	0,4541	0,2991	0,2405	0,2815
32 35	0,2253	0,0001	0,4437	-0,1676	0,4829
32 36	0,0204	-0,1399	0,2129	-0,0086	-0,2646
32 37	0,1152	-0,1872	0,3074	-0,0248	-0,1955

<i>Pares de Linhagens</i>	<i>local 1</i>	<i>local 2</i>	<i>local 3</i>	<i>local 4</i>	<i>média</i>
32 38	-0,0182	-0,0546	0,5496	-0,1613	-0,1378
32 39	0,7249	0,4242	0,1465	0,1651	-0,0720
32 40	0,1114	-0,0735	0,1944	0,1372	0,5243
32 41	0,0477	-0,0940	0,1610	-0,1750	0,0590
32 42	0,0946	-0,1114	0,4350	0,2161	0,1087
32 43	0,0669	-0,0444	0,4806	0,1609	0,2561
32 44	0,1364	-0,0546	0,2375	0,3114	0,1795
32 45	0,0678	0,3879	0,1555	0,0772	0,1928
32 46	0,1890	0,3586	0,4755	0,1505	-0,0133
32 47	0,0562	0,2942	0,6484	0,2288	0,7176
32 48	0,0070	-0,0245	-0,0443	-0,0271	0,0707
32 49	0,1377	0,1233	0,2106	-0,0892	0,5780
32 50	0,2719	0,3319	0,0918	0,0494	0,6369
32 51	0,6846	0,3923	0,3539	0,3453	0,5119
32 52	0,1814	0,1980	0,2172	-0,1422	-0,0270
32 53	-0,1303	-0,1020	0,2943	0,2393	0,1453
32 54	0,1262	0,1541	0,2071	0,3572	-0,0630
32 55	0,0918	-0,1018	0,1843	-0,1520	0,0613
32 56	0,0615	0,0362	0,2656	-0,0851	0,1514
32 57	0,0754	-0,0390	0,0812	-0,2066	0,4722
32 58	0,6738	0,2810	0,1228	0,0492	0,5639
32 59	-0,0516	0,0337	0,1683	-0,2026	0,4070
32 60	0,0386	-0,1264	0,4942	0,0390	-0,0406
32 61	0,0671	0,2503	-0,0097	0,5467	0,6329
32 62	0,7540	0,7590	0,6554	0,4099	0,2086
32 63	0,2362	0,4170	0,3516	-0,0103	0,2237
32 64	0,1310	0,4563	0,2959	-0,1501	0,2226
32 65	0,0809	-0,0085	0,0789	-0,0471	0,4936
32 66	0,0851	0,0772	0,5324	0,0736	0,5773
32 67	0,0686	-0,0023	0,0964	-0,1251	0,5606
32 68	-0,0379	-0,1403	0,5426	-0,0070	0,1897
33 34	0,6088	0,3749	0,3982	0,3237	-0,0001
33 35	0,1994	0,0296	0,1397	-0,0837	0,0197
33 36	-0,0625	-0,0931	0,0741	0,0093	0,0492
33 37	-0,0134	-0,0824	0,0918	-0,1548	0,0984
33 38	-0,1243	-0,0662	0,3025	-0,0876	0,0842
33 39	0,6723	0,4496	0,2790	0,2450	0,1688
33 40	-0,0294	-0,0891	-0,0416	0,2130	0,0836
33 41	-0,1511	-0,0439	0,0172	-0,2987	-0,3496
33 42	-0,0608	-0,1230	0,3634	0,1588	-0,2395
33 43	-0,0553	-0,0495	0,3499	0,1043	-0,0162
33 44	-0,0084	-0,0145	0,0629	0,3751	-0,1598
33 45	0,0156	0,3884	-0,0414	0,0610	-0,0671
33 46	0,0680	0,3860	0,2860	-0,0799	0,2073
33 47	-0,0799	0,3522	0,3962	0,2161	0,2848

<i>Pares de Linhagens</i>	<i>local 1</i>	<i>local 2</i>	<i>local 3</i>	<i>local 4</i>	<i>média</i>
33 48	-0,1298	-0,1638	-0,1339	-0,0710	-0,2854
33 49	0,0686	0,0579	0,0710	-0,0261	0,1247
33 50	0,2317	0,2492	0,2027	-0,0799	0,1852
33 51	0,6560	0,3585	0,1991	0,3634	0,1367
33 52	0,1080	0,0541	0,3223	-0,1996	0,1812
33 53	-0,1117	-0,1184	0,0917	0,1626	-0,1654
33 54	0,0636	0,2176	0,2882	0,5099	0,2086
33 55	0,0101	-0,1064	-0,0755	-0,3214	-0,3226
33 56	-0,0395	0,0330	0,2642	-0,0884	-0,1701
33 57	-0,1072	-0,1500	-0,0088	-0,0291	0,0079
33 58	0,6447	0,2852	-0,0762	-0,0052	0,1233
33 59	-0,1817	0,0262	0,0012	-0,1236	-0,0565
33 60	-0,0272	-0,1449	0,4528	0,0062	0,1843
33 61	-0,0364	0,2806	-0,1184	0,5934	0,1993
33 62	0,7351	0,7303	0,5694	0,3573	0,3736
33 63	0,2854	0,3888	0,2896	-0,0913	0,3866
33 64	0,0561	0,3764	-0,0832	-0,2873	-0,0735
33 65	-0,0970	-0,1629	0,1203	-0,3763	0,0264
33 66	-0,0624	0,1144	0,3164	0,1349	0,1420
33 67	-0,0786	-0,0132	0,0382	-0,2868	0,0909
33 68	-0,1327	-0,1566	0,5003	-0,2229	-0,1249
34 35	0,1889	0,1352	0,6219	0,2346	0,2355
34 36	0,5785	0,3789	0,3122	0,3265	0,2613
34 37	0,6758	0,3743	0,5461	0,2573	0,3239
34 38	0,4952	0,3618	0,5394	0,2450	0,3160
34 39	0,1416	0,2766	0,2127	0,2081	0,3398
34 40	0,5829	0,3629	0,2714	0,4009	0,2492
34 41	0,5521	0,4411	0,3520	0,2036	0,0206
34 42	0,5800	0,2835	0,6177	0,5009	0,0493
34 43	0,5684	0,3163	0,5064	0,5329	0,1320
34 44	0,6767	0,4252	0,4869	0,7259	0,1146
34 45	0,6474	0,6912	0,2901	0,4900	0,1556
34 46	0,6643	0,7029	0,5331	0,4495	0,4070
34 47	0,5677	0,6920	0,7668	0,4485	0,4806
34 48	0,5615	0,2892	0,2083	0,3727	-0,0617
34 49	0,6693	0,3660	0,3500	0,3846	0,2953
34 50	0,1973	0,2439	0,2988	0,3239	0,3183
34 51	-0,0105	0,0838	0,3839	0,4221	0,2083
34 52	0,6750	0,4302	0,3926	0,2460	0,3293
34 53	0,4969	0,3164	0,4275	0,4930	0,0740
34 54	0,6614	0,5842	0,3792	0,7759	0,3854
34 55	0,6228	0,2538	0,3410	0,2265	0,0012
34 56	0,5612	0,3845	0,2607	0,1878	0,0668
34 57	0,5558	0,2581	0,2448	0,2326	0,1974
34 58	0,0359	0,0967	0,2543	0,1827	0,2643

<i>Pares de Linhagens</i>	<i>local 1</i>	<i>local 2</i>	<i>local 3</i>	<i>local 4</i>	<i>média</i>
34 59	0,4477	0,4129	0,2945	0,2933	0,1619
34 60	0,5265	0,3222	0,6215	0,3414	0,3557
34 61	0,6183	0,6269	0,1819	0,8744	0,3951
34 62	0,1512	0,5180	0,7675	0,4959	0,4841
34 63	0,8016	0,6910	0,4848	0,3490	0,5703
34 64	0,6493	0,5873	0,4271	0,2270	0,1244
34 65	0,6267	0,3238	0,3764	0,3128	0,2139
34 66	0,5999	0,5401	0,5550	0,2678	0,3466
34 67	0,5877	0,4093	0,3001	0,2415	0,3054
34 68	0,5260	0,2883	0,6732	0,3399	0,0895
35 36	0,2045	-0,0629	0,3145	-0,0808	0,4682
35 37	0,2710	-0,1903	0,3100	-0,0617	0,5146
35 38	0,1049	-0,1341	0,6133	-0,3080	0,5051
35 39	0,3184	0,1381	0,5260	0,2005	0,5830
35 40	0,1824	-0,0497	0,2892	0,1446	-0,2826
35 41	0,1583	0,0121	0,3186	-0,1390	0,0159
35 42	0,2070	-0,2309	0,3254	0,2309	0,0668
35 43	0,1787	-0,2761	0,5977	0,2220	0,1819
35 44	0,2961	-0,0068	0,0764	0,4001	0,1203
35 45	0,2759	0,3377	0,2774	0,1734	0,1526
35 46	0,3039	0,2598	0,6263	0,1265	0,6019
35 47	0,1646	0,2153	0,2889	0,2107	0,0189
35 48	0,1507	-0,0308	0,1040	0,0942	0,0131
35 49	0,2910	-0,1130	0,3262	0,0392	-0,1911
35 50	-0,0611	0,0647	0,2242	0,0641	-0,0686
35 51	0,2549	-0,1044	0,4427	0,3879	0,0777
35 52	0,3255	0,1954	0,3729	-0,1045	0,5858
35 53	0,1107	-0,0926	0,3878	0,2257	0,0831
35 54	0,2590	0,0003	0,3975	0,4778	0,5886
35 55	0,2668	-0,3543	0,0106	-0,2026	0,0091
35 56	0,1946	-0,1883	0,5329	-0,1129	0,1121
35 57	0,1710	-0,1628	0,3295	-0,1807	-0,2973
35 58	0,2612	-0,2326	0,2335	0,0916	-0,1442
35 59	0,0517	-0,0732	0,1967	-0,0828	-0,4047
35 60	0,1595	-0,0941	0,5564	0,0772	0,5759
35 61	0,2041	0,2370	0,1003	0,5902	-0,1142
35 62	0,3712	0,4765	0,7940	0,4282	0,7577
35 63	0,4451	0,3851	0,5424	0,0492	0,7743
35 64	0,2899	0,2456	0,0986	-0,1175	0,1826
35 65	0,2185	0,0055	0,2561	-0,0954	-0,3025
35 66	0,1961	0,1243	0,6284	0,0361	-0,1399
35 67	0,1987	0,0050	0,2344	-0,1733	-0,2273
35 68	0,1104	-0,1308	0,6829	-0,0428	0,1263
36 37	0,0678	-0,2073	0,1617	-0,0004	-0,2242
36 38	-0,1159	-0,1090	0,2553	-0,1033	-0,2343

<i>Pares de Linhagens</i>	<i>local 1</i>	<i>local 2</i>	<i>local 3</i>	<i>local 4</i>	<i>média</i>
36 39	0,6133	0,3604	0,1981	0,2172	-0,0935
36 40	-0,0272	-0,2446	0,0326	0,1779	0,5014
36 41	-0,1547	-0,1698	0,0166	-0,0646	0,0411
36 42	-0,0525	-0,2193	0,4934	0,3213	0,0797
36 43	-0,1484	-0,1179	0,3338	0,3217	0,2172
36 44	0,0179	-0,1406	0,1168	0,4752	0,1577
36 45	-0,0080	0,3004	0,0040	0,2482	0,1600
36 46	0,0618	0,2983	0,2904	0,0824	-0,0556
36 47	-0,0673	0,2182	0,5192	0,2417	0,7053
36 48	-0,0626	-0,1459	-0,1804	0,1531	0,0437
36 49	0,1564	0,0370	0,1082	0,1538	0,5584
36 50	0,1999	0,2706	0,2366	0,1385	0,6229
36 51	0,6063	0,3181	0,2181	0,4183	0,4879
36 52	-0,0110	0,1148	0,3005	0,0545	-0,0407
36 53	-0,2043	-0,2211	0,1741	0,2520	0,0948
36 54	-0,0263	0,1263	0,3521	0,5529	-0,0534
36 55	0,0630	-0,2134	-0,0737	-0,0654	0,0344
36 56	-0,0384	-0,0435	0,1650	0,0236	0,1275
36 57	-0,0936	-0,1515	0,1311	-0,1309	0,4568
36 58	0,6057	0,1965	0,0211	0,1666	0,5410
36 59	-0,1711	-0,1100	-0,0076	0,0235	0,3885
36 60	-0,0339	-0,2469	0,5164	0,0840	-0,0939
36 61	0,0116	0,1700	-0,2075	0,6532	0,6182
36 62	0,6755	0,6707	0,7069	0,4252	0,1839
36 63	0,3419	0,3619	0,2374	0,0604	0,1771
36 64	-0,1333	0,3710	0,1091	-0,0432	0,1937
36 65	-0,0191	-0,1024	0,0360	-0,0024	0,4749
36 66	-0,0795	-0,0017	0,3583	0,0207	0,5509
36 67	-0,0027	-0,1060	-0,0368	-0,0377	0,5433
36 68	-0,0513	-0,2972	0,5125	0,0313	0,1673
37 38	0,0014	-0,1378	0,4969	-0,0801	-0,1532
37 39	0,7300	0,3693	0,4340	0,1961	-0,0356
37 40	0,0129	-0,1246	0,1788	0,1829	0,5504
37 41	-0,0237	-0,0977	0,0952	-0,2399	0,0927
37 42	-0,0074	-0,2449	0,5105	0,1134	0,1451
37 43	0,0223	-0,2149	0,5012	0,1761	0,2580
37 44	0,1250	-0,1284	0,1612	0,3942	0,1994
37 45	0,1357	0,3264	0,1800	0,0510	0,2301
37 46	0,1064	0,2554	0,3493	-0,0164	0,0210
37 47	-0,0529	0,1662	0,4597	0,1922	0,7466
37 48	0,0316	-0,0925	0,0256	0,0488	0,1015
37 49	0,0721	-0,0508	0,2834	-0,0474	0,6017
37 50	0,3018	0,2084	0,3692	-0,0150	0,6743
37 51	0,7056	0,2481	0,4366	0,2995	0,5320
37 52	0,1930	0,1326	0,3997	-0,2133	-0,0175

<i>Pares de Linhagens</i>	<i>local 1</i>	<i>local 2</i>	<i>local 3</i>	<i>local 4</i>	<i>média</i>
37 53	0,0165	-0,1546	0,3060	0,0517	0,1491
37 54	0,1415	-0,0142	0,4847	0,5136	-0,0488
37 55	0,0635	-0,3158	0,0640	-0,3022	0,0997
37 56	0,0482	-0,1357	0,3866	-0,1392	0,1978
37 57	-0,0536	-0,1792	0,1858	-0,0961	0,5196
37 58	0,7182	0,1253	0,1743	0,0248	0,6059
37 59	-0,0539	-0,0722	0,2379	-0,0685	0,4492
37 60	0,0673	-0,1743	0,5870	-0,1324	-0,0464
37 61	0,0695	0,1822	-0,0098	0,6186	0,6563
37 62	0,8175	0,6856	0,6705	0,3830	0,2605
37 63	0,3614	0,3444	0,3395	-0,1205	0,2068
37 64	0,1828	0,2991	0,2391	-0,1997	0,2663
37 65	0,0316	-0,0532	0,1807	-0,1667	0,5259
37 66	0,0842	0,0340	0,4358	0,0219	0,6079
37 67	-0,0609	-0,0591	0,0256	-0,2706	0,5871
37 68	-0,0164	-0,2154	0,6119	-0,1290	0,2125
38 39	0,5835	0,3525	0,4606	0,1808	-0,0749
38 40	-0,1643	-0,1878	0,1433	0,1648	0,5446
38 41	-0,2209	-0,1083	0,2377	-0,1568	0,0806
38 42	-0,1901	-0,3214	0,8070	0,2367	0,0994
38 43	-0,1533	-0,3405	0,4503	0,2330	0,2520
38 44	-0,0044	-0,0422	0,4585	0,3847	0,2007
38 45	-0,0447	0,2780	0,2469	0,1547	0,1971
38 46	-0,0407	0,2585	0,3604	0,1093	0,0109
38 47	-0,1785	0,2729	0,8183	0,1941	0,7419
38 48	-0,1782	-0,1201	0,2146	0,1014	0,0979
38 49	0,0776	-0,0899	0,2675	0,0252	0,5993
38 50	0,0841	0,2525	0,5793	0,0496	0,6695
38 51	0,5334	0,2341	0,3691	0,3743	0,5268
38 52	0,0005	0,1677	0,6357	-0,0851	0,0483
38 53	-0,1806	-0,2141	0,2090	0,2238	0,1134
38 54	-0,0396	0,0621	0,6031	0,4644	0,0452
38 55	-0,0764	-0,3254	0,3406	-0,2182	0,0666
38 56	-0,2590	-0,2111	0,4346	-0,1329	0,1745
38 57	-0,2003	-0,2133	0,2855	-0,2039	0,4980
38 58	0,5606	0,1308	0,1677	0,0780	0,5842
38 59	-0,3871	-0,1801	0,1984	-0,0718	0,4275
38 60	-0,2805	-0,2437	0,7268	0,0604	-0,0689
38 61	-0,0785	0,2159	0,1953	0,5950	0,6548
38 62	0,6035	0,6591	0,8416	0,4210	0,2369
38 63	0,1996	0,3757	0,4636	0,0319	0,1970
38 64	-0,0190	0,3042	0,3361	-0,1389	0,2480
38 65	-0,0946	-0,1327	0,4073	-0,0954	0,5161
38 66	-0,1856	0,0501	0,3846	0,0145	0,5808
38 67	-0,0970	-0,1114	0,3349	-0,1889	0,5704

<i>Pares de Linhagens</i>	<i>local 1</i>	<i>local 2</i>	<i>local 3</i>	<i>local 4</i>	<i>média</i>
38 68	-0,2312	-0,2250	0,6278	-0,0577	0,1992
39 40	0,6454	0,3429	0,1669	0,3966	0,6259
39 41	0,6052	0,3973	0,2527	0,0736	0,1653
39 42	0,6256	0,3186	0,4343	0,5107	0,1942
39 43	0,6306	0,3318	0,4615	0,4901	0,3526
39 44	0,7551	0,4400	0,3620	0,5992	0,2848
39 45	0,7241	0,6848	0,1559	0,3546	0,2973
39 46	0,7150	0,6799	0,4599	0,3242	0,1219
39 47	0,6328	0,6419	0,7334	0,3289	0,8158
39 48	0,6579	0,4099	0,0615	0,2482	0,1887
39 49	0,7679	0,4780	0,1799	0,2939	0,6805
39 50	0,3219	0,4609	0,1613	0,2630	0,7257
39 51	0,1055	0,2321	0,2999	0,3014	0,5720
39 52	0,7490	0,5812	0,2753	0,2058	0,1257
39 53	0,6019	0,3510	0,3070	0,4549	0,2297
39 54	0,7262	0,5380	0,1949	0,6767	0,1119
39 55	0,7059	0,2904	0,2020	0,1679	0,1587
39 56	0,6367	0,4014	0,2149	0,1613	0,2607
39 57	0,5927	0,3769	0,0692	0,1358	0,5743
39 58	0,0620	0,1251	0,1032	0,0424	0,6325
39 59	0,5367	0,3638	0,2028	0,1815	0,5091
39 60	0,6391	0,3342	0,5506	0,2729	0,0673
39 61	0,7167	0,6174	0,0982	0,7742	0,7322
39 62	0,2451	0,5470	0,7102	0,4351	0,2457
39 63	0,9358	0,7810	0,4379	0,2597	0,3203
39 64	0,6805	0,7528	0,2802	0,0935	0,3363
39 65	0,6924	0,4213	0,2313	0,2366	0,5974
39 66	0,6558	0,5028	0,5391	0,2159	0,6712
39 67	0,6606	0,4229	0,2338	0,1930	0,6519
39 68	0,6323	0,3231	0,6326	0,2639	0,2896
40 41	-0,1039	-0,1589	-0,1250	0,1523	0,0720
40 42	-0,1009	-0,2445	0,4942	0,4009	0,1155
40 43	-0,1747	-0,1591	0,1235	0,4367	0,1844
40 44	0,0850	-0,1060	0,1440	0,6584	0,1517
40 45	0,0693	0,2675	-0,1414	0,4155	0,1960
40 46	0,0568	0,2938	0,0945	0,3144	0,6344
40 47	-0,1195	0,2608	0,5098	0,3756	0,0824
40 48	-0,0927	-0,1719	-0,1897	0,2705	0,0346
40 49	0,0813	0,0181	-0,2011	0,3142	-0,2114
40 50	0,1867	0,2795	0,2036	0,2649	-0,0481
40 51	0,5919	0,3023	-0,0304	0,5802	0,0768
40 52	0,0742	0,1332	0,3517	0,1707	0,5971
40 53	-0,0855	-0,2505	-0,1474	0,4315	0,1103
40 54	-0,0192	0,1545	0,2689	0,6779	0,6081
40 55	0,0477	-0,2346	-0,0045	0,1565	0,0585

<i>Pares de Linhagens</i>	<i>local 1</i>	<i>local 2</i>	<i>local 3</i>	<i>local 4</i>	<i>média</i>
40 56	-0,0795	-0,0821	0,1333	0,1571	0,1468
40 57	-0,1476	-0,1750	-0,2444	0,1455	-0,2312
40 58	0,6333	0,1805	-0,4104	0,3552	-0,1067
40 59	-0,2030	-0,1660	-0,1614	0,1887	-0,3059
40 60	-0,0952	-0,3349	0,4576	0,2988	0,6010
40 61	-0,0462	0,1855	-0,2291	0,7717	-0,0810
40 62	0,7035	0,6457	0,5357	0,5297	0,7849
40 63	0,3149	0,3720	0,1482	0,2394	0,8055
40 64	0,0562	0,3549	0,0210	0,1777	0,2107
40 65	-0,0737	-0,1610	0,0118	0,1986	-0,2771
40 66	-0,0629	0,0002	0,1201	0,2660	-0,0587
40 67	-0,0723	-0,1626	-0,0713	0,1824	-0,1543
40 68	-0,1440	-0,3319	0,2984	0,2527	0,1587
41 42	-0,1574	-0,1651	0,5416	0,0887	-0,2635
41 43	-0,1494	-0,0802	0,2228	0,0155	-0,0396
41 44	-0,0366	-0,0299	0,0677	0,2290	-0,1995
41 45	-0,0063	0,3460	-0,0525	-0,1067	-0,0726
41 46	-0,0368	0,3443	0,1202	-0,1377	0,1984
41 47	-0,2060	0,2932	0,5008	0,0448	0,2759
41 48	-0,1324	-0,0642	-0,1639	-0,2779	-0,2714
41 49	0,0828	0,0967	-0,0438	-0,1990	0,1271
41 50	0,1453	0,3441	0,2758	-0,1479	0,1970
41 51	0,5843	0,3805	0,1592	0,1784	0,1369
41 52	0,0071	0,1728	0,3624	-0,2727	0,1929
41 53	-0,1504	-0,1705	0,0015	0,0844	-0,1824
41 54	-0,0096	0,1680	0,3662	0,3543	0,2012
41 55	-0,0281	-0,1179	0,0216	-0,3660	-0,3553
41 56	-0,1317	0,0139	0,1658	-0,2393	-0,2063
41 57	-0,2073	-0,0721	-0,0365	-0,1459	0,0125
41 58	0,5977	0,2781	-0,1232	-0,2528	0,1119
41 59	-0,3048	-0,0865	-0,0933	-0,2828	-0,0603
41 60	-0,1316	-0,1643	0,4719	-0,1114	0,1792
41 61	-0,0500	0,2290	-0,2002	0,4769	0,1959
41 62	0,6682	0,7239	0,5629	0,2688	0,3705
41 63	0,2912	0,4224	0,1532	-0,2259	0,3923
41 64	-0,0159	0,4530	0,0835	-0,5470	-0,0531
41 65	-0,0725	-0,0509	-0,0447	-0,3110	0,0271
41 66	-0,1394	0,0501	0,1746	-0,0067	0,1367
41 67	-0,1097	-0,0280	-0,1503	-0,3360	0,0853
41 68	-0,1429	-0,1747	0,3138	-0,2688	-0,1503
42 43	-0,0899	-0,3973	0,7785	0,2061	-0,0128
42 44	0,0591	-0,1453	0,3765	0,4161	-0,1134
42 45	0,0188	0,2212	0,4251	0,2294	-0,0475
42 46	-0,0544	0,2017	0,7999	0,3091	0,2434
42 47	-0,1150	0,1871	0,5850	0,5333	0,3339

<i>Pares de Linhagens</i>	<i>local 1</i>	<i>local 2</i>	<i>local 3</i>	<i>local 4</i>	<i>média</i>
42 48	-0,0374	-0,2332	0,2894	0,2592	-0,2120
42 49	0,0885	-0,1931	0,4872	0,0443	0,1810
42 50	0,1874	0,1678	0,1535	0,2226	0,2463
42 51	0,5969	0,1546	0,6043	0,4823	0,1852
42 52	0,0640	0,0755	0,3457	0,1229	0,2421
42 53	-0,0578	-0,3476	0,6069	0,1465	-0,2017
42 54	0,0836	0,0053	0,3104	0,4873	0,2487
42 55	-0,0989	-0,4476	0,2539	0,0671	-0,3046
42 56	-0,1956	-0,2679	0,5882	0,1938	-0,1550
42 57	-0,2599	-0,3398	0,3832	0,2279	0,0506
42 58	0,6241	0,0510	0,4101	0,3063	0,1598
42 59	-0,2120	-0,2368	0,4610	0,1854	-0,0119
42 60	-0,1169	-0,3005	0,6345	0,2065	0,2011
42 61	0,0504	0,1265	0,3392	0,6455	0,2459
42 62	0,6880	0,6023	0,8459	0,5770	0,4129
42 63	0,3088	0,2909	0,7255	0,1755	0,4306
42 64	0,0445	0,2236	0,3371	0,1224	0,0053
42 65	-0,0311	-0,1895	0,4357	0,1506	0,0837
42 66	-0,0392	-0,0067	0,8362	0,3274	0,1656
42 67	-0,1142	-0,1682	0,4613	0,0935	0,1399
42 68	-0,0836	-0,3471	0,8993	0,2087	-0,0954
43 44	0,0129	-0,0577	0,4057	0,3002	0,0225
43 45	0,0173	0,2566	0,1509	0,0780	0,0846
43 46	0,0472	0,1952	0,2819	0,2421	0,3516
43 47	-0,1238	0,1952	0,6497	0,4481	0,3995
43 48	-0,1199	-0,1266	0,1872	0,1216	-0,0866
43 49	0,0716	-0,2431	0,1021	-0,0161	0,2530
43 50	0,1743	0,1748	0,5162	0,2047	0,3553
43 51	0,5823	0,1204	0,0661	0,4185	0,2024
43 52	-0,0307	0,1403	0,6410	0,0708	0,3216
43 53	-0,1923	-0,2068	0,2688	0,2702	-0,0535
43 54	-0,0676	-0,0575	0,5634	0,4258	0,3318
43 55	0,0379	-0,5160	0,3149	0,0517	-0,0572
43 56	-0,0711	-0,3559	0,2940	0,1821	-0,0019
43 57	-0,1343	-0,2899	0,2242	0,2389	0,1969
43 58	0,6183	0,0165	0,0862	0,2370	0,2895
43 59	-0,2100	-0,2255	0,2106	0,1013	0,1290
43 60	-0,1031	-0,2074	0,5168	0,2252	0,2680
43 61	-0,0729	0,1851	0,1770	0,5403	0,3290
43 62	0,6884	0,6182	0,6128	0,5519	0,5022
43 63	0,3125	0,3390	0,2079	0,1255	0,4960
43 64	-0,0359	0,1887	0,3511	0,0404	0,1543
43 65	-0,0802	-0,1085	0,2340	0,0894	0,1850
43 66	-0,0718	0,0531	0,3440	0,3920	0,2793
43 67	-0,0792	-0,0963	0,1717	0,0516	0,2331

<i>Pares de Linhagens</i>	<i>local 1</i>	<i>local 2</i>	<i>local 3</i>	<i>local 4</i>	<i>média</i>
43 68	-0,1305	-0,2247	0,2698	0,0922	-0,0832
44 45	0,1016	0,3714	0,1074	0,1555	0,0593
44 46	0,1645	0,3686	0,4167	0,4913	0,3150
44 47	0,0336	0,1519	0,3188	0,6131	0,3350
44 48	-0,0231	-0,0699	-0,0745	0,3677	-0,1630
44 49	0,1525	0,0112	0,1225	0,0637	0,1946
44 50	0,3032	0,3218	0,1891	0,4710	0,2972
44 51	0,7218	0,3146	0,2987	0,4910	0,1948
44 52	0,0675	0,2021	0,2942	0,3348	0,2778
44 53	-0,0365	-0,1374	0,2352	0,3978	-0,0808
44 54	0,1452	0,2042	0,3354	0,2146	0,2857
44 55	0,0836	-0,1508	-0,0975	0,2908	-0,1899
44 56	0,0489	-0,0749	0,3272	0,4065	-0,1258
44 57	0,0438	-0,0821	0,1959	0,3679	0,1311
44 58	0,7278	0,1916	0,0912	0,4069	0,2050
44 59	-0,0478	0,0217	0,0215	0,2955	0,0629
44 60	0,0238	-0,1594	0,4314	0,4486	0,2871
44 61	0,0332	0,0503	-0,0652	0,3980	0,2430
44 62	0,8006	0,7396	0,6556	0,7967	0,4803
44 63	0,3505	0,2576	0,3370	0,4046	0,4622
44 64	0,1449	0,4177	0,0104	0,2530	0,0722
44 65	0,0374	-0,0289	-0,0209	0,3644	0,1317
44 66	0,0732	0,1027	0,4578	0,5391	0,2557
44 67	0,0398	-0,1877	-0,0069	0,3150	0,1723
44 68	0,0058	-0,2038	0,4608	0,3866	-0,0486
45 46	0,0403	0,1640	0,1883	0,1834	0,1947
45 47	0,0555	0,6380	0,4588	0,3053	0,4042
45 48	0,0025	0,3141	-0,3158	0,0619	-0,0800
45 49	0,1634	0,4024	-0,0846	-0,1627	0,2563
45 50	0,2597	0,4718	0,1770	0,1813	0,2819
45 51	0,6944	0,6254	-0,0614	0,2903	0,2542
45 52	0,1370	0,5344	0,3588	-0,0121	0,3287
45 53	-0,0717	0,2484	-0,0405	0,2328	-0,0319
45 54	0,1058	0,3323	0,2657	0,3225	0,2804
45 55	0,0591	0,2080	-0,0078	-0,0121	-0,0921
45 56	0,0082	0,3318	0,1268	0,1039	-0,0041
45 57	0,0035	0,2856	-0,1672	0,1361	0,1396
45 58	0,6924	0,5244	-0,2482	0,1399	0,2393
45 59	-0,0741	0,3088	-0,1109	-0,0192	0,0639
45 60	0,0179	0,2446	0,3498	0,1441	0,2601
45 61	0,0931	0,5739	-0,2178	0,4420	0,3253
45 62	0,7299	0,6695	0,4906	0,5341	0,3783
45 63	0,2944	0,5513	0,0700	0,0552	0,4370
45 64	-0,0209	0,3699	-0,0155	-0,0720	-0,0747
45 65	0,0448	0,3353	-0,0228	0,0528	0,1616

<i>Pares de Linhagens</i>	<i>local 1</i>	<i>local 2</i>	<i>local 3</i>	<i>local 4</i>	<i>média</i>
45 66	0,0059	0,1925	0,2103	0,3199	0,1706
45 67	0,0382	0,3403	-0,0859	0,0018	0,2224
45 68	-0,0116	0,2236	0,3230	0,0591	0,0228
46 47	-0,0159	0,5771	0,7160	0,2800	0,8235
46 48	0,0922	0,3381	0,2003	0,0485	0,2044
46 49	0,1998	0,3461	0,1874	0,1422	0,6879
46 50	0,2457	0,4261	0,5827	0,0692	0,7229
46 51	0,6861	0,5814	0,2825	0,4187	0,6092
46 52	0,1661	0,5310	0,6287	0,0408	0,1533
46 53	0,0516	0,2744	0,2314	0,2390	0,2583
46 54	0,1503	0,1741	0,6128	0,6208	0,0609
46 55	0,0420	0,1483	0,3204	-0,0812	0,1979
46 56	-0,0232	0,2734	0,3402	0,0912	0,2739
46 57	-0,0651	0,2666	0,1844	0,0963	0,5892
46 58	0,7177	0,4801	0,1205	0,1182	0,6727
46 59	-0,0842	0,2891	0,2500	0,0513	0,5209
46 60	0,0082	0,2702	0,6382	0,0407	0,0688
46 61	0,1627	0,5702	0,1698	0,6943	0,7504
46 62	0,7464	0,6891	0,6569	0,3800	0,1562
46 63	0,3755	0,5492	0,2805	-0,0612	0,2389
46 64	0,0895	0,2986	0,3693	-0,1184	0,2401
46 65	0,1215	0,3597	0,3077	-0,0922	0,6039
46 66	0,0424	0,1976	0,2671	0,1925	0,6456
46 67	0,0219	0,3637	0,1625	-0,0693	0,6663
46 68	0,0492	0,2487	0,4459	-0,0935	0,3006
47 48	-0,0808	0,3181	0,3643	0,2356	0,2913
47 49	0,0794	0,1946	0,5176	0,3215	0,0893
47 50	0,1514	0,5670	0,4958	0,3221	0,2421
47 51	0,5931	0,4786	0,5597	0,4513	0,2523
47 52	0,0453	0,4754	0,6104	0,2049	0,8200
47 53	-0,1064	0,2602	0,6367	0,5316	0,3547
47 54	-0,0177	0,3519	0,6588	0,6707	0,8216
47 55	0,0071	0,1215	0,2674	0,1723	0,2777
47 56	-0,0939	0,1218	0,6255	0,1065	0,3137
47 57	-0,1620	0,2461	0,5533	0,2324	0,0650
47 58	0,6302	0,3665	0,4724	0,2326	0,1171
47 59	-0,2574	0,2472	0,4638	0,1597	-0,0120
47 60	-0,1181	0,2574	0,6123	0,3515	0,7908
47 61	-0,0442	0,1707	0,3409	0,6919	0,0626
47 62	0,7001	0,9456	0,8086	0,5428	0,9637
47 63	0,2966	0,4366	0,5989	0,2382	0,9381
47 64	0,0652	0,6373	0,3972	0,0952	0,4457
47 65	-0,0220	0,3533	0,4146	0,2052	0,0630
47 66	-0,0769	0,4047	0,7318	0,3087	0,1515
47 67	-0,0967	0,2073	0,3346	0,1776	-0,0070

<i>Pares de Linhagens</i>	<i>local 1</i>	<i>local 2</i>	<i>local 3</i>	<i>local 4</i>	<i>média</i>
47 68	-0,1297	0,2219	0,7267	0,1871	0,3415
48 49	0,0438	-0,0385	-0,1283	-0,0081	0,0846
48 50	0,1841	0,1891	-0,0155	0,0374	0,1644
48 51	0,6128	0,2749	-0,0110	0,3605	0,0986
48 52	0,0648	0,0013	0,1820	-0,0833	0,1441
48 53	-0,1913	-0,2394	-0,0664	0,2948	-0,2067
48 54	-0,0005	0,2021	0,1301	0,4725	0,1792
48 55	0,0294	-0,2035	-0,1969	-0,0685	-0,2886
48 56	-0,0541	-0,0431	0,0652	0,0220	-0,1773
48 57	-0,0796	-0,2768	-0,1936	0,0809	-0,0025
48 58	0,6152	0,2020	-0,2894	-0,0624	0,1097
48 59	-0,2364	-0,0521	-0,2383	-0,1541	-0,0627
48 60	-0,0994	-0,2294	0,3269	0,1097	0,1658
48 61	-0,1525	0,2206	-0,4826	0,5797	0,1781
48 62	0,6948	0,6580	0,4999	0,3839	0,3686
48 63	0,2336	0,3285	0,0556	-0,0281	0,3849
48 64	0,0369	0,2905	-0,1089	-0,2592	-0,0938
48 65	-0,1361	-0,2638	-0,2191	-0,0825	0,0011
48 66	-0,0967	0,0801	0,2224	0,2297	0,1409
48 67	-0,0708	-0,0933	-0,2235	-0,0426	0,0931
48 68	-0,2421	-0,2776	0,3167	-0,0192	-0,1389
49 50	0,3438	0,2102	0,2097	0,0415	-0,0198
49 51	0,7165	0,1499	-0,0413	0,2520	0,1061
49 52	0,2413	0,1688	0,4038	-0,1166	0,6384
49 53	0,0124	-0,0425	-0,0003	0,0888	0,1765
49 54	0,2373	0,1180	0,2746	0,1812	0,6652
49 55	0,0835	-0,2986	0,0299	-0,1595	0,1243
49 56	0,1269	-0,2687	0,1254	-0,0034	0,1897
49 57	0,0484	-0,2016	-0,1342	0,0000	-0,1775
49 58	0,7276	0,0919	-0,3157	0,0406	-0,0631
49 59	0,0126	-0,0260	-0,0966	-0,1054	-0,2337
49 60	0,1112	-0,0269	0,4303	0,0309	0,6499
49 61	0,0918	0,1831	-0,1052	0,4173	-0,0976
49 62	0,8438	0,7149	0,5104	0,4623	0,8354
49 63	0,3438	0,2918	0,1975	-0,0339	0,8262
49 64	0,2495	0,2289	0,0372	-0,1576	0,2490
49 65	0,0663	-0,0001	-0,1189	-0,0402	-0,2470
49 66	0,1909	0,2165	0,2369	0,2048	0,0098
49 67	-0,0605	-0,0088	-0,0220	-0,1326	-0,1477
49 68	-0,0027	-0,0642	0,2247	-0,0149	0,2209
50 51	0,2345	0,2188	0,3299	0,3751	0,1923
50 52	0,2844	0,3030	0,1173	-0,0271	0,6997
50 53	0,1328	0,2400	0,3448	0,2808	0,2664
50 54	0,2469	0,3215	0,0382	0,5448	0,7224
50 55	0,2587	0,1014	0,0572	-0,1592	0,1990

<i>Pares de Linhagens</i>	<i>local 1</i>	<i>local 2</i>	<i>local 3</i>	<i>local 4</i>	<i>média</i>
50 56	0,1591	0,2456	0,3023	-0,0092	0,2779
50 57	0,1665	0,1123	0,1186	0,0916	-0,1324
50 58	0,3009	0,2032	0,1152	-0,0014	-0,0009
50 59	0,0384	0,3072	0,1546	0,0390	-0,1350
50 60	0,1141	0,2370	0,4563	0,1231	0,7244
50 61	0,2373	0,5499	0,0069	0,6999	0,1286
50 62	0,3142	0,5195	0,6879	0,2919	0,8484
50 63	0,4618	0,5149	0,4596	-0,0094	0,9027
50 64	0,2645	0,2506	0,1741	-0,1240	0,2417
50 65	0,2589	0,2256	0,1351	-0,0966	-0,1212
50 66	0,1838	0,3455	0,5939	0,2471	0,0466
50 67	0,2212	0,3299	0,1807	-0,1300	0,0319
50 68	0,1446	0,2018	0,6306	-0,0621	0,3136
51 52	0,6939	0,4560	0,5074	0,3144	0,5654
51 53	0,5525	0,2570	0,1237	0,4243	0,1848
51 54	0,6816	0,3998	0,3730	0,5916	0,5941
51 55	0,6640	0,0585	0,1646	0,2760	0,1277
51 56	0,5887	0,1372	0,2262	0,2980	0,1701
51 57	0,5727	0,1710	0,0252	0,3352	0,0817
51 58	0,0991	-0,2923	-0,1326	0,1636	0,0973
51 59	0,4906	0,2858	0,0478	0,3109	0,0264
51 60	0,5626	0,2620	0,4157	0,3466	0,5564
51 61	0,6627	0,4703	0,0259	0,6842	0,1826
51 62	0,1820	0,5098	0,5578	0,5437	0,7023
51 63	0,8709	0,5710	0,1668	0,3209	0,7303
51 64	0,6729	0,4750	0,1698	0,2167	0,2660
51 65	0,6625	0,3087	0,1431	0,3504	0,0662
51 66	0,6335	0,4777	0,3401	0,3953	0,2061
51 67	0,6222	0,2985	0,1016	0,2817	0,0985
51 68	0,5774	0,2283	0,2783	0,3330	0,1729
52 53	-0,0242	0,0956	0,4675	0,1280	0,2472
52 54	0,1056	0,3729	0,2324	0,4651	0,0204
52 55	0,1236	0,0799	0,1607	-0,3090	0,1948
52 56	0,0279	0,2207	0,4337	-0,1456	0,2737
52 57	0,0701	-0,0043	0,3149	-0,0771	0,5686
52 58	0,7414	0,4273	0,3189	-0,0182	0,6683
52 59	-0,0204	0,1795	0,3028	-0,1847	0,5208
52 60	-0,0190	0,1129	0,5845	-0,0419	0,0762
52 61	0,0985	0,4238	0,1670	0,5560	0,7184
52 62	0,7779	0,8093	0,8281	0,4068	0,3195
52 63	0,3999	0,4955	0,5683	-0,0770	0,3105
52 64	0,1171	0,4428	0,3230	-0,2488	0,2931
52 65	0,1224	0,0448	0,3413	-0,2169	0,5722
52 66	0,1023	0,3062	0,6993	0,1212	0,6975
52 67	0,1107	0,2164	0,2848	-0,2780	0,6556

<i>Pares de Linhagens</i>	<i>local 1</i>	<i>local 2</i>	<i>local 3</i>	<i>local 4</i>	<i>média</i>
52 68	0,0743	0,0751	0,7558	-0,1394	0,2948
53 54	-0,0592	0,1355	0,3865	0,5408	0,2536
53 55	-0,0054	-0,2641	0,1598	0,0455	-0,2097
53 56	-0,0726	-0,1091	0,3286	0,2153	-0,0850
53 57	-0,0973	-0,2332	-0,0656	0,1582	0,0876
53 58	0,5600	0,1541	-0,1841	0,2821	0,1859
53 59	-0,2513	-0,1394	-0,0765	0,2196	0,0153
53 60	-0,1266	-0,3151	0,5191	0,0690	0,1981
53 61	-0,1163	0,1493	-0,0569	0,6530	0,2470
53 62	0,6385	0,6380	0,6550	0,6069	0,4463
53 63	0,2033	0,3181	0,2446	0,1620	0,4256
53 64	-0,0801	0,3284	0,1160	0,1100	0,0379
53 65	-0,0905	-0,1912	0,1667	0,1487	0,0945
53 66	-0,0849	0,0074	0,2317	0,2135	0,1688
53 67	-0,0937	-0,1624	0,0918	0,0717	0,1615
53 68	-0,2014	-0,3716	0,3918	0,1863	-0,0649
54 55	0,2029	-0,0957	0,2060	0,4209	0,2013
54 56	0,0687	0,0357	0,3875	0,4828	0,2884
54 57	0,0440	0,0778	0,1810	0,4462	0,5928
54 58	0,7126	0,2974	0,1785	0,5280	0,6817
54 59	-0,0807	0,0906	0,2709	0,3855	0,5298
54 60	0,0219	0,1319	0,5061	0,5750	0,0867
54 61	0,0111	0,4153	0,1799	0,4725	0,7213
54 62	0,7547	0,7216	0,7070	0,8390	0,2858
54 63	0,3752	0,4889	0,5282	0,5000	0,3050
54 64	0,0385	0,2904	0,2568	0,3899	0,3031
54 65	0,0625	0,2231	0,3020	0,4976	0,5989
54 66	-0,0427	0,1568	0,6678	0,6159	0,6854
54 67	0,1086	0,2286	0,3455	0,4446	0,6671
54 68	-0,0143	0,1112	0,6842	0,5166	0,3013
55 56	-0,1004	-0,4046	0,1989	-0,2269	-0,2190
55 57	-0,0715	-0,3719	0,0669	-0,1610	0,0032
55 58	0,6847	-0,0673	-0,0468	-0,0913	0,1029
55 59	-0,0928	-0,2542	-0,0474	-0,1593	-0,0696
55 60	-0,0548	-0,2833	0,3977	-0,1229	0,1763
55 61	0,1153	0,1243	-0,2184	0,5504	0,1895
55 62	0,7508	0,5639	0,6223	0,3318	0,3615
55 63	0,2896	0,2775	0,2566	-0,1636	0,3954
55 64	0,1622	0,1043	-0,0821	-0,3428	-0,0575
55 65	0,0545	-0,1649	-0,0326	-0,3420	0,0264
55 66	0,0951	-0,0048	0,3913	0,0170	0,1318
55 67	-0,0605	-0,1710	-0,0838	-0,4998	0,0826
55 68	-0,0158	-0,3235	0,4669	-0,2950	-0,1678
56 57	-0,1566	-0,1907	0,1537	-0,0720	0,0888
56 58	0,6246	0,0213	0,1030	-0,0345	0,1680

<i>Pares de Linhagens</i>	<i>local 1</i>	<i>local 2</i>	<i>local 3</i>	<i>local 4</i>	<i>média</i>
56 59	-0,2312	-0,1166	0,1904	-0,0292	0,0256
56 60	-0,2171	-0,1290	0,5081	0,0308	0,2374
56 61	0,0344	0,1181	0,0553	0,6145	0,2504
56 62	0,6610	0,6832	0,5839	0,3964	0,4260
56 63	0,2585	0,2872	0,2901	-0,0250	0,4291
56 64	0,0558	0,2518	0,2959	-0,2197	0,0293
56 65	-0,0112	-0,0239	0,1212	-0,1001	0,1108
56 66	-0,0564	0,1315	0,3878	0,0266	0,2139
56 67	-0,0505	-0,1188	0,1127	-0,2165	0,1496
56 68	-0,1009	-0,1474	0,4706	-0,0986	-0,0999
57 58	0,5913	0,0999	-0,3550	0,0832	-0,1787
57 59	-0,2579	-0,1406	-0,0437	-0,0968	-0,4273
57 60	-0,1021	-0,2277	0,4379	-0,0510	0,5639
57 61	0,0099	0,1956	-0,1567	0,5994	-0,0445
57 62	0,6720	0,6227	0,4713	0,4130	0,7345
57 63	0,3056	0,3025	0,2007	-0,0203	0,7674
57 64	0,0052	0,1780	0,0648	-0,1243	0,1356
57 65	-0,0763	-0,2260	0,0399	-0,0405	-0,3323
57 66	-0,0821	0,0623	0,2180	-0,0769	-0,1388
57 67	-0,1637	-0,1040	-0,0175	-0,1332	-0,1841
57 68	-0,1266	-0,2714	0,3709	-0,0099	0,1359
58 59	0,5138	0,1828	-0,2037	0,0042	-0,2525
58 60	0,6164	0,1399	0,3859	0,1098	0,6549
58 61	0,6790	0,3678	-0,2638	0,6495	0,0131
58 62	0,2069	0,4484	0,4712	0,3159	0,7924
58 63	0,8813	0,5059	0,1074	0,0538	0,8373
58 64	0,6681	0,4245	-0,0523	-0,2282	0,2500
58 65	0,6600	0,2357	-0,0798	-0,0189	-0,1499
58 66	0,6375	0,3667	0,1460	0,1584	-0,0076
58 67	0,6393	0,1753	-0,0898	-0,0658	-0,0850
58 68	0,5897	0,1060	0,2460	0,0048	0,2333
59 60	-0,2737	-0,1382	0,4292	0,0255	0,4987
59 61	-0,1349	0,2297	-0,2545	0,4937	-0,1300
59 62	0,5737	0,6667	0,6305	0,3520	0,6773
59 63	0,1832	0,4304	0,2069	-0,0861	0,7034
59 64	-0,0618	0,3566	-0,0466	-0,2258	0,0903
59 65	-0,1341	-0,0354	-0,0409	-0,1314	-0,3843
59 66	-0,2225	0,0771	0,2373	0,1300	-0,2293
59 67	-0,1687	-0,0200	-0,0832	-0,1325	-0,2782
59 68	-0,2906	-0,1537	0,3168	-0,0629	0,0637
60 61	-0,0287	0,1642	0,3688	0,7225	0,7167
60 62	0,6423	0,6319	0,6622	0,4244	0,2733
60 63	0,2199	0,3290	0,4593	-0,1281	0,1974
60 64	0,0672	0,3140	0,4206	-0,0894	0,3241
60 65	-0,0066	-0,2208	0,4099	-0,0050	0,5742

<i>Pares de Linhagens</i>	<i>local 1</i>	<i>local 2</i>	<i>local 3</i>	<i>local 4</i>	<i>média</i>
60 66	-0,0635	-0,0149	0,6755	0,0114	0,6399
60 67	-0,0422	-0,2210	0,3931	-0,1253	0,6277
60 68	-0,1478	-0,4111	0,6023	-0,0300	0,2397
61 62	0,7581	0,9088	0,5398	0,9489	0,9051
61 63	0,2875	0,3339	0,0580	0,6500	0,8708
61 64	0,1190	0,6381	-0,0567	0,5125	0,3532
61 65	-0,0478	0,2572	-0,1943	0,5809	-0,0697
61 66	-0,0139	0,3554	0,1740	0,7448	0,0868
61 67	0,0016	0,0802	-0,3014	0,5741	-0,0903
61 68	-0,1474	0,1272	0,3164	0,6179	0,2893
62 63	0,9281	0,8991	0,5875	0,3119	0,4360
62 64	0,7032	0,6878	0,6157	0,3018	0,3945
62 65	0,7505	0,6816	0,5410	0,3489	0,7509
62 66	0,6797	0,6700	0,6964	0,4900	0,8101
62 67	0,7387	0,7154	0,5455	0,3368	0,8105
62 68	0,6692	0,6082	0,6709	0,3456	0,4385
63 64	0,3995	0,5405	0,3399	-0,1846	0,4801
63 65	0,3052	0,3647	0,1785	-0,1032	0,7727
63 66	0,3104	0,4255	0,3426	0,1037	0,8262
63 67	0,2900	0,2751	0,0608	-0,1702	0,8048
63 68	0,1906	0,2933	0,3520	-0,1438	0,4616
64 65	0,0692	0,3251	0,0938	-0,2941	0,1535
64 66	-0,0300	0,3701	0,3991	0,0131	0,2380
64 67	0,1009	0,4017	0,0919	-0,3127	0,2550
64 68	0,0425	0,2800	0,4786	-0,2455	0,0913
65 66	-0,0314	0,0974	0,3332	0,1265	-0,1135
65 67	-0,0559	-0,0788	-0,1572	-0,3066	-0,2048
65 68	-0,1345	-0,2294	0,2733	-0,2433	0,1354
66 67	0,0275	0,1018	0,2125	0,0312	-0,0455
66 68	-0,1069	-0,0308	0,4827	0,1331	0,2350
67 68	-0,1210	-0,2307	0,2704	-0,3190	0,1698

Figura 1: Valores de q obtidos para cada marca em função do tamanho do sintético - Linhagens ordenadas pelo índice - local 1

Figura 2: Valores de q obtidos para cada marca em função do tamanho do sintético - Linhagens ordenadas pelo índice - local 1

Figura 3: Valores de q obtidos para cada marca em função do tamanho do sintético - Linhagens ordenadas pelo índice - local 1

Figura 4: Valores de q obtidos para cada marca em função do tamanho do tamanho do sintético - Linhagens ordenadas pelo *topcross* - local 1

Figura 5: Valores de q obtidos para cada marca em função do tamanho do sintético - Linhagens ordenadas pelo *topcross* - local 1

Figura 6: Valores de q obtidos para cada marca em função do tamanho do sintético - Linhagens ordenadas pelo *topcross* - local 1

Figura 7: Valores de q obtidos para cada marca em função do tamanho do sintético - Linhagens ordenadas pelo índice - local 2

Figura 8: Valores de q obtidos para cada marca em função do tamanho do sintético - Linhagens ordenadas pelo índice - local 2

Figura 9: Valores de q obtidos para cada marca em função do tamanho do sintético - Linhagens ordenadas pelo índice - local 2

Figura 10: Valores de q obtidos para cada marca em função do tamanho do sintético - Linhagens ordenadas pelo *topcross* - local 2

Figura 11: Valores de q obtidos para cada marca em função do tamanho do sintético - Linhagens ordenadas pelo *topcross* - local 2

Figura 12: Valores de q obtidos para cada marca em função do tamanho do sintético - Linhagens ordenadas pelo *topcross* - local 2

Figura 13: Valores de q obtidos para cada marca em função do tamanho do tamanho do sintético - Linhagens ordenadas pelo índice - local 3

Figura 14: Valores de q obtidos para cada marca em função do tamanho do sintético - Linhagens ordenadas pelo índice - local 3

Figura 15: Valores de q obtidos para cada marca em função do tamanho do sintético - Linhagens ordenadas pelo índice - local 3

Figura 16: Valores de q obtidos para cada marca em função do tamanho do sintético - Linhagens ordenadas pelo *topcross* - local 3

Figura 17: Valores de q obtidos para cada marca em função do tamanho do sintético - Linhagens ordenadas pelo *topcross* - local 3

Figura 18: Valores de q obtidos para cada marca em função do tamanho do sintético - Linhagens ordenadas pelo *topcross* - local 3

Figura 19: Valores de q obtidos para cada marca em função do tamanho do sintético - Linhagens ordenadas pelo índice - local 4

Figura 20: Valores de q obtidos para cada marca em função do tamanho do sintético - Linhagens ordenadas pelo índice - local 4

Figura 21: Valores de q obtidos para cada marca em função do tamanho do sintéico - Linhagens ordenadas pelo índice - local 4

Figura 22: Valores de q obtidos para cada marca em função do tamanho do sintético - Linhagens ordenadas pelo *topcross* - local 4

Figura 23: Valores de q obtidos para cada marca em função do tamanho do sintético - Linhagens ordenadas pelo *topcross* - local 4

Figura 24: Valores de q obtidos para cada marca em função do tamanho do sintético - Linhagens ordenadas pelo *topcross* - local 4