**ESTIMATIVAS DE EFEITOS GÊNICOS DE DIVERSOS CARACTERES EM
MILHO (*Zea mays* L.) EM SOLOS ÁCIDOS E NÃO ÁCIDOS**

JUAN CARLOS PÉREZ VELÁSQUEZ

Engenheiro Agrônomo

Orientador: Prof. Dr. CLÁUDIO LOPES DE SOUZA JÚNIOR

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

PIRACICABA

Estado de São Paulo – Brasil

Maio de - 2000

ERRATA

Página	onde se lê	leia-se
v, 4, 5, 6	Al ³⁺	Al ³⁺
3	em solos ácidos e solos férteis..	em solos ácidos e não-ácidos
20	$\overline{RC}_i = m + \frac{1}{2}a + \frac{1}{2}d + \frac{1}{2}aa + \frac{1}{2}ad + \frac{1}{4}dd$	$\overline{RC}_i = m + \frac{1}{2}a + \frac{1}{2}d + \frac{1}{4}aa + \frac{1}{4}ad + \frac{1}{4}dd$
	$\overline{RC}_i = m - \frac{1}{2}a + \frac{1}{2}d + \frac{1}{2}aa - \frac{1}{2}ad + \frac{1}{4}dd$	$\overline{RC}_i = m - \frac{1}{2}a + \frac{1}{2}d + \frac{1}{4}aa - \frac{1}{4}ad + \frac{1}{4}dd$
28	S5HC1-.....	SA5HC1-....
32	Y _{ij} = média do tratamento i na repetição j	Y _{ij} = observação i, na repetição j,
33	Y _{ijl} = média do tratamento i, na repetição j, no ambiente l	Y _{ijl} = observação i, na repetição j, no ambiente l,
36	e os valores de qui-quadrado (χ^2)	e os valores de qui-quadrado (χ^2). Sendo o χ^2 utilizado para testar a adequação do modelo.
37	SQM: $[\beta X'D^{-1}Y - (\Sigma Y)^2/n]$	SQM: $[\hat{\beta}' X'D^{-1}Y - (\Sigma W_i y_i)^2 / \Sigma W_i]$, soma de quadrados do modelo corrigida. Sendo $W_i = 1/\bar{V}_{g_i}$
37	SQT: $[Y'D^{-1}Y - (\Sigma Y)^2/n]$	SQT: $[Y'D^{-1}Y - (\Sigma W_i y_i)^2 / \Sigma W_i]$
37	β : vetor de parâmetros do modelo	$\hat{\beta}'$ = transposta vetor de parâmetros estimados,
viii e 38	Tabela 4- Matrix X de coeficientes das estimativas	Tabela 4 - Matrix X de coeficientes dos parâmetros a serem estimados.
38	$H_{ps} = (\bar{F}_i - \overline{PS}) / \overline{PS} \times 100$	$H_{ps} = [(\bar{F}_i - \overline{PS}) / \overline{PS}] \times 100$
46	foi constante nos três tipos.....	foi consistente nos três tipos....
53	G1 foi superior em 6,85%	G1 foi inferior em 6,85%
54	G1 (68,64%) e G2 (11,84%)	G1 (11,84%) e G2 (68,64%)
54	66,65%, 200,92% e 855,56%	43,85%, 159,75% e 724,78%
58	4.3.3 Número de....	4.3.4 Número de....
65	o cruzamento L3 x L4	o cruzamento L3 x L7
73	4.3.3 Altura de.....	4.4.3 Altura de...
83	4.4.1 Número de...	4.4.4 Número de....
99	417,65 e 246,24	360,51 e 231,96

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

Pérez Velásquez, Juan Carlos

Estimativas de efeitos gênicos de diversos caracteres em milho (*Zea mays* L.) em solos ácidos e não ácidos / Juan Carlos Pérez Velásques. -- Piracicaba, 2000.

127 p.

Tese (doutorado) - Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, 2000.

Bibliografia.

1. Efeito genético 2. Germoplasma vegetal 3. Melhoramento genético vegetal 4. Milho 5. População de planta 6. Solo ácido I. Título

CDD 633.15

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

**Ao amor de minha esposa Astrid e minha
filha Daniela que me apoiaram e me
animaram em todos os momentos.**

DEDICO

AGRADECIMENTOS

Ao Prof. Dr. Cláudio Lopes de Souza Júnior, pela valiosa orientação, amizade e sobretudo pelos ensinamentos, estímulo permanente e confiança depositada no decorrer do curso.

Aos Drs. Shivaji Pandey, Diretor do Programa de Milho do CIMMYT e Carlos De León e Luis Narro, Programa de Milho para América do Sul, do CIMMYT, pelo apoio e estímulo prestado no decorrer de meus estudos no Brasil.

Aos Professores do Departamento de Genética da ESALQ/USP, pelos ensinamentos prestados no decorrer do curso.

Aos colegas de curso pela convivência, amizade e troca de conhecimentos e experiências, em especial ao Colega Rhainer Gleico Cardoso pelo auxílio nos programas de computação.

Ao pessoal do Programa de Milho do CIMMYT-Colômbia, engenheiros Fredy Salazar e Maria del Pilar Arias, Jesús Upegui, Nestor Romero, Joel Bolaños pela amizade, condução e coleta dos experimentos na Colômbia.

Ao Engenheiro Sidney N. Parentoni pela condução do experimento em Sete Lagoas-MG Brasil (CNPMS/EMBRAPA).

Ao Programa de Milho do Centro Internacional de Melhoramento de Milho e Trigo (CIMMYT) e ao Dr. Walter J. Horst, professor do Instituto de Nutrição Vegetal da Universidade de Hannover na Alemanha pela concessão da bolsa de estudos. Sendo essa proveniente do Projeto "Adaptation of Maize, Aluminum Toxic Soils BMZ Project No 223-K8064 CIMMYT 5194, financiado pelo Ministério Federal para a Cooperação Econômica e de Desenvolvimento do Governo da Alemanha, BMZ.

Ao Departamento de Genética Da escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz" da Universidade de São Paulo (ESALQ/USP), pela oportunidade de realizar meus estudos.

Finalmente são grato a todas as pessoas que, embora não mencionadas, contribuíram direta ou indiretamente para a execução deste trabalho.

SUMÁRIO

LISTA DE FIGURAS	vii
LISTA DE TABELAS	viii
RESUMO	xiv
SUMMARY	xvi
1. INTRODUÇÃO	1
2. REVISÃO DE LITERATURA	4
2.1. PH do solo e presença do Al^{+3} tóxico	4
2.2. Efeito do Alumínio e do pH sobre o milho.....	6
2.3. Variabilidade genética para tolerância à toxidez de alumínio em milho.....	10
2.4. Herança da tolerância a solos ácidos em milho.....	13
2.5. Análise de médias de gerações.....	17
2.5.1. Metodologias de análises.....	17
2.5.2. Exemplos de análises.....	23
3. MATERIAL E MÉTODOS	27
3.1. Material genético.....	27
3.1.1. Descrição e origem das linhagens.....	27
3.1.2. Obtenção das gerações.....	29
3.2. Métodos.....	29
3.2.1. Execução experimental.....	29
3.2.2. Análises estatístico-genéticas.....	32
3.2.2.1 Análises de variâncias.....	32
3.2.2.1.1. Análises de variâncias individuais.....	32
3.2.2.1.2. Análises de variâncias conjuntas.....	33
3.2.2.2. Estimativas dos efeitos gênicos.....	34
3.2.2.3. Aplicação do teste “t”.....	37

4. RESULTADOS E DISCUSSÃO	40
4.1. Análise geral dos resultados	40
4.2. Análises de variâncias	43
4.2.1. Análises de variâncias por ambientes	43
4.2.2. Análises de variâncias conjuntas	44
4.2.2.1. Produção de grãos (PG)	45
4.2.2.2. Florescimento feminino (FF)	47
4.2.2.3. Altura de planta e altura de espiga (AP e AE)	48
4.2.2.4. Número de espigas por planta (EP)	50
4.3. Estimativas de heterose	51
4.3.1. Produção de grãos (PG)	51
4.3.2. Florescimento feminino (FF)	54
4.3.3. Altura de planta e altura de espiga (AP e AE)	56
4.3.4. Número de espigas por planta (EP)	58
4.4. Estimativas dos efeitos gênicos	59
4.4.1. Produção de grãos (PG)	60
4.4.2. Florescimento feminino (FF)	67
4.4.3. Altura de planta e altura de espiga (AP e AE)	73
4.4.4. Número de espigas por planta	83
4.5. Considerações finais	84
5. CONCLUSÕES	88
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	116

LISTA DE FIGURAS

1	Relação genética entre as linhagens de milho.....	28
---	---	----

LISTA DE TABELAS

1	Descrição das linhagens de milho.....	27
2	Características dos ambientes de avaliação.....	30
3	Esquema da análise de variância conjunta para o delineamento em blocos completos casualizados com a decomposição SQ tratamentos e respectivas esperanças dos quadrados médios [E(QM)].....	34
4	Matriz X de coeficientes das estimativas.....	38
5	Valores de pH, níveis de fósforo (P), percentagem de saturação de alumínio e valores médios para produção de grãos (PG), florescimento feminino (FF), altura de planta (AP) e espiga (AE) e número de espigas planta (EP) de oito linhagens e suas gerações avaliadas em ambientes com SA e SF no Brasil e Colômbia, 1997B-1999A.....	89
6	Produção média de grãos ($t\ ha^{-1}$) das linhagens parentais avaliadas em ambientes com solos ácidos e férteis, 1997B-1999A.....	89
7	Quadrados médios das análises de variâncias individuais de produção de grãos (PG), florescimento feminino (FF), altura da planta (AP) e espiga (AE) e número de espigas por planta (EP) para oito linhagens e suas gerações, avaliadas em ambientes com solos ácidos, Villavicencio1 (VV1)-Colômbia, 1997B.....	90

- 8 Quadrados médios das análises de variâncias individuais de produção de grãos (PG), florescimento feminino (FF), altura da planta (AP) e espiga (AE) e número de espigas por planta (EP) para oito linhagens e suas gerações, avaliadas em ambientes com solos ácidos, Villavicencio2 (VV2)-Colômbia,1998B..... 91

- 9 Quadrados médios das análises de variâncias individuais de produção de grãos (PG), florescimento feminino (FF), altura da planta (AP) e espiga (AE) e número de espigas por planta (EP) para oito linhagens e suas gerações, avaliadas em ambientes com solos ácidos, S₄Quilichao (SQ)-Colômbia,1997B..... 92

- 10 Quadrados médios das análises de variâncias individuais de produção de grãos (PG), florescimento feminino (FF), altura da planta (AP) e espiga (AE) e número de espigas por planta (EP) para oito linhagens e suas gerações, avaliadas em ambientes com solos ácidos, Sete Lagoas (SL)-Brasil, 1999A..... 93

- 11 Quadrados médios das análises de variâncias individuais de produção de grãos (PG), florescimento feminino (FF), altura da planta (AP) e espiga (AE) e número de espigas por planta (EP) para oito linhagens e suas gerações, avaliadas em ambientes com solos férteis, Palmira (PAL 1)-Colômbia, 1997B..... 94

- 12 Quadrados médios das análises de variâncias individuais de produção de grãos (PG), florescimento feminino (FF), altura da planta (AP) e espiga (AE) e número de espigas por planta (EP) para oito linhagens e suas gerações, avaliadas em ambientes com solos férteis, Palmira (PAL 2)-Colômbia, 1998B..... 95

- 13 Quadrados médios das análises conjuntas de variância de produção de grãos (PG), florescimento feminino (FF), altura da planta (AP) e espiga (AE) e número de espigas por planta (EP) para oito linhagens e suas gerações, avaliadas em ambientes com solos ácidos. 1997 – 1999..... 96
- 14 Quadrados médios das análises conjuntas de variância de produção de grãos (PG), florescimento feminino (FF), altura da planta (AP) e espiga (AE) e número de espigas por planta (EP) para oito linhagens e suas gerações, avaliadas em ambientes com solos férteis. 1997 – 1998..... 97
- 15 Quadrados médios das análises conjuntas de variância de produção de grãos (PG), florescimento feminino (FF), altura da planta (AP) e espiga (AE) e número de espigas por planta (EP) para oito linhagens e suas gerações, avaliadas em ambientes com solos ácidos e férteis. 1997–1999..... 98
- 16 Estimativas de heterose (%) para os 28 cruzamentos, em relação à média do parental superior, para produção de grãos PG), florescimento feminino (FF), avaliadas em ambientes com solos ácidos (SA), solos férteis (SF) e na média de SA+SF. 1997-1999..... 99
- 17 Estimativas de heterose (%) para os 28 cruzamentos, em relação à média do parental superior, para altura de planta (AP), altura de espiga (AE) e número de espigas por planta (EP), avaliados em ambientes com solos ácidos (SA), solos férteis (SF) e na média de SA+SF. 1997-1999..... 100

- 18** Produção média grãos ($t\ ha^{-1}$), estimativas de efeitos gênicos, coeficientes de determinação (R^2) e valores de qui-quadrado (χ^2) considerando os 28 cruzamentos F_1 e as gerações segregantes derivadas de oito linhagens de milho com níveis variáveis de tolerância a solos ácidos, avaliadas em ambientes com solos ácidos. 1997-1999..... 101
- 19** Produção média grãos ($t\ ha^{-1}$), estimativas de efeitos gênicos, coeficientes de determinação (R^2) e valores de qui-quadrado (χ^2) considerando os 28 cruzamentos F_1 e as gerações segregantes derivadas de oito linhagens de milho com níveis variáveis de tolerância a solos ácidos, avaliadas em ambientes com solos férteis .1997-1998..... 102
- 20** Produção média grãos ($t\ ha^{-1}$), estimativas de efeitos gênicos, coeficientes de determinação (R^2) e valores de qui-quadrado (χ^2) considerando os 28 cruzamentos F_1 e as gerações segregantes derivadas de oito linhagens de milho com níveis variáveis de tolerância a solos ácidos, avaliadas em ambientes com solos ácidos e férteis. 1997-1999..... 103
- 21** Valores médios para florescimento feminino (dias), estimativas de efeitos gênicos, coeficientes de determinação (R^2) e valores de qui-quadrado (χ^2) considerando os 28 cruzamentos F_1 e as gerações segregantes derivadas de oito linhagens de milho com níveis variáveis de tolerância a solos ácidos, avaliadas em ambientes com solos ácidos. 1997-1999..... 104
- 22** Valores médios para florescimento feminino (dias), estimativas de efeitos gênicos, coeficientes de determinação (R^2) e valores de qui-quadrado (χ^2) considerando os 28 cruzamentos F_1 e as gerações segregantes derivadas de oito linhagens de milho com níveis variáveis de tolerância a solos ácidos, avaliadas em ambientes com solos férteis. 1997-1998..... 105

- 23** Valores médios para florescimento feminino (dias), estimativas de efeitos gênicos, coeficientes de determinação (R^2) e valores de qui-quadrado (χ^2) considerando os 28 cruzamentos F_1 e as gerações segregantes derivadas de oito linhagens de milho com níveis variáveis de tolerância a solos ácidos, avaliadas em ambientes com solos ácidos e férteis.1997-1999..... 106
- 24** Valores médios para altura de planta (cm), estimativas de efeitos gênicos, coeficientes de determinação (R^2) e valores de qui-quadrado (χ^2) considerando os 28 cruzamentos F_1 e as gerações segregantes derivadas de oito linhagens de milho com níveis variáveis de tolerância a solos ácidos, avaliadas em ambientes com solos ácidos.1997-1999..... 107
- 25** Valores médios para altura de planta (cm), estimativas de efeitos gênicos, coeficientes de determinação (R^2) e valores de qui-quadrado (χ^2) considerando os 28 cruzamentos F_1 e as gerações segregantes derivadas de oito linhagens de milho com níveis variáveis de tolerância a solos ácidos, avaliadas em ambientes com solos férteis.1997-1998..... 108
- 26** Valores médios para altura de planta (cm), estimativas de efeitos gênicos, coeficientes de determinação (R^2) e valores de qui-quadrado (χ^2) considerando os 28 cruzamentos F_1 e as gerações segregantes derivadas de oito linhagens de milho com níveis variáveis de tolerância a solos ácidos, avaliadas em ambientes com solos ácidos e férteis1997-1999..... 109
- 27** Valores médios para altura de espiga (cm), estimativas de efeitos gênicos, coeficientes de determinação (R^2) e valores de qui-quadrado (χ^2) considerando os 28 cruzamentos F_1 e as gerações segregantes derivadas de oito linhagens de milho com níveis variáveis de tolerância a solos ácidos, avaliadas em ambientes com solos ácidos.1997-1999..... 110

- 28** Valores médios para altura de espiga (cm), estimativas de efeitos gênicos, coeficientes de determinação (R^2) e valores de qui-quadrado (χ^2) considerando os 28 cruzamentos F_1 e as gerações segregantes derivadas de oito linhagens de milho com níveis variáveis de tolerância a solos ácidos, avaliadas em ambientes com solos férteis. 1997-1998..... 111
- 29** Valores médios para altura de espiga (cm), estimativas de efeitos gênicos, coeficientes de determinação (R^2) e valores de qui-quadrado (χ^2) considerando os 28 cruzamentos F_1 e as gerações segregantes derivadas de oito linhagens de milho com níveis variáveis de tolerância a solos ácidos, avaliadas em ambientes com solos ácidos e férteis. 1997-1999..... 112
- 30** Valores médios para número de espigas por planta (espigas/planta), estimativas de efeitos gênicos, coeficientes de determinação (R^2) e valores de qui-quadrado (χ^2) considerando os 28 cruzamentos F_1 e as gerações segregantes derivadas de oito linhagens de milho com níveis variáveis de tolerância a solos ácidos, avaliadas em ambientes com solos ácidos 1997-1999..... 113
- 31** Valores médios para número de espigas por planta (espigas/planta), estimativas de efeitos gênicos, coeficientes de determinação (R^2) e valores de qui-quadrado (χ^2) considerando os 28 cruzamentos F_1 e as gerações segregantes derivadas de oito linhagens de milho com níveis variáveis de tolerância a solos ácidos, avaliadas em ambientes com solos férteis. 1997-1998..... 114
- 32** Valores médios para número de espigas por planta (espigas/planta), estimativas de efeitos gênicos, coeficientes de determinação (R^2) e valores de qui-quadrado (χ^2) considerando os 28 cruzamentos F_1 e as gerações segregantes derivadas de oito linhagens de milho com níveis variáveis de tolerância a solos ácidos, avaliadas em ambientes com solos ácidos e férteis. 1997-1999..... 115

ESTIMATIVAS DE EFEITOS GÊNICOS DE DIVERSOS CARACTERES EM MILHO (*Zea mays* L.) EM SOLOS ÁCIDOS E NÃO ÁCIDOS

Autor: Juan Carlos Pérez Velásquez

Orientador: Prof. Dr. Cláudio Lopes de Souza Júnior

RESUMO

O objetivo deste trabalho foi estimar as magnitudes dos efeitos gênicos aditivos, dominantes e epistáticos para produtividade e outros caracteres agronômicos em milho, utilizando-se de linhagens com níveis variáveis de tolerância à solos ácidos e diferentes níveis de parentesco. Avaliaram-se 120 tratamentos nos quais incluem-se oito linhagens parentais, vinte e oito F_1 's, vinte e oito F_2 's e 56 RC's. O delineamento experimental utilizado foi o de blocos casualizados completos, com três repetições, avaliados em seis ambientes no Brasil e na Colômbia, sendo quatro destes em solos ácidos (SA) e dois em solos férteis (SF). Cada tipo de geração foi mantida separada e casualizada independentemente com o objetivo de reduzir o efeito de competição entre gerações. Avaliaram-se os caracteres produção de grãos (PG), dias para o florescimento feminino (FF), altura de planta (AP), altura de espiga (AE) e número de espigas por planta (EP). As médias de gerações foram submetidas a análise genética-estatística utilizando-se da metodologia de Mather e Jinks (1971).

As médias gerais para PG, AP, AE e EP evidenciaram o efeito da acidez do solo na expressão fenotípica destes caracteres. As estimativas de heterose, em relação à média do parental superior, mostraram uma estreita relação entre a divergência genética entre as linhagens e a magnitude e significância das estimativas nos dois tipos

de solos, sendo positivas para PG, AP e AE e negativas para FF. Para EP a heterose foi em média positiva em solos ácidos e negativa em solos férteis.

Nas estimativas dos efeitos gênicos para os caracteres produção de grãos (PG) e florescimento feminino (FF) houve predominância dos efeitos dominantes sob condições de solos ácidos e solos férteis, sendo que, em alguns cruzamentos específicos, observou-se também a contribuição dos efeitos epistáticos digênicos. Entretanto, para o caráter número de espigas por planta (EP), os efeitos de dominância foram importantes apenas em solos ácidos e os demais efeitos foram significativos apenas para poucos cruzamentos nos dois tipos de solos..

Os sinais das estimativas dos efeitos gênicos dominantes foram positivos para os caracteres PG, AP e AE, e negativos para o caráter FF para a maioria dos cruzamentos. Assim, como os ideótipos incluem plantas de porte baixo, precoces e produtivas, esses efeitos gênicos contribuíram de forma positiva para a expressão dos caracteres PG e FF, e de forma negativa para a expressão dos caracteres AP e AE.

Os efeitos epistáticos foram mais importantes para os caracteres AP e AE que para os demais caracteres, nos quais, para alguns cruzamentos, os efeitos epistáticos apresentaram magnitudes superiores aos efeitos aditivos e dominantes. Entretanto, a maioria das estimativas desses efeitos foram negativas para os caracteres PG, AP e AE, e positivas para FF. Esses resultados sugerem a existência de combinações gênicas desfavoráveis nas linhagens para PG e FF e favoráveis para AP e AE, que foram, também, expressadas nas gerações derivadas de seus cruzamentos.

ESTIMATES OF GENIC EFFECTS FOR SEVERAL TRAITS IN MAIZE (*Zea mays* L.) IN ACID AND NON-ACID SOIL

Author: Juan Carlos Pérez Velásquez

Adviser: Prof. Dr. Cláudio Lopes de Souza Júnior

SUMMARY

This research was aimed to estimate the magnitudes of additive, dominance and epistatic genic effects for maize grain yield and other agronomic traits in acid and non-acid soil conditions. Related and nonrelated inbred lines of maize with different levels of tolerance to acid soil were used. One-hundred twenty entries, eight parental lines, twenty eight F₁'s, twenty eight F₂'s and fifty six BC's, were evaluated.

Randomized completed blocks design with three replications was used in six environments in Brazil and Colombia, with four of them in acid soils (AS) and the remainder in fertile soils (FS). To avoid competition effects, each generation type was evaluated in separate blocks and independently randomized. The following traits were evaluated: grain yield (GY), days to silking (DS), plant height (PH), ear height (EH) and number of ears per plant (EP). Mather and Jinks's (1971) model was used for the genetic analysis of generations means.

The general means for grain yield (GY), plant height (PH), ear height (EH) and number of ears per plant (EP) indicated that soil acidity reduced the phenotypic expression of these traits. High-parent heterosis estimates showed a close relationship between genetic divergence of lines and the magnitude and significance of them in acid and non-acid soil conditions. Heterosis estimates were positive for GY, PH and EH, and negative for DS in both types of soils, whereas for EP the mean of heterosis estimates was positive in acid soil and negative in fertile soils.

The dominance genic effects were higher for GY and DS in acid and non-acid soil conditions than additive and epistatic effects. In some specific crosses epistatic effects were detected. However, for ears per plant (EP) dominance effects were important only in acid soils, the other effects were significant just for a few crosses in both acid and non-acid soils.

In the majority of crosses dominance effects estimates were positive for GY, PH e EH, and negative for DS. Therefore, as ideotypes include short plant stature, early-maturing, and higher grain yield genotypes, these genetic effects contributed positively to GY and DS expression, and negatively to PH and EH expression.

The epistatic effects were more important for PH and EH than for the others traits; in some crosses the magnitudes of the epistatic effects were greater than additive and dominance effects. Nevertheless, the majority of these effects were negative for GY, PH and EH, and positive for DS. It suggests that unfavorable genic combinations are present in the lines for GY and DS, and favorable genic combinations for PH and EH, that were also expressed in the generations derived from the crosses of those lines.

1. INTRODUÇÃO

A acidez dos solos tem sido por longo tempo reconhecida como uma limitação importante na produção agrícola, afetando áreas tropicais, subtropicais e temperadas (Adams, 1984). Esta acidez, geralmente caracterizada pelo baixo pH, níveis tóxicos de alumínio (Al) e/ou manganês (Mn) solúveis, baixa saturação de bases trocáveis como cálcio (Ca) e magnésio (Mg) e baixos teores de fósforo (P), é uma das principais causas da baixa fertilidade dos solos tropicais. Contudo, o maior dano é causado pela toxidez do Al, que afeta vários processos fisiológicos interferindo no desenvolvimento normal das plantas em solos ácidos, podendo provocar substancial redução de produtividade nas culturas (Foy & Fleming, 1978; Roy et al., 1988).

Nos trópicos, aproximadamente 66% da superfície da América do Sul (12 milhões de km²), 20% da Ásia (6,9 milhões de km²), 27% da África (8,8 milhões de km²) e 10% da América Central, incluindo o Caribe e o México, são de solos ácidos. Na América do Sul, 80% da área cultivável é de solos ácidos, sendo que muitos desses encontram-se no Brasil, Colômbia, Peru e Equador (Sánchez, 1977; Eswaram et al., 1997). Na Colômbia, existem 19 milhões de hectares de savanas ácidas, das quais 4,7 milhões são consideradas adequadas para a produção agrícola. No Brasil, as áreas com solos ácidos estão, em grande parte, nos solos sob vegetação de cerrado, que cobrem 205 milhões de hectares, dos quais 175 milhões estão no centro do país. Desta área, aproximadamente 112 milhões de hectares são consideradas adequadas para a produção agrícola (Bahía et al., 1997).

O milho é uma das espécies cultiváveis mais sensíveis aos solos ácidos. Quando cultivado nesses solos apresenta problemas que são causados principalmente pela presença de níveis tóxicos de alumínio que inibem o desenvolvimento normal das

raízes, resultando numa menor absorção de nutrientes e água. No entanto, a alta acidez também influi na sobrevivência dos microorganismos benéficos ao solo, os quais são responsáveis pela mineralização da matéria orgânica e, conseqüentemente, pela disponibilidade de nitrogênio, fósforo, enxofre e muitos outros micronutrientes para as culturas (Foy, 1976).

Considera-se que o milho é plantado em 2,5 milhões de hectares de solos ácidos na Ásia, 1,5 milhões de hectares na África, 1 milhão de hectares na América Central, México e na Região do Caribe, e 3 milhões de hectares na América do Sul, atingindo um total de 8 milhões de hectares (Granados et al., 1993). Outras estimativas indicam 20 milhões de hectares de milho plantados em solos ácidos (Von Uexkull & Murttert, 1995).

Como estratégias para o manejo dos solos ácidos tem-se indicado alternativas distintas como a aplicação de corretivos para elevar o pH do solo e/ou desenvolvimento de cultivares tolerantes. Entretanto, a utilização de corretivos da acidez do solo, como a aplicação de calcário, apresenta inconvenientes de ordem prática e econômica, principalmente levando-se em conta os custos crescentes dos processos de obtenção, transporte e aplicação desse insumo (Granados et al., 1993; Zeigler et al., 1995). O melhoramento genético de milho para o desenvolvimento de cultivares tolerante a solos ácidos, a correção parcial da acidez e algumas práticas agronômicas sustentáveis, têm sido sugeridos como alternativas econômicas, compatíveis com o ambiente, e um meio permanente para o incremento da produção de milho nesses solos. Além disso, Foy & Brown (1964) reportaram diferenças na sensibilidade das culturas aos solos ácidos, afirmando que estas diferenças têm importância muito grande na superação destes problemas.

A herança da tolerância à toxidez de Al em milho tem sido estudada por vários pesquisadores, com diferentes germoplasmas, em diferentes caracteres e diferentes análises genéticas (Rhue et al., 1978; Furlani & Hanna, 1984; Sawazaki & Furlani, 1987; Magnavaca et al., 1987a, 1987b; Lima et al., 1992; Ceballos et al., 1995; Urrea et al., 1996; entre outros). Estes estudos indicam tanto herança qualitativa quanto quantitativa no controle da tolerância do milho à toxidez pelo Al. Alguns estudos

mostram que a variância genética aditiva é geralmente o componente mais importante para a produtividade de milho em solos ácidos (Naspolini Filho et al., 1981; Pandey et al., 1994), enquanto outros mostram que a variância genética dominante é mais importante que a variância aditiva (Duque-Vargas et al., 1994; Borrero et al., 1995).

A natureza e magnitude dos efeitos gênicos envolvidos na tolerância do milho aos solos ácidos também tem sido estudada através da análise genética de médias de gerações, obtidas a partir de linhagens com níveis variáveis de tolerância. Estas pesquisas indicam que tanto os efeitos gênicos aditivos (Magnavaca et al., 1987b; Sawazaki & Furlani, 1987) quanto os efeitos de dominância (Ceballos et al., 1998) estão presentes no controle da tolerância à toxidez pelo Al, com pequena contribuição dos efeitos epistáticos.

Resultados obtidos tanto na estimação de variâncias quanto nas estimativas de efeitos gênicos, embora um pouco contraditórios, relacionam-se muito com o caráter avaliado e com a base genética e origem do germoplasma usado em cada estudo, indicando também, que cada programa em particular deveria estabelecer suas próprias estratégias na obtenção de cultivares tolerantes, de acordo com o tipo de ação gênica presente em seu germoplasma.

A obtenção de informações sobre o papel da variância aditiva e não aditiva, dos efeitos da epistasia e da herdabilidade para o caráter tolerância a solos ácidos no milho, contribuirão para que os cientistas escolham o germoplasma e os métodos de melhoramento mais apropriados para o desenvolvimento de cultivares de milho tolerantes a níveis tóxicos de Al presentes nos solos ácidos.

O objetivo deste trabalho foi estimar as magnitudes dos efeitos gênicos aditivos, dominantes e de epistasia em solos ácidos e solos férteis, para produtividade e outras características agrônômicas, utilizando-se de linhagens de milho com níveis variáveis de tolerância a solos ácidos e diferentes níveis de parentesco.

2. REVISÃO DE LITERATURA

2.1. pH do solo e presença do Al^{+3} tóxico

A formação de solos ácidos tropicais é o resultado da combinação de vários fatores, sendo o principal as condições de clima, em termos de alta temperatura e intensivas precipitações. Essas condições favorecem a decomposição dos materiais que originam os solos (rochas), com a conseqüente formação de solos ácidos, lixiviados e arejados. Esses solos têm algumas características em comum, relacionadas principalmente com o pH, que afeta o equilíbrio nutricional no sistema solo-planta. A atividade de íons tais como Al^{+3} , está relacionada a este pH, o qual pode causar decréscimo na disponibilidade de nutrientes e afetar o desenvolvimento normal do sistema radicular da planta. Este fenômeno é geralmente conhecido como toxicidade ao alumínio (Goedert, et al., 1997).

O alumínio (Al) é o metal mais abundante na crosta terrestre, compreendendo 7% de sua massa, onde ocorre, principalmente, sob a forma de óxidos e hidróxidos ou como parte dos minerais de argila. A maior parte do Al no solo está associada a compostos orgânicos e inorgânicos e, também, ocorre em outras formas não fitotóxicas, como aluminossilicatos e precipitados. Não obstante, o teor de Al na solução do solo é aumentado por baixos valores de pH e, nesse caso, passa a constituir um dos principais fatores limitantes da produção da maioria das culturas em solos ácidos (Delhaize & Ryan, 1995).

Segundo Kinraide (1991), parte da dificuldade para o estudo dos efeitos do alumínio nas plantas pode ser atribuída à complexidade química deste elemento, o qual existe sob diferentes formas na solução do solo. As formas fitotóxicas do Al

identificadas incluem as formas livres ou mononucleares de Al^{+3} , as polinucleadas e complexos de baixo peso molecular.

Em soluções ácidas ($\text{pH} < 5,0$) a forma predominante é a Al^{+3} . Com aumentos de pH esta forma sofre perdas sucessivas de prótons para formar hidróxidos ($\text{Al}(\text{OH})^{2+}$) e óxidos de alumínio ($\text{Al}(\text{OH})_2^+$). Com valores de pH próximos à neutralidade ocorre a fase sólida, denominada de gibbsita $\text{Al}(\text{OH})_3$; entretanto, em condições alcalinas a forma predominante é o íon aluminato $\text{Al}(\text{OH})_4^-$ (Kochian, 1995). Algumas espécies polinucleadas muito tóxicas, identificadas como Al_{13} , são obtidas quando soluções de Al são parcialmente neutralizadas com uma base forte, porém se conhece pouco sobre a sua ocorrência natural e a sua contribuição à toxicidade do solo (Parker & Bertsch, 1992).

Muitas formas monoméricas do íon Al^{+3} reagem formando complexos com vários compostos orgânicos e inorgânicos tais como PO_4^{3-} , SO_4^{2-} e F^- e, também, com ácidos orgânicos, proteínas e lipídios. Estas reações, em estado de equilíbrio, têm sido usadas para prever a concentração relativa das formas monoméricas e outros compostos do Al em solução (Kinraide, 1991). Este mesmo autor reportou que, em diferentes estudos, observou-se que a fração trocável do alumínio, composta principalmente pelas formas monoméricas, não foi um bom indicador da toxidez do Al no solo, sendo que, esforços para correlacionar algumas variáveis em plantas (comprimento da raiz, produtividade e peso seco) com componentes da solução do solo foram, freqüentemente, impedidos pela complexidade química do Al e variabilidade dos solos.

Estudos em solos ácidos realizados por Pavan (1983), indicaram que o alumínio não trocável e a matéria orgânica dos solos foram altamente correlacionados e que a neutralização do alumínio pela calagem foi dependente do teor de matéria orgânica, sendo o alumínio trocável neutralizado rapidamente e o alumínio não trocável, o qual é constituído pelo alumínio complexado na matéria orgânica, neutralizado mais lentamente. Entretanto, a capacidade de troca de cátions foi associada com o aumento do pH e do teor de matéria orgânica presente no solo, sendo que a maior proporção foi dependente do pH. Também, Figueiredo & Almeida (1991) baseados na análise de

amostras de vinte e seis solos ácidos concluíram que a quantidade de matéria orgânica foi a propriedade que apresentou a melhor correlação com as diversas formas de alumínio no solo ($r = 0,94$); a calagem promoveu a neutralização rápida do alumínio trocável e as formas não trocáveis tiveram um decréscimo mais lento e não foram eliminadas nos níveis mais altos de calagem.

Alguns pesquisadores têm considerado a existência de interação entre o Al e a membrana das células da raiz (Grauer & Horst, 1992; Kinraide et al., 1992). Por exemplo, Kinraide et al. (1992) estudando a interação entre o Al^{+3} e o potencial da superfície negativa sobre a membrana, notaram que o crescimento da raiz estava mais estreitamente correlacionado com a predição da atividade do Al^{+3} na superfície da membrana plasmática do que com a atividade do Al^{+3} na solução do solo na zona radicular, sugerindo que esta interação determinará em última instância o grau de estresse ao alumínio.

Em geral, diversos fatores afetando a toxicidez do Al têm sido identificados, tais como: a concentração do Al, o pH, a temperatura e a concentração de sais, principalmente Ca e Mg. O excesso de Al reduz a absorção de certos elementos e incrementa a absorção de outros e, também, influi no transporte e assimilação de elementos essenciais incluindo Cu, Zn, Ca, Mg, K, P e Fe. Segundo Roy et al. (1988) o padrão de resposta é dependente do elemento, da parte da planta e da espécie envolvida. O fator que mais influi é o pH, pois em condições de pH inferiores a 5,5 o antagonismo entre o Ca e o Al é provavelmente o fator mais relevante, afetando a absorção de Ca pelas plantas.

2.2. Efeito do alumínio e do pH sobre o milho

A produtividade do milho em países desenvolvidos é de, aproximadamente, $6,2 \text{ t ha}^{-1}$, comparado com $2,2 \text{ t ha}^{-1}$ em países em desenvolvimento (Pandey & Gardner, 1992). Um dos principais argumentos para explicar esta diferença é que 80% do milho, nos países em desenvolvimento, é cultivado em solos tropicais de baixa fertilidade, sendo a acidez do solo a principal causa para esta baixa fertilidade e especialmente, a

presença de níveis tóxicos de alumínio solúvel. Em solos com $\text{pH} < 5,6$ as produtividades de milho são menores, já que estes solos estão associados freqüentemente com níveis tóxicos de Al, Mn e deficiências de Ca, Mg, P e Mo (Aldrich et al., 1975).

Roy et al. (1988) apresentaram uma revisão detalhada dos aspectos mais relevantes da toxicidade do alumínio nas plantas, incluindo o milho. No caso de efeitos fisiológicos e bioquímicos, os autores relataram que, em geral, o excesso de alumínio interfere na divisão das raízes terminais e laterais no ponto de crescimento, aumenta a rigidez nas paredes da célula através de enlaces de pectina, influi na replicação do DNA devido ao seu efeito em aumentar a rigidez da dupla hélice, fixa o fósforo em formas menos disponíveis no solo e superfície das raízes, diminui a respiração das raízes, e interfere nas enzimas que controlam a fosforilação do açúcar e acumulação de polissacarídeos nas paredes da célula. Quanto aos efeitos sobre a morfologia nas plantas, incluem sintomas de deficiências de P e Ca nas folhas, raízes quebradiças com aparência coralina e com poucas ramificações ao nível de raízes laterais. As pontas das raízes laterais são grossas e de coloração parda e ineficientes na absorção de nutrientes e água, mesmo com umidade disponível no solo.

Nas plantas de milho os sintomas de toxicidade do alumínio apresentam-se nas folhas e raízes. Nas folhas a toxidez do alumínio é caracterizada por sintomas semelhantes aos de deficiência de fósforo ou cálcio. Esta semelhança se deve à diminuição da solubilidade destes elementos em presença do alumínio, afetando sua disponibilidade para as plantas. Nas raízes, ocorre crescimento reduzido em decorrência da inibição da divisão celular, do engrossamento e de poucas ramificações limitando o volume de solo explorado, e refletindo negativamente na absorção de nutrientes e água (Foy & Brown, 1964; Foy, 1976).

É muito comum encontrar na literatura que a inibição do crescimento da raiz pelo alumínio é o resultado da redução na divisão celular. Clark (1977) considerou que um dos mais distinguíveis sintomas à toxidez de alumínio é a acentuada redução no crescimento das raízes de plantas de milho. Essa característica tem sido de muita utilidade nos estudos utilizando-se soluções nutritivas ou potes com solo, com

diferentes níveis de alumínio, para diferenciar genótipos tolerantes e sensíveis. Assim, Stockmeyer et al. (1978), mostraram que a seleção para tolerância ao alumínio mensurada através do comprimento da raiz primária em linhagens de milho é efetiva.

Furlani & Hanna (1984) detectaram diferenças entre sete cultivares de milho, mensurando o crescimento da raiz seminal primária e secundária, em estudos em solução nutritiva com diferentes níveis de saturação de alumínio. Os resultados obtidos mostraram que a técnica da solução nutritiva pode ser empregada na discriminação inicial entre cultivares tolerantes e sensíveis ao excesso de alumínio.

Magnavaca (1982) utilizando a técnica da solução nutritiva, mostrou que o CRRS (comprimento final da raiz seminal dividido pelo comprimento inicial da raiz seminal) foi o melhor parâmetro para avaliar quantitativamente genótipos de milho tolerantes ao alumínio. Pandey & Gardner (1992) também consideraram que os índices comprimento relativo da raiz seminal e a proporção dos comprimentos inicial e final da raiz seminal foram os melhores indicadores da tolerância ao alumínio entre linhagens de milho, particularmente em altas concentrações de alumínio. Por outro lado, Magnavaca & Bahia Filho (1995) apresentaram metodologias para a seleção em condições de campo e em solução nutritiva com diferentes níveis de alumínio. Mostraram que o balanço entre níveis de fósforo e alumínio em solução e no solo é importante para uma adequada discriminação entre genótipos de milho tolerantes e sensíveis ao alumínio.

Resultados experimentais de uma série de ensaios realizados por Urrea et al. (1996) utilizando a técnica de solução nutritiva, potes com solo ácido e avaliação no campo, indicaram que o peso fresco da raiz, o comprimento total e uma avaliação visual, permitiram uma melhor separação entre genótipos de milho tolerantes e sensíveis ao alumínio, encontrando correlações significativas ($\approx 0,55$) entre estas variáveis e a produtividade.

A eficiência no uso de nutrientes, principalmente fósforo, tem sido uma característica amplamente associada à tolerância das plantas a níveis tóxicos de alumínio no solo. Foy e Brown (1964) realizaram uma série de ensaios, obtendo alta associação entre o decréscimo da solubilidade de fósforo em solução nutritiva e a reduzida absorção do fósforo em diferentes espécies de plantas, incluindo o milho.

Além disso, mostraram alta associação entre tolerância ao alumínio e capacidade das plantas para absorver fósforo em altas concentrações de alumínio no meio de crescimento.

O crescimento, absorção e acúmulo de elementos minerais são alterados nas plantas que se desenvolvem em meio contendo alumínio em níveis elevados. Respostas diferenciais nestes fatores em linhagens de milho foram detectadas. Por exemplo, linhagens mais eficientes para absorver fósforo são mais tolerantes à toxicidade pelo alumínio, e linhagens eficientes na absorção de fósforo e Mg, apresentam maior tolerância ao alumínio que linhagens ineficientes na absorção de Mg (Clark & Brown, 1974; Clark, 1975). Entretanto, Silva (1979) ressaltou que o alumínio no solo se combina com nutrientes como fósforo (P), potássio (K), nitrogênio (N), cálcio (Ca) e magnésio (Mg), causando a precipitação ou a redução da solubilidade dos mesmos, interferindo na sua disponibilidade

Experimentos realizados por Clark (1977) para avaliar os conteúdos e concentrações de P, K, Ca, Mg, Zn e Mn, em linhagens tolerantes e sensíveis de milho, com vários níveis de alumínio, indicaram que as concentrações e conteúdos de Mg tiveram um decréscimo maior que de outros elementos em todas as linhagens com adição de alumínio. Portanto, o Mg teve um pronunciado efeito sobre o crescimento das raízes e pode ser um importante agente responsável na sensibilidade das plantas ao alumínio.

Para solucionar o problema da acidez do solo, a aplicação de calcário tem sido a principal alternativa utilizada. Através da calagem, procura-se corrigir o pH do solo elevando-o para um valor onde os efeitos tóxicos do alumínio sejam eliminados ou que o solo tenha uma saturação adequada de bases trocáveis, principalmente Ca e Mg, as quais agem com função protetora das raízes dos efeitos tóxicos do alumínio. Em trabalhos realizados por Rhue & Grogan (1977) verificou-se que acréscimos na concentração de cálcio decresceram a severidade da toxidez do alumínio nas raízes de nove linhagens de milho, além disso, o cátion Mg foi mais efetivo que o Ca em proteger as raízes. Uma ampla variação na tolerância ao alumínio foi observada através da

variação da concentração do Ca, indicando a possibilidade de se usar esta técnica para avaliação de espécies, onde um conhecimento do intervalo de tolerância seria desejável.

2.3. Variabilidade genética para tolerância à toxidez de alumínio em milho

Em milho, assim como em muitas outras espécies, diferenças genéticas para tolerância ao alumínio têm sido demonstradas por diferentes pesquisadores. Bahia Filho et al. (1978) avaliaram em condições de alta acidez (55% de saturação de Al) 363 linhagens e em condições de acidez média (30% de saturação de Al) 175 populações não melhoradas e 20 populações melhoradas de diversas origens. Os resultados obtidos mostraram a existência de variabilidade genética, principalmente, em altos valores de saturação de alumínio, e a possibilidade de se obter material com potencial produtivo para essas condições. Tendo em vista as diferenças verificadas entre populações, é possível que, através da seleção recorrente nas selecionadas, se obtenha material adaptado às condições de solos ácidos.

Estudos de variabilidade genética da tolerância do milho a solos ácidos, têm usado diferentes técnicas para diferenciar genótipos tolerantes e sensíveis como: avaliação direta no campo sob diferentes níveis de saturação de alumínio (35% a 75% de saturação de Al), em potes contendo solo ácido e avaliações em soluções nutritivas. Esta última é muito usada em etapas iniciais de seleção para diferenciar genótipos.

A técnica de solução nutritiva é considerada útil para avaliar efeitos isolados do alumínio na planta, em contraste com as avaliações em campo, onde um complexo de fatores relacionados à disponibilidade de nutrientes e de água, como também efeitos do clima, podem interferir com a resposta da planta ao estresse do alumínio (Bahia Filho et al., 1997).

A maioria dos estudos sobre tolerância à toxidez do alumínio em milho envolvem os efeitos sobre o desenvolvimento da raiz em solução nutritiva. Num estudo com 11 linhagens do Brasil e 17 dos Estados Unidos, verificou-se que as primeiras foram mais tolerantes ao alumínio, apresentaram maior quantidade de raízes seminais e adventícias e com maior comprimento (Magnavaca et al., 1987c). O índice de

comprimento relativo da raiz seminal e a proporção entre o comprimento final e o comprimento inicial da raiz seminal, foram os melhores indicadores da tolerância ao alumínio, especialmente em altas concentrações.

Furlani et al. (1986) avaliaram em solução nutritiva 39 linhagens, 98 cultivares comerciais, 167 progênies S_1 da população IAC-Mayo e 466 progênies S_1 da população IAC-Taiuba de milho quanto à tolerância ao alumínio (4,5 mg de $Al\ l^{-1}$). Usaram os índices ICR (índice de comprimento da radícula) e CLR (comprimento líquido da radícula). O índice ICR foi estimado através da multiplicação dos índices CRR (comprimento relativo da radícula = CR_{+Al} / CR_{-Al}) e CRRSML (comprimento relativo da raiz secundária mais longa = $CRSML_{+Al} / CRSML_{-Al}$), e o índice CLR foi estimado pela diferença entre os valores do CR (comprimento da radícula), obtidos no início e no fim do período de crescimento das plantas em presença de alumínio. Os resultados mostraram que os índices CR, ICR e CLR, foram eficientes na identificação de materiais de milho tolerantes ao Al em solução nutritiva e, também, a ocorrência de ampla variabilidade genética para tolerância ao alumínio.

Lopes et al. (1987) avaliaram 13 populações de milho em dois níveis de alumínio (0 e 222 μmol de $Al\ l^{-1}$). Os resultados obtidos indicaram que a percentagem de crescimento relativo da raiz seminal (CRRS) discriminou materiais tolerantes e não tolerantes. Entretanto, variáveis como peso de matéria seca da parte aérea (MSPA) e do sistema radicular (MSSR) foram ineficientes para este fim.

Magnavaca et al. (1987a) mostraram que a seleção para produtividade diminuiu o comprimento da raiz na população "Composto Amplo". Apesar dos progressos obtidos em avaliações de campo, os ciclos não mostraram aumentos no comprimento da raiz em solução nutritiva. Kassim et al. (1990) avaliaram 50 variedades de milho no campo, observando variação genética para tolerância ao alumínio. A produtividade média das populações selecionadas, como medida da tolerância ao alumínio, não apresentou correlação com as respostas em solução nutritiva. Porém, a correlação foi alta para níveis altos de estresse de alumínio.

Usando a técnica de potes com solo, Lutz Jr. et al. (1971) avaliaram a variação para a tolerância a solos ácidos de oito linhagens e um híbrido de milho,

considerando o solo sem calcáreo ($\text{pH} = 3,9$) e o mesmo solo ajustado a diferentes valores de pH através da aplicação de calcáreo. Os resultados mostraram diferenças altamente significativas entre os genótipos considerados e diferenças significativas para a interação genótipos x valores de pH . Contudo, as magnitudes das diferenças dos genótipos para altura de planta e produção de matéria seca foram menores com valores altos de pH .

Diferentes estudos (Granados et al., 1993; Duque-Vargas et al., 1994) indicam que a tolerância a solos ácidos pode ser melhorada via seleção recorrente, visando melhorar a produção de grãos e outras características agronômicas. A efetividade da seleção recorrente tem sido indicada por Magnavaca et al. (1987a) os quais relatam progressos na população “Composto Amplo” após quatro ciclos de seleção sob condições de solos ácidos (45 % de saturação de Al), usando progênies de meios irmãos. No entanto, os resultados da seleção em campo não se correlacionaram com o aumento no comprimento da raiz em solução nutritiva.

Lima et al. (1992) obtiveram uma alteração média de 5,2 cm (26,10%) no comprimento da radícula após dois ciclos de seleção para tolerância ao alumínio na população de milho IAC-Taiúba em solução nutritiva contendo 4,5 mg de Al l^{-1} . Os incrementos médios dessa seleção em condições de solos ácidos foram de 1,17 t ha^{-1} (15,1%) para produção de grãos, de 0,10 m (5,6%) para altura de planta e de 0,03 m (3,6%) para altura de espiga.

Granados et al. (1993) reportaram ganhos para produtividade sob condições de solos ácidos de 1,99 % por ciclo, após 14 ciclos de seleção na população SA3, usando uma versão modificada do método espiga por fileira, e um ganho acumulado de 13,99% após dois ciclos de seleção usando progênies de irmãos germanos nesta mesma população.

Ceballos et al. (1995) avaliaram ciclos de seleção recorrente de cinco populações tropicais de milho. Usaram cinco ambientes com solos ácidos, dois com solos não ácidos e dois com solos de baixa fertilidade e obtiveram ganhos, na média dos ambientes, de 4,72% por ciclo. Além disso, as correlações positivas obtidas entre esses

ambientes, embora pequenas, sugerem a possibilidade do desenvolvimento de cultivares de bom desempenho tanto para solos ácidos como para solos não ácidos e férteis.

2.4. Herança da tolerância a solos ácidos em milho

A herança da tolerância do milho a solos ácidos tem sido estudada por vários pesquisadores, utilizando diferentes técnicas para a indução e avaliação da toxidez ao Al. Rhue et al. (1978) avaliaram diversas gerações de cruzamentos entre linhagens tolerantes e sensíveis ao alumínio, em solução contendo 250 μmol de Al l^{-1} e diferentes concentrações de Ca. Os resultados mostraram segregações de plantas tolerantes e sensíveis na proporção 3:1 para gerações F_2 e de 1:1 para retrocruzamentos, concluindo que a tolerância à acidez é controlada por um loco simples de efeito dominante.

Garcia et al. (1979) estudaram as gerações F_1 , F_2 e retrocruzamentos entre três linhagens tolerantes e duas sensíveis, as quais foram plantadas em vasos com areia e regadas com solução nutritiva, contendo 0 e 270 μmol de Al l^{-1} de solução. Sete dias após a germinação, mediram o comprimento da raiz para determinar o seu comprimento relativo (comprimento final/comprimento no início do experimento). De acordo com os resultados, os híbridos e seus retrocruzamentos com as linhagens parentais tolerantes foram relativamente tolerantes. Entretanto, os retrocruzamentos com as linhagens sensíveis apresentaram uma segregação 1:1, e na geração F_2 foi observada uma distribuição bimodal com uma segregação 3:1. Os pesquisadores concluíram que a tolerância ao Al em milho é controlada por um gene simples dominante com possíveis alterações por modificadores.

Silva (1979) avaliou o efeito do alumínio sobre o comprimento radicular nas gerações F_1 , F_2 e retrocruzamentos derivados de linhagens de milho tolerantes e sensíveis ao alumínio. As linhagens sensíveis tiveram seus comprimentos radiculares reduzidos em cerca de 50%, e os retrocruzamentos com os parentais tolerantes foram também tolerantes ao alumínio. A distribuição da frequência da geração F_2 apresentou-se bimodal com aproximadamente 25% de plantas sensíveis e 75% de plantas tolerantes.

Os autores concluíram que a tolerância ao alumínio é condicionada por apenas um gene dominante, cujo efeito pode ser levemente alterado por modificadores.

Em outro estudo, Magnavaca et al. (1987b), avaliaram em solução nutritiva o comprimento relativo da raiz seminal nas gerações F_1 , F_2 , RC_1 e RC_2 derivadas de linhagens de milho tolerantes e sensíveis ao AL. A análise de gerações, indicou que os efeitos genéticos aditivos explicaram a maior parte da variação genética para a tolerância ao Al. Os efeitos de dominância foram significativos, exceto em um dos grupos estudados, e os efeitos epistáticos não foram significativos. A variação entre plantas da geração F_2 mostrou que a distribuição de frequências foi contínua, unimodal e típica para um caráter de herança quantitativa, com uma tendência geral da sensibilidade ser dominante sobre a tolerância.

Sawazaki & Furlani (1987) estudaram a genética da tolerância ao Al em milho na raça “Cateto”. Foram avaliadas duas linhagens e as gerações F_1 , F_2 e RC’s em solução nutritiva, contendo 4,5 ppm de $Al\ l^{-1}$. O caráter avaliando foi crescimento líquido da radícula (CLR= crescimento final menos crescimento inicial da radícula). Os resultados mostraram uma distribuição de frequência da geração F_2 contínua e unimodal. De acordo com esses autores, a tolerância ao Al deve-se, principalmente, à ação de genes menores com efeitos gênicos aditivos.

Para obter informação sobre a importância dos efeitos gênicos aditivos, dominantes e epistáticos, Ceballos et al. (1998) avaliaram as gerações F_1 , F_2 , F_3 , RC’s e os RC’s autofecundados originadas de cruzamentos entre linhagens de milho tolerantes e sensíveis ao alumínio, extraídas de três populações do CIMMYT que foram submetidas à seleção divergente para a reação a solos ácidos. As avaliações foram realizadas em solos ácidos e não ácidos. Os resultados mostraram que a epistasia não foi importante como fonte de variação nos ambientes com solos ácidos, porém teve maior importância quando comparada aos solos não ácidos. Os efeitos dominantes explicaram a maior parte da variação genética para tolerância ao alumínio, com uma contribuição de 80% em relação à variação total observada entre médias de gerações nos grupos estudados.

Galvão e Silva (1978) estudaram a herança da tolerância a Al na variedade de milho Piranão. Avaliaram em casa de vegetação 144 progênies, obtidas de acordo com o delineamento I de Comstock e Robinson, utilizando solo com baixo teor de fósforo (3,52 ppm) e alto teor de Al (49% de saturação). Os resultados para peso seco da parte aérea e peso seco das raízes indicaram que, da variabilidade genética presente, a variância dominante ($VD=1,318\pm0,187$ e $VD=1,676\pm0,40$, respectivamente) foi muito maior que a variância aditiva ($VA= 0,134\pm0,983$ e $VA= -0,071\pm0,071$, respectivamente). A herdabilidade de médias de progênies para peso seco da parte aérea foi de 84,49% no sentido amplo e de 28,78% no sentido restrito; a herdabilidade de médias de progênies para peso de raízes foi 75,77% no sentido amplo e 0% (zero) no sentido restrito, sendo este último valor devido à estimativa negativa para a VA.

Duque-Vargas et al. (1994) também utilizaram o delineamento I para estudar a herança da tolerância aos solos ácidos na população de milho tropical SA3. Avaliaram 256 progênies de irmãos germanos em solo fértil e em três ambientes com solos ácidos. Nos três ambientes de solos ácidos, a variância aditiva (VA) foi maior que a variância de dominância (VD) para produtividade (0,15 vs 0,13), maior que a VD para altura de planta (47,5 vs 6,83) e espigas por planta (0,01 vs 0,00), e menor que VD para dias para o florescimento feminino (1,26 vs 2,98). A herdabilidade de médias de progênies foi $36,3\% \pm 19,9\%$ para rendimento, $30,9\% \pm 19,8\%$ para dias para o florescimento feminino, $51,5\% \pm 19,3\%$ para altura de planta e $40,5\% \pm 19,8\%$, número de espigas por planta.

Borrero et al. (1995) estimaram variâncias genéticas na população tropical SA4, tolerante a solos ácidos, utilizando o delineamento II de Comstock e Robinson. As avaliações foram realizadas em ensaios com duas repetições em solos normais e com quatro repetições em solos ácidos. Em solos ácidos, a VD foi significativamente maior que a VA para rendimento (0,22 vs 0,09) e para dias para o florescimento feminino (2,33 vs 1,35), e menor para a altura da espiga (23,93 vs 37,48), número de espigas por planta (0,0013 e 0,0018) e podridão da espiga (4,86 vs 13,68). Estimativas de herdabilidades de médias de progênies sob condições de solos ácidos foram de $0,39 \pm 0,14$ para rendimento, $0,43 \pm 0,14$ para dias para o florescimento, $0,66$

$\pm 0,13$ para altura de espiga, $0,47 \pm 0,14$ para número de espigas por planta e $0,48 \pm 0,14$ para podridão da espiga.

O tipo de variância envolvida na tolerância ao Al também tem sido obtida pela magnitude dos efeitos da capacidade geral e específica de combinação a partir de cruzamentos dialélicos entre linhagens ou populações de milho. Lopes et al. (1987) avaliaram duas populações tolerantes (CMS30 e CMS36), três populações sensíveis (CMS04, CMS13 e CMS14), seus cruzamentos F_1 , assim como seus recíprocos, em solução nutritiva ($222 \mu\text{mol de Al l}^{-1}$). Os resultados obtidos indicaram que a percentagem do crescimento relativo da raiz seminal discriminou materiais tolerantes de não tolerantes. No entanto, variáveis como peso de matéria seca da parte aérea e do sistema radicular foram ineficientes na discriminação. Além disso, o parâmetro capacidade geral de combinação foi o de maior magnitude mostrando a importância dos efeitos aditivos, não apresentando efeitos recíprocos significativos, o que indica ausência de herança citoplasmática na tolerância ao Al.

Eleutério et al. (1988) avaliando as mesmas populações e cruzamentos utilizados por Lopes et al. (1987), sob condições de solos ácidos do Cerrado do Brasil, encontraram que o quadrado médio da capacidade geral de combinação para produção de grãos, não diferiu daquele da capacidade específica, mostrando que os efeitos aditivos e dominantes foram importantes na expressão deste caráter.

Pandey et al. (1994) trabalhando com oito populações tropicais tolerantes e não tolerantes a solos ácidos, avaliadas em sete ambientes de solos ácidos, indicaram que a capacidade geral de combinação foi altamente significativa para todas as características, explicando 89% da variação em cruzamentos para produtividade. A capacidade específica de combinação foi menor, porém significativa. Os resultados mostraram a importância dos efeitos aditivos e, em menor escala, dos efeitos de dominância na herança da tolerância a solos ácidos.

Lima et al. (1995) reportaram desempenhos de cruzamentos dialélicos de linhagens endogâmicas de milho (cinco tolerantes e três sensíveis ao alumínio) em solução nutritiva e em condições de campo. No caso de solução nutritiva, os resultados sugeriram a existência de alta variabilidade genética para comprimento de radícula. Os

efeitos aditivos e não aditivos foram importantes na expressão desta variável sendo a contribuição dos efeitos aditivos relativamente superior aos demais efeitos. Para as avaliações de campo, os resultados obtidos indicaram uma maior importância dos efeitos gênicos aditivos para altura de planta e espiga e dos efeitos gênicos dominantes para a produção de grãos.

Em outro estudo, Salazar et al. (1997) avaliaram os cruzamentos dialélicos entre oito populações (CMS36, ETO branco, Tuxpeño Seleção seca e cinco populações do CIMMYT) e seus cruzamentos F_1 , em cinco ambientes com solos ácidos. Os resultados obtidos também indicaram a importância dos efeitos gênicos aditivos e não aditivos na tolerância do milho a solos ácidos, tendo-se uma maior importância relativa dos efeitos de dominância para a produção de grãos que outras características estudadas como dias para o florescimento feminino, altura de espiga e espigas por planta.

2.5. Análise de médias de gerações

2.5.1. Metodologias de análises

Nos estudos genéticos utilizando-se diversas gerações têm sido adotadas duas linhas básicas de investigação. A primeira relacionada com a quantificação da magnitude e natureza da variabilidade genética disponível na população segregante, e a segunda relacionada com a avaliação da importância relativa dos efeitos gênicos, que constituem as médias das populações estudadas (Cruz & Regazzi, 1997). Para obter-se estimativas da magnitude dos diferentes tipos de efeitos gênicos, usa-se como material experimental diferentes gerações de populações, usualmente, de cruzamentos biparentais.

Vários modelos têm sido apresentados para a análise de médias de gerações (Anderson & Kempthorne, 1954; Jinks & Jones, 1958; Hayman, 1958, 1960; Gamble, 1962a; Eberhart & Gardner, 1966; Mather e Jinks, 1971; Moreno-Gonzalez & Dudley, 1981). Anderson & Kempthorne (1954) apresentaram um modelo fatorial para

o desenvolvimento de um modelo genético para a análise de médias de gerações. Mostraram que toda a informação relativa aos efeitos aditivos, dominantes e epistáticos digênicos disponível nas médias de gerações obtidas de duas linhagens endogâmicas, está contida em seis parâmetros: K_2 , E, F, G, L e M, onde K_2 representa os efeitos médios, E e F representam os efeitos não epistáticos e, G, L e M representam os efeitos epistáticos. Porém, alguns destes parâmetros não são de fácil interpretação devido aos efeitos gênicos acumulados nos parâmetros.

Hayman (1958, 1960) descreveu parâmetros relacionados aos de Anderson & Kempthorne e, usando análise de médias de gerações, propôs um modelo que permite a estimação de efeitos genéticos aditivos, dominantes e de interações digênicas aditivo x aditivo, aditivo x dominante e dominante x dominante para o cruzamento entre duas linhagens. Mather e Jinks (1971) descreveram um modelo similar ao modelo apresentado por Hayman, porém usando como população de referência a geração F_α , que se refere àquela formada pelas linhagens endogâmicas derivadas do cruzamento de duas linhagens, ao invés da geração F_2 , a qual é a população de referência no modelo de Hayman.

Conforme Mather e Jinks (1971), considerando dois genitores P_1 e P_2 , de genótipos AABB e aabb, respectivamente, e suas gerações derivadas (F_1 , F_2 , RC_1 e RC_2), podem-se expressar suas médias, excluindo os erros experimentais, por meio dos seguintes componentes genéticos:

• Parentais P_1 e P_2 :

Admitindo-se que o P_1 acumula maiores quantidades de alelos favoráveis e o P_2 concentra menor quantidade de alelos favoráveis, o valor esperado é:

$$\bar{P}_1 = m + a_A + a_B + a_A a_B$$

$$\bar{P}_2 = m - a_A - a_B + a_A a_B$$

Para η locos tem-se:

$$\bar{P}_1 = m + a + aa$$

$$\bar{P}_2 = m - a + aa$$

em que:

m : parâmetro que expressa a média dos homozigotos que se encontram entre os vários genótipos de uma população,

a_A : valor genotípico do genótipo AA,

a_B : valor genotípico do genótipo BB,

$a_A a_B$: efeito resultante da interação gênica inter-alélica,

$a = a_A + a_B = \sum_i a_i$ (para η locos);

$aa = a_A a_B = \sum_i \sum_{i < j} a_i a_j$ (para η locos).

• Geração F_1 :

A geração F_1 , obtida de cruzamentos entre genitores homozigóticos e contrastantes, apresenta-se em heterozigose e, portanto, sua média genotípica esperada é dada por:

$$\bar{F}_1 = m + d_A + d_B + d_A d_B$$

$$\bar{F}_1 = m + d + dd$$

em que:

m : mesma definição apresentada anteriormente,

d_A : valor genotípico do genótipo Aa,

d_B : valor genotípico do genótipo Bb,

$d_A d_B$: efeito resultante da interação gênica inter-alélica,

$d = d_A + d_B = \sum_i d_i$ (para η locos);

$dd = d_A d_B = \sum_i \sum_{i < j} d_i d_j$ (para η locos).

• F_2 e RC's:

Utilizando-se um raciocínio semelhante, pode-se obter os componentes genéticos das médias para os retrocruzamentos envolvendo ambos os genitores e para

qualquer geração derivada da autofecundação da F_1 . Para as gerações F_2 e RC_1 ($F_1 \times P_1$) e RC_2 ($F_1 \times P_2$) têm-se os seguintes componentes genéticos das médias para η locos:

$$\bar{F}_2 = m + \frac{1}{2}d + \frac{1}{4}dd$$

$$\overline{RC}_1 = m + \frac{1}{2}a + \frac{1}{2}d + \frac{1}{2}aa + \frac{1}{2}ad + \frac{1}{4}dd$$

$$\overline{RC}_2 = m - \frac{1}{2}da + \frac{1}{2}d + \frac{1}{2}aa - \frac{1}{2}ad + \frac{1}{4}dd$$

em que:

m , a , d , aa , e dd , já definidos e

$$ad = da = a_A d_B + d_A a_B = \sum_{i < j} a_i d_j$$

Para a estimação dos diferentes efeitos gênicos, o sistema de equações antes descrito pode ser representado na forma matricial $Y = X\beta + \varepsilon$, em que:

$$Y = \begin{pmatrix} \bar{P}_1 \\ \bar{P}_2 \\ \bar{F}_1 \\ \bar{F}_2 \\ \overline{RC}_1 \\ \overline{RC}_2 \end{pmatrix}, \quad X = \begin{pmatrix} 1 & 1 & 0 & 1 & 0 & 0 \\ 1 & -1 & 0 & 1 & 0 & 0 \\ 1 & 0 & 1 & 0 & 0 & 1 \\ 1 & 0 & 1/2 & 0 & 0 & 1/4 \\ 1 & 1/2 & 1/2 & 1/4 & 1/4 & 1/4 \\ 1 & -1/2 & 1/2 & 1/4 & -1/4 & 1/4 \end{pmatrix}, \quad \beta = \begin{pmatrix} m \\ a \\ d \\ aa \\ ad \\ dd \end{pmatrix} \quad e \quad \varepsilon = \begin{pmatrix} e_1 \\ e_2 \\ e_3 \\ e_4 \\ e_5 \\ e_6 \end{pmatrix}$$

em que:

Y : vetor de médias de gerações,

X : matriz de coeficientes, de acordo com o componente genético que expressa a média, de cada geração considerada na análise,

β : vetor de efeitos gênicos,

ε : vetor de erros associados as médias.

A solução deste sistema de equações pelo método dos quadrados mínimos permite obter as seguintes expressões gerais de estimação de parâmetros, usando-se de médias de gerações, ou seja:

$$\hat{m} = \frac{1}{2} \bar{P}_1 + \frac{1}{2} \bar{P}_2 + 4\bar{F}_2 - 2\overline{RC}_1 - 2\overline{RC}_2$$

$$\hat{a} = \frac{1}{2} \bar{P}_1 - \frac{1}{2} \bar{P}_2$$

$$\hat{d} = -\frac{3}{2} \bar{P}_1 - \frac{3}{2} \bar{P}_2 - \bar{F}_1 - 8\bar{F}_2 + 6\overline{RC}_1 + 6\overline{RC}_2$$

$$\hat{aa} = -4\bar{F}_2 + 2\overline{RC}_1 + 2\overline{RC}_2$$

$$\hat{ad} = -\bar{P}_1 + \bar{P}_2 + 2\overline{RC}_1 - 2\overline{RC}_2$$

$$\hat{dd} = \bar{P}_1 + \bar{P}_2 + 2\bar{F}_1 + 4\bar{F}_2 - 4\overline{RC}_1 - 4\overline{RC}_2$$

Portanto, essas equações permitem estimar a magnitude de diferentes efeitos gênicos envolvidos na expressão do caráter em estudo. Também, cabe salientar, que a formulação de fenótipos médios apresentada em termos de m, a, d, aa, ad e dd pode ser estendida para qualquer tipo de geração produzida pelas infinitas combinações de sistemas de acasalamento entre descendentes do cruzamento inicial (Mather e Jinks, 1971).

A avaliação das diferentes gerações normalmente é feita em experimentos com repetições em vários ambientes. Também é desejável destinar um maior número de parcelas ou plantas para as gerações segregantes, tais como F_2 , F_3 e RC, a fim de garantir uma população suficiente para a ocorrência dos genótipos resultantes das recombinações genéticas. Além disso, deve-se considerar o nível de endogamia das diferentes gerações e incluir linhas de bordadura para minimizar os efeitos de competição entre parcelas adjacentes (Hallauer & Miranda Filho, 1988).

No que diz respeito à análise genética de médias de gerações, o primeiro passo é considerar o modelo incluindo a média (m), os efeitos aditivos (a) e os efeitos dominantes (d), e avaliar a adequação do ajuste. Se os quadrados dos desvios entre valores observados e valores esperados para cada geração são significativos, isto indica que os três parâmetros estimados não são suficientes para explicar a variação entre gerações (Hayman, 1958). Hallauer & Miranda (1988) indicam que o melhor procedimento é ajustar sequencialmente os modelos iniciando-se com a média e adicionando um termo a cada ajuste sucessivo. Em cada modelo testa-se o quadrado médio residual e se determina se é necessário agregar mais parâmetros para explicar a variação entre gerações.

Diferentes procedimentos são usados para testar a adequação do ajuste dos modelos na análise genética de médias de gerações. Mather (1971) formulou um procedimento conhecido como teste de escala, o qual pode ser elaborado quando se dispõe de observações sobre diferentes tipos de gerações e podem-se estabelecer diferentes relações entre elas.

Cavalli¹ (1952), citado por Mather e Jinks (1971), apresentou um procedimento geral conhecido como teste de escala conjunta. A metodologia é simplesmente uma análise dos quadrados mínimos ponderados, regressão linear múltipla, com pesos que são os recíprocos dos erros padrões das médias das gerações. A razão principal para a ponderação é a redução do erro nas médias das gerações segregantes, ocasionado pelo número diferente de plantas avaliados nas diversas gerações. Outra razão refere-se ao que Hayman (1958) chama de efeito de geração, observado em algodão e milho, o qual poderia ocorrer devido às diferenças entre gerações homozigóticas e heterozigóticas ou entre gerações segregantes e não segregantes.

Row & Alexander (1980) apresentam um procedimento de computação para estimação de parâmetros genéticos em testes de escala conjunta mais geral, de fácil uso e com aplicação a modelos genéticos mais complexos.

Hayman (1960) discutiu algumas limitações da análise de médias de gerações, quando o modelo inclui efeitos epistáticos. Na ausência de epistasia, as

¹Cavalli, L. L. An analysis of linkage in quantitative inheritance. Quantitative Inheritance (Ed. Reeve and Waddington), 1952. pp. 135-144.

estimativas dos efeitos aditivos e dominantes são importantes e não são afetados pelo desequilíbrio de ligação. Contrariamente, se a epistasia está presente, as estimativas dos efeitos aditivos e dominantes estarão afetados por esta e pelo o desequilíbrio de ligação, se presente e, portanto, não podem ser interpretados devido aos efeitos aditivos e dominantes estarem confundidos com alguns efeitos epistáticos. As estimativas de efeitos epistáticos digênicos são afetadas pela ligação entre locos que interagem e por existência de efeitos epistáticos de maior ordem.

2.5.2. Exemplos de análises

A análise de médias de gerações tem sido usada tanto em espécies autóгамas quanto alógamas, no estudo da herança e na estimação de efeitos gênicos envolvidos na expressão de diferentes caracteres. Em milho, diversos trabalhos foram reportados em que são analisados a produtividade e outros caracteres agrônômicos e, também, respostas a estresses bióticos e abióticos. Gamble (1962a, 1962b) utilizou médias de gerações, obtidas do cruzamento de seis linhagens endogâmicas de milho para estimar os efeitos gênicos para produção de grãos e caracteres de planta e espiga. Os resultados obtidos mostraram que as estimativas de efeitos gênicos dominantes foram mais importantes para produtividade que os efeitos gênicos aditivos. Os efeitos epistáticos foram superiores aos efeitos aditivos, com maior contribuição dos efeitos aditivo x aditivo e aditivo x dominante. Para altura de planta e componentes da produção (número de grãos por fileira, comprimento de espiga, diâmetro de espiga e peso de cem sementes) os efeitos médios apresentaram estimativas maiores que os demais efeitos, e os efeitos gênicos dominantes foram mais importantes que efeitos aditivos e epistáticos. Dentre os efeitos epistáticos, os tipos aditivo x dominante e dominante x dominante foram mais importantes que aditivo x aditivo.

Darrah & Hallauer (1972) estimaram efeitos gênicos em quatro tipos de linhagens de milho: linhagens de primeiro ciclo, selecionadas de variedades de polinização livre; linhagens de segundo ciclo, isoladas de pedigree planejado ou de variedades sintéticas; linhagens de bom desempenho *per se* e linhagens de mau

desempenho *per se*. As análises das médias de gerações para os caracteres produção de grãos, florescimento feminino, altura de planta e espiga, número de grãos por espiga, comprimento e diâmetro de espiga e peso de 300 sementes, indicaram que para a maioria dos caracteres avaliados, os efeitos dominantes foram de maior magnitude que os efeitos aditivos. As linhagens de segundo ciclo mostraram maiores efeitos epistáticos que o grupo de linhagens de primeiro ciclo. A análise de correlação para a produção de grãos observada e esperada, considerando o modelo aditivo dominante e modelo completo, mostrou que o modelo sem os efeitos epistáticos foi suficiente para descrever a variação nesse grupo de cruzamentos.

Estudos de herança para várias características de qualidade do colmo, como percentagem de senescência, resistência ao esmagamento e espessura da casca, em seis linhagens de milho e suas gerações F_1 's, F_2 's, RC's, mostraram que os efeitos aditivos foram mais importantes na expressão destas características que os efeitos não aditivos (Arnold & Josephson, 1975).

Pereira et al. (1989) avaliando os cruzamentos e gerações derivadas de seis linhagens com diferentes padrões de tolerância à podridão do colmo causada pelo fungo *Colletotrichum graminicola*, reportaram que os efeitos aditivos foram os de maior importância para a maioria dos cruzamentos avaliados. Concluíram que a importância relativa dos efeitos aditivos e dominantes depende do cruzamento particular, embora ambos os efeitos são importantes fontes de variação para o caráter estudado. Em estudo posterior, (Jung et al., 1994), em cruzamentos de linhagens tolerantes e sensíveis à podridão do colmo causada por *Colletotrichum graminicola* e suas gerações derivadas, reportaram que os efeitos aditivos e de epistasia do tipo aditivo x dominante apresentaram estimativas significativas e de maior magnitude que os outros tipos de efeitos.

Bernardo et al. (1992) utilizaram a análise de médias de gerações para determinar a importância relativa dos efeitos aditivos, dominantes e epistáticos no controle da resistência a "head smut" em milho causada pelo fungo *Sphacelotheca reiliana*. Os efeitos aditivos explicaram 97% da variação entre as gerações de A632 x A188 e 88% da variação entre LH74 x LMZ66. Em ambos os cruzamentos, as

magnitudes dos efeitos dominantes e epistáticos foram menores quando comparados aos efeitos aditivos.

Em estudos de herança da podridão da espiga de milho utilizando-se linhagens tolerantes e suscetíveis e diferentes gerações derivadas de seus cruzamentos, Campbell & White (1995) reportaram que os efeitos gênicos aditivos e dominantes contribuíram significativamente na expressão da resistência à podridão da espiga causada pelo fungo *Aspergillus flavus*. Para resistência a *Fusarium graminearum* (*Giberella zea*), Chung et al. (1996) verificaram que tanto os efeitos aditivos quanto os dominantes e de interação dominante x dominante contribuíram para a variação genética entre as médias das gerações, sendo que 68% desta variação foi devida aos efeitos aditivos.

Nankam & Pataky (1996) avaliaram a resistência à infecção do grão pelo fungo *Fusarium moniliforme* na linhagem de milho doce IL125b (resistente), nas linhagens Ia2256b e IL783a (suscetíveis) e suas gerações F₁, F₂, F₃ e RC's. Os resultados obtidos mostraram que os efeitos aditivos e dominantes contribuíram significativamente para a variação entre as médias das gerações, com uma variação contínua e altamente inclinada em direção ao parental resistente. Para resistência ao fungo da podridão da espiga por *Stenocarpella macrospora*, Olatinwo et al. (1999) reportaram que os efeitos gênicos dominantes e epistáticos do tipo dominante x dominante foram de maior magnitude quando comparados com os efeitos aditivos.

Estudos da tolerância à seca em milho têm focado alguns aspectos relacionados com a produção de ácido abscísico (ABA) como um mecanismo de controle ao estresse hídrico. Ivanovic et al. (1992) avaliaram a herança da produção de ABA em folhas de milho em resposta ao rápido estresse por seca. No cruzamento LI55 x B432, o conteúdo de ABA foi medido em folhas destacadas de plantas jovens, crescendo em ambiente controlado, em que foram submetidas por várias horas a estresse por seca. Já no cruzamento Polj x F2, o conteúdo de ABA foi medido em folhas de plantas crescendo no campo por ocasião do florescimento. A análise das gerações mostraram que os efeitos aditivos e efeitos epistáticos aditivo x dominante foram importantes para os dois cruzamentos, sendo os efeitos dominantes pouco significativos

para LI55 x B432 e negativos para Polj x F2. Além disso, as interações em ambos os cruzamentos foram devidas ao efeito duplicado de genes. Para este mesmo caráter Sanguineti et al. (1996) relatam a presença de efeitos gênicos aditivos, dominantes e de interação digênica.

McConnell & Gardner (1979) estudaram a herança da tolerância ao frio entre linhagens tolerantes e suscetíveis de milho. As análises das gerações indicaram que para a percentagem de germinação no laboratório a 7,2 °C, os efeitos aditivos dominantes e epistáticos contribuíram significativamente para a variação observada. O vigor de plântula ou crescimento, após emergência no campo, foi condicionada principalmente por efeitos aditivos e dominantes. Para produtividade os efeitos aditivos e dominantes explicaram a maior parte da variação, sendo os efeitos epistáticos importantes em cruzamentos específicos.

Moreno-Gonzalez & Dudley (1981) avaliaram as gerações P₁, P₂, F₁, F₄, F₃S₁, RC's e F₂S₂, obtidas dos cruzamentos de seis linhagens de milho relacionadas e não relacionadas. A análise das médias das gerações mostraram que os efeitos de dominância foram os mais importantes para os caracteres produtividade, altura de planta e espiga, comprimento e diâmetro de espiga e área foliar. No caso dos efeitos epistáticos, estes foram significativos em alguns cruzamentos.

Frank & Hallauer (1997) usaram a análise de médias de gerações para avaliar a importância dos efeitos gênicos na penetrância e expressividade do caráter espigas gêmeas em milho. Os resultados obtidos mostraram que a formação de brotos para espigas gêmeas foi recessivo em relação à formação de brotos para uma só espiga. Efeitos aditivos e dominantes foram adequados para explicar a variação na penetrância, contribuindo em média com 95% da variação total. Para expressividade, os efeitos aditivos foram significativos em todos os cruzamentos considerados, com os efeitos dominantes variando em importância de acordo com o tipo de cruzamento.

3. MATERIAL E MÉTODOS

3.1. Material genético

3.1.1. Descrição e origem das linhagens

Foram utilizadas oito linhagens S₆ de milho, desenvolvidas pelo Programa Regional Sul-Americano de Milho do Centro Internacional de Melhoramento de Milho e Trigo (CIMMYT) na Colômbia. Estas linhagens apresentam diferentes graus de resposta a solos ácidos (Tabela 1) e diferentes níveis de parentesco (Figura 1).

Tabela 1 - Descrição das linhagens de milho.

Linhagem	Genealogia	Origem	Reação à toxidez por Al
L1	SA4HC7-1-5-1-3-4-7-BB	PM96A31-66	Tolerante
L2	SA4HC7-1-4-1-2-1-7-BB	PM96A31-14	Tolerante
L3	SA4HC7-1-4-1-2-5-2-BB	PM96A31-21	Sensível
L4	SA4HC7-1-4-1-2-10-5-BB	PM96A31-28	Sensível
L5	SA4HC7-1-5-1-3-7-5-BB	PM96A31-70	Moderadamente. Tolerante
L6	SA5HC1-1-3-9-2-1-3-BB	PM96A31-98	Moderadamente. Tolerante
L7	SA4HC7-1-5-1-3-7-3-BB	PM96A31-68	Moderadamente. Sensível
L8	SA4HC7-1-4-1-1-1-1-BB	PM96A31-1	Moderadamente. Sensível

Figura 1 - Relação genética entre as linhagens de milho.

Grupo	Linhagem	Genealogia	Relação genética	
G1	L1	SA4HC7-1-5-1-3-4-7-B	Isoladas na quinta geração de ⊗	Isoladas na quarta geração de ⊗
	L5	SA4HC7-1-5-1-3-7-5-B		
	L7	SA4HC7-1-5-1-3-7-3-B		
G2	L2	SA4HC7-1-4-1-2-1-7-B	Isoladas na quarta geração de ⊗	Isoladas na segunda geração de ⊗
	L3	SA4HC7-1-4-1-2-5-2-B		
	L4	SA4HC7-1-4-1-2-10-5-B		
	L8	SA4HC7-1-4-1-1-1-1-B	Isoladas na terceira geração de ⊗	
G3	L6	S54HC1-1-3-9-2-1-3-B	Heterótica com a população SA4	

As linhagens S₆, foram selecionadas de um grupo de 110 linhagens provenientes das populações SA4 (72 linhagens) e SA5 (38 linhagens) do CIMMYT. Essas linhagens foram avaliadas em condições de solos ácidos na Colômbia durante 1995, com níveis variáveis de saturação de alumínio (55 e 45%) e 10 ppm de fósforo, nos seguintes locais: Villavicencio (Llanos Orientales) e Santander de Quilichao (Departamento de Cauca). As variáveis avaliadas foram: produtividade (kg ha⁻¹) e qualificação visual da tolerância, numa escala de 1 a 5, sendo 1 tolerante e 5 sensível.

A população SA4 (Sul-América 4), tem grãos amarelos dentados e foi desenvolvida através do inter cruzamento das seguintes populações: Mezcla Amarilla Tropical, Amarillo Dentado, Amarillo Cristalino 1, SA3 (população tolerante a solos ácidos), Cogollero e Suwan - La Posta, do CIMMYT, CMS 30 do Brasil e MB 123 da Colômbia. A população SA5 (Sul-América 5), tem grãos amarelos duros e foi desenvolvida através do inter cruzamento das seguintes populações: Mezcla Amarilla, Amarillo Dentado, Amarillo Cristalino, SA3 (tolerante a solos ácidos), Cogollero e Amarilla cristalina 2 do CIMMYT e CMS-36 do Brasil. As populações SA4 e SA5

apresentam valores elevados de heterose em seu cruzamento (Pandey et al., 1994; Salazar et al., 1997).

3.1.2. Obtenção das gerações

No segundo semestre de 1996, na Estação Experimental do CIAT-CIMMYT em Cáli-Colômbia, as linhagens foram cruzadas em um sistema dialélico para a obtenção dos F_1 's. A seguir os F_1 's foram autofecundados para obtenção dos F_2 's. Simultaneamente, foram gerados os retrocruzamentos dos F_1 's com seus respectivos parentais (RC_1 , RC_2). Foram obtidos 120 tratamentos, que correspondem a 8 parentais, 28 F_1 's, 28 F_2 's e 56 RC's.

3.2. Métodos

3.2.1. Execução experimental

Os 120 tratamentos obtidos (8 parentais, 28 F_1 's, 28 F_2 's e 56 RC's), foram avaliados seguindo o delineamento experimental de blocos completos casualizados com três repetições por local. Cada tipo de geração foi mantida separada e casualizada independentemente com o objetivo de evitar problemas de competição entre as gerações. Os experimentos foram avaliados nos anos agrícolas 1997/98 e 1998/99, em seis ambientes localizados no Brasil e na Colômbia, quatro dos quais em solos ácidos (SA) e dois em solos férteis (SF).

Os ambientes com solo ácido foram: Villavicencio e Santander de Quilichao, na Colômbia; e Centro de Pesquisa de Milho e Sorgo (CNPMS), em Sete Lagoas, Minas Gerais, Brasil. Estes ambientes apresentam níveis tóxicos de saturação de alumínio variando de 45 a 55 %. Em condições de solos férteis foram instalados dois experimentos no Centro Internacional de Agricultura Tropical (CIAT), Palmira-Valle, Colômbia. As características dos ambientes de avaliação estão apresentadas na Tabela 2.

Tabela 2 – Características dos ambientes de avaliação

Ambiente	Lat.	Long.	Altitude m	pH	P Ppm	Al. % Sat.
Villavicencio 97B ¹ (VV1)	4° 06' N	73° 29' W	400	4,5	8,0	55
Villavicencio 98B ¹ (VV2)	4° 06' N	73° 29' W	400	4,8	8,5	55
S. Quilichao 97B ¹ (SQ)	3° 06' N	76° 30' W	1052	4,5	9,0	52
Sete lagoas 99A ¹ (SL)	19° 27' S	44° 14' W	716	4,8	4,0	45
Palmira 97B ² (PAL1)	3° 30' N	76° 19' W	965	6,6	> 60	< 1
Palmira 98B ² (PAL2)	3° 30' N	76° 19' W	965	6,6	> 60	< 1

¹ Solo ácido, ² Solo Fértil

Em solos ácidos as parcelas foram constituídas por linhas de 2,50 m de comprimento, com espaçamento de 0,50 m entre plantas e 0,75 m entre linhas. Em solos férteis as parcelas foram constituídas por linhas de 5,50 m de comprimento com o mesmo espaçamento utilizado em solos ácidos. Dependendo da uniformidade genética das gerações as parcelas variaram no número de linhas. Em ambientes com SA, para as gerações parentais, F₁'s e RC's, as parcelas foram formadas por duas linhas com um área efetiva de 3,75 m², e para as gerações F₂'s por quatro linhas, sendo a área efetiva de 7,50 m². Em SF, para as gerações parentais, F₁'s, e RC's as parcelas foram formadas por uma linha, sendo a área efetiva de 4,125 m² e para as gerações F₂'s duas linhas para um área efetiva de 8,25 m².

Na semeadura foram colocadas 15 ou 33 sementes por linha e 15 dias após a germinação foi efetuado o desbaste para duas plantas por cova, procurando-se manter em solos ácidos um estande de 20 plantas por parcela para as gerações parentais, F₁'s e RC's, e 40 plantas por parcela para as gerações F₂'s; e em solos férteis um estande de 22 plantas para as gerações parentais, F₁'s e RC's e 44 plantas para as gerações F₂'s. A densidade populacional foi aproximadamente de 53.333 plantas por hectare.

Em de ambientes com SA foi realizada uma aplicação de calcário para manter os níveis de saturação de alumínio entre 45 e 55%. As adubações de plantio e cobertura foram realizadas de acordo com cada ambiente. O controle de insetos e plantas daninhas foram os normalmente usados para a cultura. A semeadura e colheita foram realizadas manualmente.

Os caracteres avaliados e a forma de avaliação foram:

Florescimento feminino (FF): número de dias do plantio até o estágio em que cerca de 50% das plantas da parcela tinham estigmas visíveis (dias/planta),

Altura de planta (AP): média da altura de cinco plantas competitivas, medidas do nível do solo à inserção da folha bandeira (cm/planta),

Altura de espiga (AE): média da altura de cinco plantas, medidas do nível do solo à inserção da primeira espiga (cm/planta),

Estande (ES): número de plantas por parcela no momento da colheita,

Peso de espigas (PE): peso das espigas despalhadas, expresso em quilogramas por parcela (Kg/par),

Número de espigas por parcela (NE): é o número total de espigas dentro de cada parcela (NE/planta),

Percentagem de umidade de grão (PU): medido em amostra de 100 gramas de grãos com determinador de umidade (U%) e

Número de espigas por planta (EP): calculado dividindo-se o número de espigas pelo número total de plantas por parcela (NE/planta).

O caráter produção de grãos (PG) foi determinado assumindo que 80% do peso de espigas refere-se ao peso de grãos. A produção por hectare foi corrigida para 15% de umidade e para toneladas por hectare mediante a seguinte fórmula:

$$PGC = PG \times [(100 - PU)/85] \times (10/AEP)$$

em que:

PGC : Produção de grãos corrigido para 15% de umidade em toneladas por hectare,

PG : Peso de grãos assumindo que 80% do peso das espigas referem-se ao peso de grãos,

(100 - PU) : coeficiente de percentagem de matéria seca.

85 : coeficiente para correção de umidade a 15%,

(10 / AEP) : fator de correção para transformar kg/parcela em t/ha e

AEP : área efetiva da parcela.

Para o caráter produção de grãos foram feitas correções para o estande médio, utilizando-se o método de correção por covariância descrito por Steel & Torrie (1960).

3.2.2. Análises estatístico - genética

3.2.2.1. Análises de variâncias

3.2.2.1.1. Análises de variâncias individuais

As análises de variâncias para cada ambiente foram realizadas segundo o delineamento utilizado. Analisaram-se cinco caracteres: produção de grãos, florescimento feminino, altura de planta e espiga e número de espigas por planta. O seguinte modelo matemático foi utilizado:

$$Y_{ij} = \mu + t_i + r_j + e_{ij}$$

em que:

Y_{ij} : média do tratamento i na repetição j;

μ : média geral do experimento, $E(\mu) = \mu$ e $E(\mu)^2 = \mu^2$;

- t_i : efeito do tratamento i ($i = 1, 2, \dots, 120$), $E(t_i) = t_i$ e $E(t_i)^2 = t_i^2$;
 r_j : efeito da repetição j ($j = 1, 2, 3$), $E(r_j) = 0$ e $E(r_j)^2 = \sigma_r^2$;
 e_{ij} : erro experimental associado à parcela i dentro da repetição j , $e_{ij} \cap N(0, \sigma^2)$, isto é, $E(e_{ij}) = 0$ e $E(e_{ij})^2 = \sigma_e^2$.

A soma de quadrados (SQ) de tratamentos foi desdobrada em SQ parentais, SQ F₁'s, SQ F₂'s, SQ RC's e SQ entre gerações.

3.2.2.1.2. Análises de variâncias conjuntas

As análises de variâncias conjuntas foram realizadas para cada variável considerando ambientes de solos ácidos, solos férteis e todos os ambientes. Empregou-se o seguinte modelo matemático para a análise conjunta:

$$Y_{ijl} = \mu + t_i + r_{j(l)} + a_l + (ta)_{il} + e_{ijl}$$

em que:

- Y_{ijl} : é a média do tratamento i , na repetição j , no ambiente l ;
 μ : média geral do experimento, $E(\mu) = \mu$ e $E(\mu)^2 = \mu^2$;
 t_i : efeito do tratamento i ($i = 1, 2, 3, \dots, 120$), $E(t_i) = t_i$ e $E(t_i)^2 = t_i^2$;
 $r_{j(l)}$: efeito da repetição j ($j = 1, 2, 3$) dentro do ambiente l , $E(r_{j(l)}) = 0$ e $E(r_{j(l)})^2 = \sigma_r^2$;
 a_l : efeito do ambiente l ($l = 1, 2, 3, \dots, 6$), $E(a_l) = 0$ e $E(a_l)^2 = \sigma_a^2$;
 $(ta)_{il}$: efeito da interação entre tratamento i e ambiente l , $E[(ta)_{il}] = 0$ e $E[(ta)_{il}]^2 = \sigma_{ta}^2$;
 e_{ijl} : erro efetivo associado ao tratamento i , na repetição j , para o ambiente l ; $e_{ijl} \cap N(0, \sigma_e^2)$, isto é: $E(e_{ijl}) = 0$ e $E(e_{ijl})^2 = \sigma_e^2$.

O esquema da análise conjunta de variância com a decomposição da soma de quadrados para tratamentos de acordo com as gerações consideradas encontram-se na Tabela 3.

Tabela 3 - Esquema da análise de variância conjunta para o delineamento em blocos completos casualizados com a decomposição da SQ de tratamentos e respectivas esperanças dos quadrados médios [E(QM)].

FV	GL	QM	E(QM)	F
Ambientes (A)	$A - 1^{\dagger}$	QM ₁	-	QM ₁ /QM ₂
Repetições/ Ambientes	$A(R - 1)^{\dagger}$	QM ₂	-	
Tratamentos (T)	$T - 1 = 119$	QM ₃	$\sigma_e^2 + r\sigma_{ta}^2 + ra\phi_t^{\ddagger}$	QM ₃ /QM ₉
Parentais	7	QM ₄	$\sigma_e^2 + r\sigma_{par. \times a}^2 + ra\phi_{par.}$	QM ₄ /QM ₁₀
F1's	27	QM ₅	$\sigma_e^2 + r\sigma_{F1's \times a}^2 + ra\phi_{F1's}$	QM ₅ /QM ₁₁
F2's	27	QM ₆	$\sigma_e^2 + r\sigma_{F2's \times a}^2 + ra\phi_{F2's}$	QM ₆ /QM ₁₂
RC's	55	QM ₇	$\sigma_e^2 + r\sigma_{RC's \times a}^2 + ra\phi_{RC's}$	QM ₇ /QM ₁₃
Entre Gerações (EG)	3	QM ₈	$\sigma_e^2 + r\sigma_{EG \times a}^2 + ra\phi_{EG}$	QM ₈ /QM ₁₄
A x T	$(A - 1)(119)$	QM ₉	$\sigma_e^2 + r\sigma_{ta}^2$	QM ₉ /QM ₁₅
A x Parentais	$(A - 1)(7)$	QM ₁₀	$\sigma_e^2 + r\sigma_{par. \times a}^2$	QM ₁₀ /QM ₁₅
A x F1's	$(A - 1)(27)$	QM ₁₁	$\sigma_e^2 + r\sigma_{F1's \times a}^2$	QM ₁₁ /QM ₁₅
A x F2's	$(A - 1)(27)$	QM ₁₂	$\sigma_e^2 + r\sigma_{F2's \times a}^2$	QM ₁₂ /QM ₁₅
A x RC's	$(A - 1)(55)$	QM ₁₃	$\sigma_e^2 + r\sigma_{RC's \times a}^2$	QM ₁₃ /QM ₁₅
A x E G	$(A - 1)(3)$	QM ₁₄	$\sigma_e^2 + r\sigma_{EG \times a}^2$	QM ₁₄ /QM ₁₅
Erro	$A(R - 1)(T - 1)^{\dagger}$	QM ₁₅	σ_e^2	

[†] Os graus de liberdade para ambientes (A) são 4 para solos ácidos, 2 para solos férteis

[‡] $\phi_t = \sum t_i^2 / (t-1)$.

3.2.2.2. Estimativas dos efeitos gênicos

Os resultados obtidos nas avaliações foram submetidos à análise genética-estatística utilizando-se da metodologia de Mather e Jinks (1971). Esta metodologia permite estimar os efeitos gênicos utilizando-se das médias das gerações avaliadas.

O modelo completo (Hayman, 1960; Mather e Jinks, 1984) para uma média observada na k-ésima geração, incluindo todos os efeitos, de acordo com a notação de Gamble (1962), é:

$$g_k = m + (\alpha_k) a + (\delta_k) d + (\alpha_k^2) aa + (\alpha_k \delta_k) ad + (\delta_k^2) dd$$

em que:

g_k : média da k-ésima geração (média de i ambientes e r repetições),

m : média dos parentais homozigóticos ,

α_k, δ_k : coeficientes determinados pelo grau de parentesco da k-ésima geração,

a : efeitos gênicos aditivos,

d : efeitos gênicos dominantes,

aa : efeitos epistáticos do tipo aditivo x aditivo,

ad : efeitos epistáticos do tipo aditivo x dominante e

dd : efeitos epistáticos do tipo dominante x dominante.

A análise foi realizada de acordo com o método dos quadrados mínimos ponderados, onde as observações, acopladas ao modelo teórico, podem ser expressas na forma matricial:

$$Y = X\beta + e,$$

sendo:

Y : vetor de médias das observações,

X : matriz de coeficientes de efeitos gênicos,

β : vetor de parâmetros a serem estimados (m, a, d, aa, ad, dd) e

e : vetor de erros.

Para as análises, foram utilizadas as médias de repetições e ambientes das gerações de cada cruzamento para produção de grãos, florescimento feminino, altura de planta e altura de espiga e número de espigas por planta. As estimativas dos efeitos

aditivos, dominantes e epistáticos foram obtidas para cada cruzamento utilizando-se de análises de regressão mediante o procedimento de quadrados mínimos ponderados, cuja expressão é:

$$\hat{\beta} = (X'D^{-1}X)^{-1} X'D^{-1}Y$$

em que:

$\hat{\beta}$: vetor n x 1 de estimativas de feitos genéticos,

X : matriz n x p de coeficientes de efeitos genéticos, vide Tabela 4,

Y : vetor n x 1 de médias de gerações para um cruzamento particular,

D : matriz diagonal de ponderações,

X' : indica a transposta da matriz X e

X⁻¹ : indica a inversa da matriz X.

onde: n=p=6 referem-se ao número de gerações e parâmetros do modelo completo, respectivamente.

Os valores da matriz diagonal D de ponderação referem-se ao inverso das variâncias das médias de cada geração, as quais foram estimadas por (Arnold & Josephson, 1975):

$$\bar{V}_{g_i} = \text{QM interação } g_i \times \text{ambiente} / \text{RA}$$

em que: g_i refere-se a uma das gerações avaliadas, isto é, geração parental, uo F₁, F₂ ou RC; R e A referem-se ao número de repetições e ambientes, respectivamente.

Para a análise genética de médias de gerações, foi inicialmente considerado o modelo aditivo-dominante, e foram estimados os coeficientes de determinação e os valores de qui-quadrado (χ^2). A seguir, nos cruzamentos onde os dados se ajustaram a este modelo, foram obtidas as estimativas dos efeitos médios, aditivos e dominantes. Porém, quando o teste χ^2 foi significativo, os efeitos de interação

digênica foram sequencialmente adicionados para testar, após cada adição, o quadrado médio dos desvios e determinar a necessidade de se adicionar novos parâmetros. Assim, para os modelos que incluem efeitos de interação digênica, somente foram considerados aqueles componentes que apresentaram significância em suas estimativas.

Foram estimados os valores do coeficiente de determinação (R^2) para verificar a proporção da variação na variável dependente atribuível ao modelo através da seguinte expressão:

$$R^2 = SQM/SQT$$

em que:

SQM : $[\beta'X'D^{-1}Y - (\sum Y)^2/n]$ soma quadrados do modelo,

SQT : $[Y'D^{-1}Y - (\sum Y)^2/n]$ soma de quadrados totais corrigida,

Y : vetor de médias de tratamento,

Y' : transposta do vetor Y,

X' : transposta de matriz X,

D⁻¹ : matrix diagonal de ponderações e

β : vetor de parâmetros do modelo.

3.2.3.3.. Aplicação do teste “t”

A significância da hipótese de que cada parâmetro do modelo é nulo, isto é, $H_0 (\beta_i = 0)$, foi avaliada pelo teste “t” através da expressão:

$$t = \frac{\hat{\beta}_i}{S_i}$$

em que:

$\hat{\beta}$ = estimativa do efeito,

Tabela 4 – Matrix X de coeficientes das estimativas.

Gerações	Coeficientes de efeitos gênicos*					
	m	[a]	[d]	[aa]	[ad]	[dd]
P ₁	1	1	0	1	0	0
P ₂	1	-1	0	1	0	0
F ₁	1	0	1	0	0	1
F ₂	1	0	1/2	0	0	1/4
RC ₁	1	1/2	1/2	1/4	1/4	1/4
RC ₂	1	-1/2	1/2	1/4	-1/4	1/4

*m = média dos parentais, [a] = efeitos gênicos aditivos, [d] = efeitos gênicos dominantes, [aa] = efeitos gênicos epistáticos do tipo aditivo x aditivo, [ad] = efeitos gênicos epistáticos do tipo aditivos x dominantes, [dd] = efeitos gênicos epistáticos do tipo dominantes x dominantes.

S_i = erros padrões das estimativas dos efeito genéticos, obtidos como elementos da diagonal de $\mathbf{S}_i = [(\mathbf{X}'\mathbf{D}^{-1}\mathbf{X})^{-1}]^{1/2}$.

Os valores de heterose (%), manifestada nas F₁ para todos os caracteres, foram estimados em relação à média do genitor superior para cada um dos 28 cruzamentos avaliados. A expressão usada foi:

$$H_{\overline{PS}} = (\overline{F_1} - \overline{PS}) / \overline{PS} \times 100,$$

onde:

H_{PS} : heterose em relação à média do parental superior,

$\overline{F_1}$: média da geração F₁,

$\overline{PS}$: média do parental superior.

O teste “t” foi utilizado para avaliar a significância da heterose, cuja expressão é:

$$t = \frac{(\overline{F_1} - \overline{PS})}{\sqrt{\frac{2QMRC}{RA}}}$$

em que:

QMRC : Quadrado Médio do Resíduo Comum, associado às médias dos parentais e F_1 's, e foi estimado por:

QMRC = $[(GL \text{ parentais} \times QM_{(int. \text{ parentais} \times amb)}) + (GL F_1's \times QM_{(int F_1's \times amb)})] / (GL \text{ parentais} + GL F_1's)$, e R e A referem-se ao número de repetições e de ambientes, respectivamente.

4. RESULTADOS E DISCUSSÃO

4.1. Análise geral dos resultados

Os valores de pH, níveis de fósforo (P), percentagem de saturação de alumínio (Al) e as médias gerais para os caracteres produção de grãos (PG), florescimento feminino (FF), altura de planta (AP), altura de espiga (AP) e número de espigas por planta (NE), para cada ambiente avaliado, encontram-se na Tabela 5.

Nos ambientes com solos ácidos (SA), as percentagens de saturação de Al variaram de 45% em Sete Lagoas (SL) a 55% em Villavicencio (VV), o que possibilitou ambientes adequados de estresse de Al para avaliação do material experimental. Os níveis de P foram mantidos entre 8,0 ppm e 9,0 ppm, sendo necessária sua aplicação em SL e em VV.

A média de PG nos ambientes com SA foi inferior em 50,44% à obtida sob condições de solos férteis (SF) ($1,58 \text{ t ha}^{-1}$ vs $3,19 \text{ t ha}^{-1}$). Nos ambientes com SA na Colômbia, observou-se em Santander de Quilichao (SQ), que a média de PG foi superior em 52,16% à obtida em VV ($1,90 \text{ t ha}^{-1}$ vs $1,25 \text{ t ha}^{-1}$). Essa diferença se deve, provavelmente, às diferenças em percentagem de saturação de Al e níveis de P nesses ambientes. A média de PG, sob condições de SA, no Brasil foi 31,60% superior à obtida em ambientes com SA na Colômbia ($1,93 \text{ t ha}^{-1}$ vs $1,47 \text{ t ha}^{-1}$), não se observando diferença significativa entre a produção média de grãos entre SL e SQ ($1,93 \text{ t ha}^{-1}$ vs $1,90 \text{ t ha}^{-1}$). Vários estudos utilizando diferentes genótipos de milho reportam que a produção de grãos em SA foi inferior que a produção em SF (Gama et al., 1986; Duque-Vargas et al., 1994; Borrero et al., 1995; Ceballos et al., 1998; Caviedes et al., 1998).

Para o caráter florescimento feminino (FF) a média geral em ambientes com SA foi de 59,7 dias, variando de 55,2 dias em SL a 66,3 dias em SQ, e superior em 1,19% à obtida sob condições de SF (59,0 dias). A média de FF em SQ foi 12,44% superior (66,6 dias vs 59,0 dias) e em SL 6,44% inferior em relação à obtida em SF (55,2 dias vs 59,0 dias). Entretanto, nos ambientes com SA em VV a média para este caráter foi próxima à obtida em SF (58,7 dias vs 59,0 dias). Em geral, acréscimos significativos nos dias para o florescimento feminino, por efeito da acidez do solo, têm sido reportados por vários pesquisadores (Pandey et al., 1994; Duque-Vargas et al., 1994; Borrero et al., 1995; Caviedes, 1998), mas no presente estudo não se verificou acréscimos no número de dias para o FF em função da acidez do solo.

Nos ambientes com SA verificou-se uma redução de 25,84% na AP (127,1 cm vs 171,3 cm) e de 34,77% na AE (48,3 cm vs 74,1 cm), quando comparados aos ambientes com solos SF. Esses resultados, evidenciam o efeito marcante da acidez do solo na expressão fenotípica destes caracteres. Vários autores reportaram resultados semelhantes em avaliações realizadas sob condições de ambientes contrastantes (Duque-Vargas et al., 1994; Borrero et al., 1995; Ceballos et al., 1998; Caviedes, 1998).

Para o caráter número de espigas por planta (EP), o valor médio inferior foi obtido em SA na Colômbia (0,86 espigas/planta), variando de 0,83 espigas/planta em Villavicencio1 (VV1) a 0,90 espigas/planta em SQ; e o valor médio superior foi obtido em PAL (0,98 espigas/planta). A média de EP em ambientes com SA foi inferior em 9,18% à obtida em ambientes com SF (0,89 espigas/planta vs 0,98 espigas/planta), o que evidencia o efeito da acidez do solo na expressão fenotípica deste caráter. Esta observação tem sido verificada por vários pesquisadores utilizando diferentes materiais de milho avaliados sob as mesmas condições de ambientes contrastantes (Salazar et al., 1997; Ceballos et al. 1998; Caviedes, 1998).

No que se refere às linhagens parentais, as médias de PG em ambientes com SA foram baixas para L3, L4 e L8 (0,612 t ha⁻¹; 0,666 t ha⁻¹ e 0,586 t ha⁻¹, respectivamente), intermediárias para L2 (0,816 t ha⁻¹) e relativamente altas para as linhagens L1, L5, L7 e L6 (1,228 t ha⁻¹; 1,066 t ha⁻¹; 0,964 t ha⁻¹ e 0,928 t ha⁻¹, respectivamente) (Tabela 6). Em geral, verificou-se uma menor produtividade média em

Villavicencio 1 (VV1) e Villavicencio 2 (VV2), e uma maior produtividade média em SQ e SL, em que as produtividades médias foram muito similares ($1,125 \text{ t ha}^{-1}$ vs $1,046 \text{ t ha}^{-1}$, respectivamente). Em ambientes com SF, observou-se um bom desempenho das linhagens em Palmira 1 (PAL1), sendo a L7 a de maior produtividade média ($2,240 \text{ t ha}^{-1}$) e L4 a de menor produtividade média ($1,156 \text{ t ha}^{-1}$). As baixas produtividades médias obtidas em Palmira 2 (PAL2) deve-se à condições ambientais desfavoráveis que afetaram severamente a produção destas linhagens *per se*, sendo a produtividade média em PAL2, inferior em 27,51% à obtida em ambientes com SA.

No que diz respeito à origem genética das linhagens parentais, nota-se que sete das linhagens foram obtidas da população SA 4, derivadas de uma única progênie de irmãos germanos, apresentando diferentes níveis de parentesco (Figura 1). De acordo com esta Figura, observa-se que as sete linhagens estão aparentadas pela primeira geração de autofecundação, isto é, todas são derivadas de uma única progênie S_1 (SA4HC7-1). A seguir, foram derivadas desta progênie S_1 duas progênies S_2 (SA4HC7-1-4 e SA4HC7-1-5) que foram autofecundadas até a sexta geração, dando origem a dois grupos de linhagens. Assim, o grupo 1 (G1) apresenta três linhagens denominadas de L1, L5 e L7 aparentadas pela quarta geração de autofecundação. Estas três linhagens apresentaram as maiores produções médias nas avaliações em ambientes de SA, sendo, portanto, consideradas tolerantes. O grupo 2 (G2) apresenta três linhagens denominadas de L2, L3, L4 aparentadas pela quarta geração de autofecundação, sendo a L2 considerada moderadamente tolerante, e L3 e L4 consideradas sensíveis. Estas três linhagens estão aparentadas com a L8 pela terceira geração de autofecundação, sendo a L8 considerada sensível. A linhagem L6 foi extraída da população SA5 e considerada moderadamente tolerante. Para as populações SA4 e SA5, tem-se reportado valores de heterose acima do 15% em seu cruzamento (Pandey et al., 1994; Salazar et al., 1997).

Note-se que de uma única progênie de irmãos germanos foi possível de serem isoladas linhagens sensíveis, moderadamente tolerantes e tolerantes às condições de solos ácidos. Isso pode ser atribuído à variabilidade genética dentro dessa progênie e,

também, ao efeito da deriva genética que ocorre nos processos de autofecundações sucessivas (Falconer & Mackay, 1996).

4. 2. Análises de variâncias

4. 2. 1 Análises de variâncias por ambientes

Os resultados das análises de variâncias revelaram diferenças significativas ($P \leq 0,05$) e altamente significativas ($P \leq 0,01$) para os efeitos de tratamentos para todos os caracteres avaliados em todos os ambientes. Estes resultados eram esperados, já que nesta fonte de variação estão incluídas as diferenças entre todos os genótipos avaliados, que compreendem as linhagens parentais e suas gerações. Assim, para discriminar melhor as diferenças dos tratamentos, esta fonte de variação foi desdobrada de acordo com os diferentes tipos de gerações: parentais, F_1 's, F_2 's, RC's e entre gerações. (Tabelas 7 a 12).

Nesse contexto, para o efeito de parentais foram detectadas diferenças significativas ($P \leq 0,05$) e altamente significativas ($P \leq 0,01$) para a maioria dos caracteres avaliados, com exceção de produção de grãos em VV1, SL, PAL1 e PAL2; florescimento feminino em VV1 e PAL2, e número de espigas por planta em VV1. Para o efeito das gerações F_1 's, F_2 's, RC's e entre gerações, o teste F detectou alta significância ($P \leq 0,01$) para os caracteres PG, FF, AP e AE em todos os ambientes avaliados, o que permite inferir que há diferença entre as gerações avaliadas e dentro das gerações F_1 's, F_2 's e RC's. Estes resultados também evidenciam a existência de diferenças genéticas entre as linhagens parentais para os caracteres PG, FF, AP e AE, o que era esperado, uma vez que estas linhagens apresentam diferentes níveis de parentesco e níveis variáveis de resposta aos solos ácidos.

Para o caráter EP, detectou-se alta significância ($P \leq 0,01$) em SQ e significância ($P \leq 0,05$) em PAL2 entre os F_1 's. Para os F_2 's observaram-se diferenças altamente significativas ($P \leq 0,01$) só em VV1, e para o efeito de RC's o teste F

detectou diferenças altamente significativas ($P \leq 0,01$) em SQ, SL e PAL1 e significativas ($P \leq 0,05$) em PAL2. Quanto à comparação entre gerações, observou-se alta significância ($P \leq 0,01$) em todos os ambientes, exceto para PAL2. Esses resultados mostram que para EP as diferenças dentro dos grupos, representados pelas F_1 's, F_2 's, em alguns ambientes não foram de magnitude suficiente para ser detectada significância através do teste F, sugerindo baixa divergência genética entre as linhagens parentais para este caráter. Entretanto, para os RC's detectaram-se significâncias em quatro dos seis ambientes, o que permite inferir uma maior variação na expressão deste caráter entre os RC's nesses ambientes de magnitude suficiente para ser estatisticamente significativa.

Os coeficientes de variação experimental (CV's) para produção de grãos nos três ambientes com SA na Colômbia foram similares, variando de 20,42% a 20,94%, e próximos ao obtido em SL (19,31%). Em Palmira, estes foram mais baixos, variando de 13,92% em PAL1 a 17,61% em PAL2. No que diz respeito ao número de dias para o florescimento feminino os CV's foram baixos variando de 2,38% em PAL1 a 3,37% em PAL2. Para o caráter altura de planta os CV's variaram de 6,40% em PAL1 a 10,79% em SQ. Entretanto, para altura de espiga variaram de 13,09% em PAL2 a 18,62% em VV1. Para o número de espigas por planta, estes valores variaram de 9,69% em SQ a 14,60% em VV2.

Os valores dos CV's para as variáveis consideradas encontram-se dentro dos padrões citados por diferentes pesquisadores em avaliações sob as mesmas condições de SA e SF e em alguns casos mais baixos (Duque-Vargas et al., 1994; Borrero et al., 1995; Caviedes, 1998).

4. 2. 2. Análises de variâncias conjuntas

Foram consideradas três classes de análises conjuntas: (i) para os quatro ambientes com SA, (ii) para os dois ambientes de SF, e (iii) considerando todos os ambientes (SA + SF). Antes de se efetuar o agrupamento dos experimentos, realizou-se o teste de homogeneidade de variâncias nos experimentos considerados para as análises

conjuntas. Estudos de Box² (1954), reportado por Pimentel (1977), indicam que se todos os experimentos têm o mesmo número de parcelas, a análise de variância de grupo de experimentos pode-se realizar sem dificuldade, desde que o quociente entre o maior e menor quadrado médio do residuo das análises individuais não seja superior a 4 ou se o teste de homogeneidade de variâncias não for significativo. Nota-se que, dentre todos os caracteres avaliados em ambientes com SA, os valores deste quociente variaram de 1,88 para EP a 2,48 para PG. Em SF, estes valores variaram de 1,21 para EP a 2,10 para FF. Considerando-se as análises individuais em ambientes de SA e de SF, os quocientes variaram de 2,13 a 4,57, com apenas um dos valores um pouco superior a 4. Esses resultados permitiram que os análises conjuntas foram normalmente realizados.

A seguir, os resultados e as discussões das análises de variâncias conjuntas são apresentados para cada caráter avaliado. Os valores e significâncias dos quadrados médios (teste F) obtidos nas análises de variâncias conjuntas, as médias gerais e os CV's para os caracteres avaliado em ambientes de SA, SF e SA + SF; encontram-se apresentados nas Tabelas 13, 14 e 15, respectivamente.

4. 2. 2. 1. Produção de grãos (PG)

Os efeitos de ambientes para produção de grãos (PG) foram altamente significativos ($P \leq 0,01$) nas análises conjuntas em ambientes com SA, com SF e envolvendo os dois ambientes, o que indica que os materiais genéticos foram avaliados sob condições de ambientes distintos. A alta significância detectada entre ambientes com SA (Tabela 13) corrobora que os materiais genéticos foram realmente avaliados sob condições variáveis de solos ácidos, principalmente para os valores de pH, níveis de fósforo e a percentagem de saturação de alumínio. As médias para PG em ambientes com SA foram inferiores em 24,47%, 52,99%, 49,90% e 50,30% em relação à obtida em SF para parentais (0,858 t ha⁻¹ vs 1,136 t ha⁻¹), F₁'s (1,996 t ha⁻¹ vs 4,182 t ha⁻¹), F₂'s (1,515 t ha⁻¹ vs 3,024 t ha⁻¹) e RC's (1,524 t ha⁻¹ vs 3,071 t ha⁻¹), respectivamente. Estes resultados indicam que as diferentes gerações foram avaliadas em condições

²Box, G. E. P. Some theorems on quadratic forms applied in the study of analysis of variance problems. I. Ann. Math. Stat. v, 25: 290, p, 290-302.

contrastantes, e que ambientes com altos níveis de Al tóxico reduzem significativamente a produção de grãos no milho. Resultados similares tem sido reportados por vários autores em diferentes populações de milho e em condições contrastantes (Aguilar, 1986; Gama et al., 1986; Pandey et al., 1994, Caviedes, 1998).

Quanto ao efeito de tratamentos detectaram-se diferenças altamente significativas nas análises de variâncias conjuntas em SA, SF e SA+SF. Na decomposição desse efeito observaram-se diferenças altamente significativas para os parentais, F_1 's, F_2 's, RC's e entre gerações, exceto para parentais em SF, onde as diferenças foram não significativas. A significância observada para as gerações F_1 's, F_2 's, RC's evidencia a existência de diferenças genéticas dentro destas gerações. Isso também confirma que para o caráter PG as linhagens são divergentes, já que estas gerações foram derivadas dessas linhagens. Entretanto, a variabilidade dentro de cada tipo de geração dependerá das linhagens envolvidas em cada cruzamento e das gerações segregantes, uma vez que, estas linhagens apresentam diferentes níveis de parentesco e níveis variáveis de tolerância a solos ácidos.

Na descomposição da interação tratamentos x ambientes não foram detectadas diferenças significativas para a interação parentais x ambientes, o que indica que o comportamento médio das linhagens parentais foi constante nos três tipos de ambientes (SA, SF e SA+SF), isto é, mantiveram o comportamento relativo em todos os tipos de ambientes. Quanto as interações F_1 's x ambientes, F_2 's x ambientes, RC's x ambientes e entre gerações x ambientes detectaram-se diferenças altamente significativas ($P \leq 0,01$) em todo os grupos de ambientes, com exceção da interação entre gerações x ambientes em SA, onde estas diferenças foram significativas, e não significativas para a interação F_2 's x ambientes em SF. Esses resultados evidenciam o desempenho diferencial dos tipos de gerações nos diferentes grupos de ambientes avaliados, ou seja, haverá genótipos com desempenho superior em um ambiente mas não em outro, não mantendo o mesmo comportamento relativo em todo os tipos de ambientes. Entretanto a não significância para os F_2 's x ambientes em SF é um indicativo que o comportamento médio dos F_2 's foi constante nos dois ambientes de SF,

ou seja, os genótipos que foram superiores em um local, mantiveram esse padrão nos demais locais.

4. 2. 2. 2. Florescimento feminino (FF)

Nas análises conjuntas em SA, SF e SA + SF para o florescimento feminino (FF), observaram-se diferenças altamente significativas ($P \leq 0,01$) entre ambientes, tratamentos e para interação tratamentos x ambientes. No que diz respeito às médias de FF em ambientes de SA, estas foram similares para parentais (62,0 dias vs 62,1 dias), e superiores em 1,91%, 0,84% e 1,33% para F_1 's (58,6 dias vs 57,5 dias), F_2 's (59,7 dias vs 59,2 dias) e RC's (59,9 vs 59,1 dias), respectivamente, às obtidas em SF. As diferenças observadas para FF sugerem que as condições ambientais afetaram sua expressão fenotípica, sendo influenciada principalmente pela variação observada nos ambientes com solo ácido em SQ (66,3 dias) e SL (55 dias), com uma média geral em ambientes com SA de 59,7 dias. Estes resultados discordam com a tendência geral reportada na literatura, em que há um acréscimo significativo para o número de dias para o FF em ambientes com SA em relação a SF (Pandey et al., 1994; Salazar et al., 1997; Caviedes, 1998).

Quanto à decomposição da soma de quadrados para tratamentos detectaram-se diferenças altamente significativas ($P \leq 0,01$) para as gerações parentais, F_1 's, F_2 's, RC's e entre gerações nos três grupos de ambiente (SA, SF e SA+SF), sendo observada significância entre gerações em SA, e não significância para o efeito de parentais em SF. Estes resultados permitem inferir que há diferença dentro das diferentes gerações, o que também evidencia a existência de divergência genética entre as linhagens parentais para o caráter FF, que é expressada em suas gerações. Entretanto essas diferenças serão maiores ou menores de acordo com o nível de parentesco ou divergência genética das linhagens envolvidas na obtenção de cada geração.

Em relação aos efeitos de interação, para a interação F_2 's x ambientes o teste F não detectou diferenças significativas nas análises de variâncias conjuntas em SA, SF e SA+SF, evidenciando que as gerações F_2 's não apresentaram comportamento

diferencial nos diferentes ambientes para FF. As interações parentais x ambientes e F_1 's x ambientes também foram não significativas em SF, o que indica que estas gerações mantiveram o comportamento relativo nos ambientes com SF para FF. Para os demais efeitos de interação foram detectadas significâncias ($P \leq 0,05$ e $P \leq 0,01$), indicando respostas diferenciais em ambientes diferentes. As significâncias encontradas para as interações das diferentes gerações em ambientes de SA e SA+SF não era esperada, porque este caráter caracteriza-se por ter alta herdabilidade e é, consequentemente, pouco influenciado pelas condições ambientais. Estimativas de herdabilidade superiores a 43,1%, foram obtidas por Borrero et al. (1995) em estudos realizados na população SA4, com base em médias de progênes de meios irmãos avaliadas em ambientes de SA e SF.

4. 2. 2.3. Altura de planta e altura de espiga (AP e AE)

Diferenças altamente significativas ($P \leq 0,01$) para ambientes, foram detectadas para os caracteres AP e AE nas análises de variâncias conjuntas em SA, SF e SA+SF, o que indica que as diferentes gerações foram avaliadas sob condições ambientais distintas. Isso já era esperado, uma vez que os ambientes apresentam características bem diferentes quanto a tipo de solo e fertilidade. As médias para AP em ambientes de SA, foram inferiores em 22,8%, 27,70%, 26,05% e 25,09% às obtidas em SF para parentais, (107,7 cm vs 139,5 cm) F_1 's (138,1 cm vs 182,3 cm), F_2 's (126,9 cm vs 171,6 cm) e RC's (127,5 cm vs 170,2 cm), respectivamente. Para AE, as médias em SA foram inferiores em 32,03%, 37,47%, 34,32% e 34,06% às obtidas em SF para parentais (38,4 cm vs 56,5 cm), F_1 's (50,4 cm vs 80,6 cm), F_2 's (48,6 cm vs 74,0 cm) e RC's (48,4 cm vs 73,4 cm), respectivamente. Estes resultados evidenciam o efeito da acidez do solo, principalmente devido a presença de níveis tóxicos de Al, sobre a expressão fenotípica destes caracteres, observando-se um maior efeito sobre a AE.

Em relação a decomposição do efeito de tratamentos para o caráter AP, observaram-se diferenças altamente significativas ($P \leq 0,01$) para parentais, F_1 's, F_2 's, RC's e entre gerações nas análises da variâncias conjuntas em ambientes com SA, SF e

SA + SF, exceto para o efeito de parentais sob condições de SF onde detectou-se diferença significativa ($P \leq 0,05$). No caso de AE foram detectadas diferenças altamente significativas ($P \leq 0,01$) para parentais, F_1 's, F_2 's e RC's nas dois ambientes e envolvendo os dois ambientes, e diferenças significativas entre gerações ($P \leq 0,05$) em ambientes com SA e SF e altamente significativas ($P \leq 0,01$) em SA + SF. Estes resultados indicam a existência de diferenças genéticas entre as linhagens parentais para os caracteres AP e AE, e que essas diferenças são manifestadas em seus gerações.

Na decomposição da interação tratamentos x ambientes para os caracteres AP e AE em ambientes com SA e SF, não foram detectadas significâncias ($P \leq 0,01$) para as interações parentais x ambientes, F_1 's x ambientes, F_2 's x ambientes e RC's x ambientes, exceto para F_1 's x ambientes em SF, onde detectaram-se diferenças altamente significativas. Estes resultados indicam que o comportamento médio dos parentais, F_2 's e RC's foram constantes nos ambientes com SA e SF, ou seja, em média os genótipos de maior e menor expressão para os caracteres AP e AE em um determinado ambiente mantiveram o padrão de resposta nos demais ambientes, exceto para a geração F_1 em SF.

Também cabe salientar, que os efeitos de interação com os ambientes não significativos observados em SA e SF, para as diferentes gerações, com exceção da interação F_1 's x ambientes em SF, eram esperados em decorrência de que estes caracteres caracterizam-se por ter alta herdabilidade e, conseqüentemente, serem pouco influenciados pelas condições ambientais. Estimativas de herdabilidades para AP e AE superiores a 50% têm sido obtidas para populações de milho sob condições de SA (Duque-Vargas et al., 1994; Borrero et al., 1995).

Quanto à decomposição da interação tratamentos x ambientes para o caráter AP envolvendo os dois ambientes (SA + SF), observaram-se diferenças altamente significativas para as interações F_2 's x ambientes e entre gerações x ambientes, diferenças significativas para as interações parentais x ambientes e não significativas para a interação F_1 's x ambiente. Para o caráter AE detectaram-se diferenças altamente significativas para as interações F_1 's x ambientes, F_2 's x ambientes e entre gerações x ambientes, diferenças significativas para a interação RC's x

ambientes e diferenças não significativas para parentais x ambientes. Estes resultados indicam que houve mudanças significativas no desempenho dos diferentes tipos de gerações quando estão envolvidos os dois ambientes, sugerindo que os genótipos não mantêm seu padrão de resposta quando são considerados ambientes tão contrastantes.

4. 2. 2. 4. Número de espigas por planta (EP)

Os efeitos de ambientes para número de espigas por planta (EP) foram altamente significativos ($P \leq 0,01$) nos ambientes de SA e SA+SF, e significativos para ambientes com SF. Quanto às médias de EP em ambientes com SA, estas foram inferiores em 13,40%, 5,10%, 11,11% e 8,25% às obtidas sob condições de SF para parentais (0,88 espigas pl^{-1} vs 0,99 espigas pl^{-1}), F1's (0,93 espigas pl^{-1} vs 0,98 espigas pl^{-1}), F2's (0,88 espigas pl^{-1} vs 0,99 espigas pl^{-1}) e RC's (0,89 espigas pl^{-1} vs 0,97 espigas pl^{-1}). Estes resultados também evidenciam o efeito da acidez do solo sobre a expressão de EP. Um menor número de EP por efeito da acidez do solo tem sido reportado em vários trabalhos com diferentes materiais genéticos de milho em condições contrastantes (Resende, 1989, Pandey et al., 1994; Duque-Vargas et al., 1994, Borrero et al., 1995; Caviades, 1998).

Quanto ao desdobramento do efeito de tratamentos, o teste F não detectou diferenças significativas para o efeito de parentais e entre gerações nas análises de variâncias conjuntas em SA, SF e SA+SF. Para os efeitos dos F1's, F2's e RC's observaram-se significâncias ($P \leq 0,05$ e $P \leq 0,01$) nos dois tipos de ambientes e envolvendo os dois ambientes, exceto para F1's em SF. A não significância detectada entre as linhagens parentais nas três análises de variâncias conjuntas, permitem inferir que para EP estas linhagens apresentam baixa divergência genética para este caráter. Entretanto, as significâncias observadas para as gerações derivadas destas linhagens, permitem inferir que algumas diferenças existem e são expressadas em seus cruzamentos e gerações segregantes.

Na decomposição da interação tratamento x ambientes em SA foram observadas diferenças significativas para a interação entre gerações x ambientes, e não

significativas para as interações parentais x ambientes, F_1 's x ambientes, F_2 's x ambientes e RC's x ambientes, indicando que o comportamento dos genótipos dentro destas gerações foi constante nos de ambientes com SA. Para ambientes com SF foram detectadas diferenças altamente significativas ($P \leq 0,01$) para parentais x ambientes e para gerações x ambiente, e diferenças significativas ($P \leq 0,05$) para F_1 's x ambientes, e diferenças não significativas para F_2 's x ambientes e RC's x ambientes. Esses resultados indicam que os parentais e seus F_1 's tiveram um desempenho diferencial conforme varia o ambiente; entretanto, os F_2 's e RC's não apresentaram comportamento diferencial nos ambientes com SF para EP. Em relação à análise de variância conjunta envolvendo os dois ambientes (SA + SF) foram detectadas significâncias para a maioria dos tipos de gerações, exceto para a interação F_2 's x ambientes.

Em geral, tanto em SA quanto em SF, observou-se que as médias das linhagens parentais não apresentaram diferenças significativas, permitindo inferir que para EP as linhagens parentais apresentam baixa divergência genética. Entretanto, o ambiente teve um efeito significativo na sua expressão indicando um comportamento diferenciado das linhagens conforme varia o ambiente. Cabe mencionar que EP é um caráter associado à produção de grãos e ambos os caracteres apresentam baixa herdabilidade e, portanto, são muito afetados pelas condições ambientais.

4.3. Estimativas de heterose

4.3.1. Produção de grãos

Os valores e significâncias das estimativas de heterose dos cruzamentos, em relação à média do parental superior, para PG avaliados em condições de SA, SF e SA+SF encontram-se na Tabela 16.

A média das estimativas de heterose para ambientes com SA, em relação à média do parental superior, foi inferior em 59,46% à obtida sob condições de SF. Isso indica haver uma maior expressão fenotípica dos F_1 's em relação à média do parental superior em ambientes com SF e menor em ambientes com SA. Esses resultados

diferem dos reportados por Ceballos et al. (1998) que encontraram estimativas de heterose sob condições de SA superiores em 263,43% à obtida em SF, o que foi explicado pelo desempenho inferior das linhagens em SA.

Em ambientes com SA, para os cruzamentos envolvendo a linhagem L6 da população SA5 com as linhagens da população SA4, as estimativas de heterose variaram de 133,63% (L1xL6) a 190,87% (L6xL7), sendo altamente significativas ($P \leq 0,01$). Para os cruzamentos de linhagens do G1 (L1, L5 e L7) com linhagens do G2 (L2, L3, L4, e L8), relacionadas pela primeira geração de autofecundação, as estimativas de heterose foram altamente significativas ($P \leq 0,01$) variando de 64,82% (L1xL2) a 138,48% (L3xL7). Entre as linhagens do G1, relacionadas pela quarta geração de autofecundação, as estimativas foram inferiores a 30,30% (L5xL7) e não significativas. Para os cruzamentos de linhagens do G2 (L2, L3 e L4) relacionadas pela quarta geração de autofecundação as estimativas de heterose foram inferiores a 35,89%. Entretanto, para os cruzamentos destas linhagens com a L8 do mesmo grupo G2, relacionadas pela terceira geração de autofecundação, as estimativas de heterose foram altamente significativas ($P \leq 0.01$) e variaram entre 82,72% (L2xL8) a 155,39% (L3xL8).

No que concerne a ambientes com SF, as estimativas de heterose para os cruzamentos envolvendo a linhagem L6 foram altamente significativas ($P \leq 0,01$) variando de 312,52% (L6xL7) a 371,59% (L3xL6). Para os cruzamentos de linhagens do G1 com linhagens do G2, relacionadas pela primeira geração de autofecundação, obtiveram-se estimativas de heterose altamente significativas ($P \leq 0,01$) variando de 189,47% (L2xL7) a 339,96% (L4xL5). Nos cruzamentos de linhagens do G1, relacionadas pela terceira geração de autofecundação, as estimativas de heterose foram inferiores a 34,24% (L5xL7). Nos cruzamentos de linhagens do G2 (L2, L3 e L4), relacionadas pela quarta geração de autofecundação, inferiores a 153,9%. Entretanto para os cruzamentos entre estas três linhagens e a linhagem L8, do mesmo grupo G2, os valores de heterose variaram de 139,14% a 198,46%.

Esses resultados, considerando a origem genética das linhagens, eram esperados, pois a heterose em relação ao parental superior, obtém-se quando existe uma maior divergência genética. A heterose em relação ao parental superior pode ser

expressa por $h_{ps} = \sum (r_i - p_i) \alpha_i$ (Souza Júnior & Zinsly, 1985), nesta expressão, r_i e p_i referem-se às frequências dos alelos favoráveis nas populações superior e inferior, respectivamente, e α_i é o efeito médio de uma substituição gênica na população superior. Logo para uma heterose ser positiva, é necessário que os alelos favoráveis cujas frequências são baixas na população superior, ocorram com alta frequência na população inferior. Portanto, a população inferior complementa à superior e o F_1 obtido terá maior quantidade de alelos favoráveis acumulados que o parental superior.

Em geral, respostas heteróticas entre as populações SA4 e SA5 têm sido relatadas na literatura (Pandey et al., 1994; Salazar et al., 1997). Em cruzamentos entre linhagens tolerantes e sensíveis a solos ácidos das populações SA4 e SA5, Ceballos et al. (1998) obtiveram valores de heterose de 217% e 314%, respectivamente.

No que diz respeito ao cruzamento de linhagens tolerantes, sensíveis e tolerantes x sensíveis observou-se que para os cruzamentos dentro da população SA4 a expressão da heterose esteve mais relacionada com o grau de parentesco das linhagens do que com sua tolerância ou sensibilidade a solos ácidos. Entretanto, para os cruzamentos não relacionados em ambientes com SA, a média das estimativas de heterose, em relação à média do parental superior, para os cruzamentos da linhagem L6 da população SA5 (moderadamente tolerante) x linhagens do G1 (tolerantes) da população SA4, foi superior em 6,88% à obtida para os cruzamentos envolvendo as linhagens L3, L4 e L8 do G2 (sensíveis) da mesma população SA4 (168,08% vs 157,26%), ou seja, cruzamentos do tipo moderadamente tolerante x tolerante apresentou heterose superiores aos cruzamentos moderadamente tolerante x sensível. Para ambientes com SF a média das estimativas de heterose de PG para os cruzamentos da linhagem L6 x linhagens do G1 foi superior em 6,85% à obtida para os cruzamentos da linhagem L6 x linhagens do G2 (351,52% vs 377,39%).

Os resultados obtidos de cruzamentos de variedades, diferindo no grau de tolerância a solos ácidos, mostraram superioridade para cruzamentos entre variedades tolerantes quando comparados aos cruzamentos entre variedades tolerantes x sensíveis e sensíveis x sensíveis. Assim, Pandey et al. (1994) obtiveram estimativas de heterose para cruzamentos entre variedades tolerantes superiores a 25,0% e 49,25 % e Salazar et

al. (1997) superiores a 8,72% e 19,87% à obtida para os cruzamentos entre variedades tolerantes x sensíveis e sensíveis x sensíveis, respectivamente. Para o caso de cruzamentos entre linhagens tolerantes, Lima et al. (1995) apresentaram estimativas superiores a 5,94% e 12,31% quando comparadas com cruzamentos entre linhagens tolerantes x sensíveis e sensíveis x sensíveis, respectivamente.

Nota-se que as mais altas estimativas de heterose para PG, em relação à média do parental superior, foram obtidas para os cruzamentos envolvendo a linhagem L6, isto é, entre linhagens não relacionadas. Para os cruzamentos de linhagens da população SA4 as magnitudes destas estimativas foram decorrentes ao nível de parentesco entre as linhagens. Assim, a média das estimativas de heterose em ambientes com SA, para os cruzamentos envolvendo a linhagem L6, foi superior em 64,73%, 139,42% e 1.288,01% às obtidas para os cruzamentos de linhagens do G1 x linhagens do G2, de linhagens do G2 e de linhagens do G1, respectivamente. Observa-se que para os cruzamentos de linhagens da população SA4, as estimativas de heterose mais altas foram obtidas para os cruzamentos de linhagens do G1 x linhagens do G2 (99,76%), relacionadas pela primeira geração de autofecundação, e as mais baixas para os cruzamentos de linhagens do G1 (68,64%) e de linhagens do G2 (11,84%), relacionados pela quarta geração de autofecundação. Para ambientes com SF, a média das estimativas de heterose para os cruzamentos envolvendo a linhagem L6 foi superior em 66,65%, 200,92% e 855,56% às obtidas para os cruzamentos entre linhagens do G2 x linhagens do G1, de linhagens do G2 e de linhagens do G1, respectivamente. Estes resultados evidenciam a estreita relação entre diversidade genética e expressão de heterose.

4.3.2. Florescimento feminino

Os valores e significâncias das estimativas de heterose, em relação à média do parental superior, para FF avaliado em condições de SA, SF e SA+SF estão apresentados na Tabela 16.

A média das estimativas de heterose em ambientes com SA foi de -6,33% e sob condições de SF de -8,17%, o que permite inferir haver um maior decréscimo nos

dias para o FF dos F_1 's em relação à média do parental superior em SF que sob condições de SA. As estimativas de heterose foram negativas, com exceção do cruzamento L1xL5 em SA e na média de SA+SF que foram positivas. Estas estimativas foram altamente significativas ($P \leq 0,01$), com exceção de alguns cruzamentos de linhagens do grupo G1, cruzamentos de linhagens do G2 em ambientes de SA, e cruzamentos de linhagens do G1 em SF.

Para ambientes com SA obtiveram-se estimativas de heterose para os cruzamentos envolvendo a linhagem L6 variando de -8,01% (L5xL6) a -12,56% (L2xL6). Os cruzamentos de linhagens do G1 com linhagens do G2 apresentaram valores de heterose variando de -4,78% (L2xL7) a -9,57% (L3xL7). Quanto às linhagens do G1, os valores de heterose foram inferiores a -0,63% (L1xL5) e não significativos. Para cruzamentos das linhagens L2, L3 e L4 do G2, estes valores foram inferiores a -0,16% e não significativos. Entretanto, cruzamentos destas com a linhagem L8 do mesmo grupo mostraram valores significativos ($P \leq 0,05$) a altamente significativos ($P \leq 0,01$), cujos valores variaram de -2,46% a -6,96%.

Quanto a ambientes com SF, as estimativas de heterose para os cruzamentos envolvendo a linhagem L6 foram altamente significativas ($P \leq 0,01$) variando de -6,83% (L6xL7) a -11,15% (L2xL6). Para os cruzamentos de linhagens do G1 com linhagens do G2, relacionadas pela primeira geração de autofecundação, obtiveram-se estimativas de heterose altamente significativas ($P \leq 0,01$) variando de -7,32% (L7xL8) a -12,19% (L1xL2). Nos cruzamentos de linhagens do G1, relacionadas pela terceira geração de autofecundação, as estimativas de heterose foram negativas. Nos cruzamentos de linhagens do G2 (L2, L3 e L4), relacionadas pela quarta geração de autofecundação, os valores foram inferiores a -5,14% (L3xL4). Para os cruzamentos entre estas três linhagens e a linhagem L8, do mesmo grupo G2, os valores de heterose foram inferiores a -8,36% (L4xL8).

Na cultura de milho, vários trabalhos mostram estimativas de heterose negativas para o caráter FF, acrescentando-se que comercialmente a heterose negativa para FF é desejável. Estimativas de heterose negativa tem sido reportadas nas mesmas

condições de avaliação para cruzamentos entre populações de milho tolerantes e sensíveis a SA (Pandey et al., 1994; Salazar et al., 1997).

Quanto ao parentesco das linhagens e a magnitude das estimativas de heterose observou-se que a média das estimativas de heterose em ambientes de SA para os cruzamentos envolvendo a linhagem L6 foram superiores em 39,86% às obtidas para os cruzamentos de linhagens do G1 com linhagens do G2, 236,88% para cruzamentos de linhagens do G2 e 2.258,14% para cruzamentos de linhagens do G1. Para ambientes com SF as médias das estimativas de heterose para os cruzamentos envolvendo a L6 foram inferiores em 10,45% às obtidas para os cruzamentos de linhagens do G1 com linhagens do G2, e superiores em 18,68% e 579,23% às obtidas para os cruzamentos de linhagens do G2 e cruzamentos do G1, respectivamente.

4.3.3. Altura de Planta e altura de espiga

Na Tabela 17 estão apresentados os valores e significâncias das estimativas de heterose dos cruzamentos, em relação à média do parental superior, para estes caracteres avaliados em condições de SA, SF e SA+SF, respectivamente.

As médias das estimativas de heterose para AP e AE em ambientes com SA foram inferiores em 33,07% e 31,35%, respectivamente, às obtidas em SF, evidenciando uma maior expressão fenotípica dos F_1 's para esses caracteres em ambientes com SF. Entretanto, para AE em ambientes com SA, a média das estimativas de heterose, para o grupo de cruzamentos envolvendo a linhagem L6, foi superior em 30,23% à obtida sob condições de SF, o que permite inferir uma maior expressão dos F_1 's neste grupo de cruzamentos em relação à média do parental superior em SA.

Para o caráter AP em ambientes de SA, SF e na média de SA+SF, obtiveram-se estimativas de heterose significativas ($P \leq 0,05$) a altamente significativas ($P \leq 0,01$), com exceção de alguns cruzamentos de linhagens do G1 (L1, L5 e L7) e em cruzamentos de linhagens do G2 (L2, L3 e L4). A maior expressão da heterose correspondeu aos cruzamentos da L6 x linhagens da população SA4, com estimativas de heterose altamente significativas ($P \leq 0,01$) e valores médios de 26,52%, 30,65% e

28,31% em ambientes de SA, SF e SA+SF, respectivamente. Em relação à população SA4, para os cruzamentos de linhagens do G1, obtiveram-se valores médios de heterose de 0,95%, 5,36% e 2,69%; para cruzamentos de linhagens do G2 valores de 8,80%, 19,19% e 12,81% e para os cruzamentos de linhagens do G1 com linhagens do G2 valores médios de 17,16%, 26,86% e 21,22% sob condições de SA, SF e SA+SF, respectivamente.

Quanto à AE observou-se a mesma tendência que AP, de acordo com a origem genética das linhagens. Contudo, um menor número de cruzamentos apresentaram estimativas de heterose não significativas. Para AE a média das estimativas de heterose para os cruzamentos da L6 com linhagens da população SA4 foram de 44,55%, 34,21% e 40,52% em ambientes de SA, SF e SA+SF, respectivamente. Em relação aos cruzamentos dentro da população SA4, para os cruzamentos de linhagens do G1 obtiveram-se estimativas de heterose de 0,88%, 16,83% e 11,59%; para os cruzamentos de linhagens do G2 estimativas de 10,20%, 22,57% e 17,94% e para os cruzamentos de linhagens do G2 com linhagens do G1 de 15,83%, 33,24% e 22,36% para SA, SF e SA+SF, respectivamente.

Considerando o parentesco das linhagens e a magnitude das estimativas de heterose para AP em ambientes com SA, observou-se que a média das estimativas para os cruzamentos não relacionados envolvendo a linhagem L6 foram superiores em 54,54% às obtidas para os cruzamentos de linhagens do G1 x linhagens do G2, 201,36% superiores aos cruzamentos de linhagens do G2 e 2.691,58% superiores aos cruzamentos de linhagens do G1, respectivamente. Para ambientes com SF a média das estimativas de heterose para os cruzamentos envolvendo a L6 foram superiores em 14,11% à obtidas para os cruzamentos de linhagens do G1 com linhagens do G2, 59,72% superior às obtidas para os cruzamentos de linhagens do G2 e 471,83% superiores aos cruzamentos de linhagens do G1.

Quanto ao caráter AE em ambientes com SA, observou-se que a média das estimativas para os cruzamentos não relacionados envolvendo a linhagem L6 foram superiores em 181,43%, às obtidas para os cruzamentos de linhagens do G1 x linhagens do G2, 336,76% superior aos cruzamentos de linhagens do G2 e 4.962,50% superior aos

cruzamentos de linhagens do G1, respectivamente. Para ambientes com SF a média das estimativas de heterose para os cruzamentos envolvendo a L6 foi superior em 2,92% à obtida para os cruzamentos de linhagens do G1 com linhagens do G2, 51,57% superior à obtida para os cruzamentos de linhagens do G2 e 103,27% superior aos cruzamentos de linhagens do G1.

Em geral, nota-se que as maiores estimativas de heterose correspondem aos cruzamentos envolvendo a linhagem L6 com as linhagens da população SA4, o que era esperado, em razão da origem genética desta linhagem. Para cruzamentos entre linhagens da população SA4, as maiores estimativas corresponderam aos cruzamentos de linhagens do G1 com linhagens do G2, relacionadas pela primeira geração de autofecundação, e as menores estimativas de heterose aos cruzamentos de linhagens do G1 relacionadas pela quarta geração de autofecundação, e cruzamentos de linhagens do G2 relacionadas pela terceira geração de autofecundação. A partir disto verifica-se que o efeito da deriva genética que ocorre nos processos de autofecundações sucessivas, levam a uma diferenciação das linhagens, sendo esta diferenciação dependente da geração em que elas são isoladas.

4.3.3. Número de espigas por planta

Para este caráter, através do teste t, não foram detectadas diferenças significativas nas estimativas de heterose, com exceção de três cruzamentos em SA, um cruzamento em SF e quatro cruzamentos na média dos ambientes (SF+SA). Estes resultados são um indicativo da similaridade genética para este caráter nas linhagens parentais. Apesar destas estimativas não serem significativas, observou-se que estas foram, para a maioria dos cruzamentos, positivas em SA e negativas em SF. Isso, permite inferir que a expressão média dos F1's para EP em SA foi superior à média do parental superior (Tabela 17).

4.4. Estimativas dos efeitos gênicos

Os estudos relacionados com a avaliação da natureza e magnitude dos efeitos gênicos que controlam um caráter são de grande importância nos processos de seleção e predição do comportamento de gerações híbridas e segregantes. A avaliação da expressão fenotípica de um caráter é o ponto de partida para as análises estatístico-genéticas, utilizadas para a estimação dos parâmetros que definem os tipos de ação gênica envolvidos na expressão dos caracteres. Além disso, quanto maior a informação sobre as contribuições relativas dos diferentes tipos de efeitos gênicos e suas variâncias maior será a precisão na seleção dos genótipos superiores, com base em seus valores fenotípicos.

Os melhoristas estão interessados na estimação dos efeitos gênicos visando à formulação de métodos de melhoramento mais vantajosos para o melhoramento dos caracteres de interesse. Em milho, diferentes estudos mostram que os efeitos dominantes contribuem significativamente para a expressão de caracteres como produção de grãos, número de espigas por planta e outros caracteres agrônômicos como altura de planta e altura de espiga. (Gamble 1962a, 1962b; Moreno-Gonzales & Dudley, 1981). Além disso, estes estudos também mostram uma contribuição significativa dos efeitos epistáticos de interação digênica na expressão desses caracteres em combinações específicas. No caso de tolerância a solos ácidos, pouca informação está disponível sobre a importância deste tipo de ação gênica. Entretanto, resultados reportados por Ceballos et al. (1998) indicam, que para produção de grãos, em certas combinações específicas, os efeitos epistáticos apresentaram uma contribuição importante para a sua expressão.

Para as análises genéticas de médias de gerações foram consideradas três classes de análises: (i) para os quatro ambientes com SA, (ii) dois ambientes com SF, e (iii) considerando todos os ambientes (SA+SF). Também, cabe lembrar a origem genética das linhagens (Figura 1): G1 (L1, L7 e L5) aparentadas pela quarta geração de autofecundação, G2 (L2, L3, L4, L8), sendo as linhagens L2, L3 e L4 aparentadas pela quarta geração de autofecundação, as quais são aparentadas com a linhagem L8 pela

terceira geração de autofecundação. As linhagens do G1 e G2 são aparentadas pela primeira geração de autofecundação, e a linhagem L6 foi desenvolvida de outra população (SA5).

A seguir, os resultados e as discussões das análises genéticas são apresentados para cada caráter e ambiente.

4.4.1. Produção de grãos

As médias de cada geração, as estimativas dos efeitos gênicos para cada um dos 28 cruzamentos, os valores de R^2 , de χ^2 , e significâncias para as análises conjuntas em SA, SF e SA+SF, encontram-se nas Tabelas 18, 19 e 20, respectivamente.

Na análise genética do caráter PG em ambientes com SA (Tabela 18), observa-se que em 21 dos 28 cruzamentos, apenas o modelo aditivo-dominante foi adequado para explicar a variação observada entre médias de gerações, com coeficientes de determinação (R^2) acima de 83,43%. Em três cruzamentos obtiveram-se estimativas de efeitos aditivos e dominantes não significativas, correspondendo aos cruzamentos de linhagens do G1 (L1xL5 e L5xL7) e linhagens do G2 (L3xL4), porém com uma estimativa de efeitos médios (m) altamente significativa ($P \leq 0,01$). Para quatro cruzamentos o modelo aditivo-dominante não foi suficiente para explicar a variação entre médias de gerações apresentado alguns dos efeitos de interação digênica.

As estimativas dos efeitos aditivos em ambientes com SA, apresentaram magnitudes inferiores aos efeitos dominantes, sendo significativas ($P \leq 0,05$) em quatro cruzamentos, altamente significativas ($P \leq 0,01$) em 13 cruzamentos e não significativas em 11 cruzamentos. A média das estimativas dos efeitos aditivos, em valor absoluto, para os cruzamentos envolvendo a linhagem L6 (0,099 t ha⁻¹) foi inferior em 52,40% e superior em 70,69% e 20,73% às obtidas para os cruzamentos de linhagens do G1 x linhagens do G2 (0,208 t ha⁻¹), de linhagens do G2 (0,058 t ha⁻¹) e de linhagens do G1, (0,082 t ha⁻¹), respectivamente. Dentro da população SA4 a média dos efeitos aditivos, em valor absoluto, para os cruzamentos de linhagens do G1 x linhagens do G2 (0,208 t ha⁻¹) foi superior em 258,62% e 153,66% à obtida para os cruzamentos de linhagens do

G2 (0,058 t ha⁻¹) e de linhagens do G1 (0,082 t ha⁻¹), respectivamente. Esses resultados indicam uma maior contribuição dos efeitos aditivos para os cruzamentos de linhagens do G1 x linhagens do G2, em relação à observada para os cruzamentos não relacionados e de linhagens mais aparentadas. Deve-se ressaltar que a maioria das significâncias detectadas foram para os cruzamentos entre linhagens do G1 x linhagens do G2, indicando, apesar das baixas magnitudes obtidas, que estes efeitos contribuem significativamente para a variação observada dentro deste grupo de cruzamentos.

Em relação aos efeitos dominantes para PG em ambientes com SA, detectaram-se estimativas significativas ($P \leq 0,05$) em dois cruzamentos, altamente significativas em 20 cruzamentos ($P \leq 0,01$) e não significativas para os demais cruzamentos. Os sinais das estimativas dos efeitos dominantes foram positivas em 92,86% dos cruzamentos, evidenciando que estes efeitos contribuíram positivamente para a expressão fenotípica deste caráter. A média dos efeitos dominantes para os cruzamentos envolvendo a linhagem L6 (1,798 t ha⁻¹) foi 32,49%, 1.045,22% e 526,48% superior às obtidas para os cruzamentos de linhagens do G1x linhagens do G2 (1,357 t ha⁻¹), de linhagens do grupo G1 (0,157 t ha⁻¹) e de linhagens do grupo G2 (0,287 t ha⁻¹), respectivamente. Estes resultados indicam uma maior expressão dos efeitos de dominância entre cruzamentos não relacionados do que os cruzamentos aparentados. Em relação à população SA4 a média dos efeitos dominantes para os cruzamentos de linhagens do G1 x linhagens do G2 (1,357 t ha⁻¹), foi superior em 764,32% e 372,82% às obtidas para os cruzamentos de linhagens do G1 (0,157 t ha⁻¹) e de linhagens do G2 (0,287 t ha⁻¹), respectivamente. A partir desses resultados pode-se inferir que os efeitos da seleção e da deriva genética ao longo das sucessivas gerações de autofecundação levou a obtenção de linhagens divergentes. Isto é, que a fixação ou perda de alelos foi diferente nestes grupos de linhagens, sendo este efeito mais acentuado quando as linhagens foram isoladas na segunda geração de autofecundação que em gerações posteriores.

No diz respeito aos efeitos epistáticos em condições de SA, apenas 17,86% dos cruzamentos apresentaram valores significativos. ($P \leq 0,05$ e $P \leq 0,01$). Destacou-se o componente aditivo x dominante com estimativas negativas em dois

cruzamentos (L2xL8 e L3xL7) e positiva em um cruzamento (L6xL7). Já para o componente aditivo x aditivo obtiveram-se estimativas negativas em dois cruzamentos (L2xL8 e L3xL8). Estes resultados sugerem que estes efeitos contribuem de forma negativa para a expressão fenotípica de PG. Entretanto, para o cruzamento das linhagens L6 x L7, não relacionadas, os efeitos epistáticos de interação digênica do tipo aditivo x dominante contribuíram de forma positiva. Isso indica a presença de combinações gênicas favoráveis nas linhagens que foram expressadas em suas gerações. Para os cruzamentos da linhagem L8 com linhagens de seu mesmo grupo (G2), relacionadas pela terceira geração de autofecundação, as estimativas dos efeitos de interação digênica foram superiores aos efeitos aditivos e dominantes.

Para ambientes de SF (Tabela 19), observa-se que em 22 dos 28 cruzamentos o modelo aditivo-dominante foi adequado para explicar a variação observada entre as gerações ($R^2 > 78,0\%$). Nesses cruzamentos, os efeitos gênicos aditivos apresentam estimativas de magnitudes inferiores aos efeitos dominantes. As estimativas de efeitos aditivos foram significativas ($P \leq 0,05$) em quatro cruzamentos e altamente significativas ($P \leq 0,01$) em dois cruzamentos, todos envolvendo cruzamentos dentro da população SA4, exceto o cruzamento (L6xL7). A média das estimativas dos efeitos aditivos, em valor absoluto, para os cruzamentos envolvendo a linhagem L6 ($0,107 \text{ t ha}^{-1}$) foi inferior em 31,85%, 29,14% e 9,32% às obtidas para os cruzamentos de linhagens do G1 x linhagens do G2 ($0,157 \text{ t ha}^{-1}$), de linhagens do G2 ($0,151 \text{ t ha}^{-1}$) e de linhagens do G1 ($0,118 \text{ t ha}^{-1}$), respectivamente. Dentro a população SA4 a média dos efeitos aditivos, em valor absoluto, para os cruzamentos de linhagens do G1 x linhagens do G2 ($0,157 \text{ t ha}^{-1}$) foi superior em 4,57% e 33,05% à obtida para os cruzamentos de linhagens do G2 ($0,151 \text{ t ha}^{-1}$) e de linhagens do G1 ($0,118 \text{ t ha}^{-1}$), respectivamente. Nota-se que a média desses efeitos em SF, foi inferior para os cruzamentos de linhagens do G1 x linhagens do G2 e superior para os demais grupos de cruzamentos em relação à média destes efeitos em SA. Entretanto, a maioria destas estimativas não foram de magnitudes suficientes para se detectar significâncias pelo teste t, evidenciando uma baixa contribuição da variação entre gerações neste tipo de ambiente na maioria dos cruzamentos estudados.

As estimativas dos efeitos dominantes em SF foram significativas em dois cruzamentos ($P \leq 0,05$) e altamente significativas ($P \leq 0,01$) em 26 cruzamentos. Essas estimativas apresentaram sinais positivos e magnitudes superiores aos efeitos médios (m) para a maioria dos cruzamentos, evidenciando uma alta contribuição destes efeitos de interação intralocos para a variação entre gerações. Para os cruzamentos envolvendo a linhagens L6 ($4,464 \text{ t ha}^{-1}$) a média das estimativas dos efeitos dominantes foi superior em 24,31%, 169,57% e 816,63% às obtidas para os cruzamentos de linhagens do G1 x linhagens do G2 ($3,591 \text{ t ha}^{-1}$), de linhagens do G2 ($1,656 \text{ t ha}^{-1}$) e de linhagens do G1 ($0,487 \text{ t ha}^{-1}$), respectivamente. Para os cruzamentos dentro da população SA4, a média das estimativas dos efeitos dominantes dos cruzamentos de linhagens do G1x linhagens do G2 ($3,591 \text{ t ha}^{-1}$) foi 116,85% e 637,37% superior em relação às obtidas para os cruzamentos de linhagens do G2 ($1,656 \text{ t ha}^{-1}$) e do G1 ($0,487 \text{ t ha}^{-1}$), respectivamente. Estes resultados mostram uma maior expressão dos efeitos dominantes para os cruzamentos não relacionados quando comparados com os cruzamentos dentro de linhagens da população SA4. Entretanto, a superioridade das estimativas obtidas para os cruzamentos de linhagens do G1x linhagens do G2, relacionadas pela primeira geração de autofecundação, em relação às obtidas para os outros grupos, são um indicativo que houve diferenciação entre as linhagens devido ao efeito da seleção e da deriva genética que ocorre nos processos de autofecundações sucessivas.

Quanto aos efeitos epistáticos, apenas em seis cruzamentos houve contribuição para a variação entre gerações. Em cinco cruzamentos destacou-se o componente de interação aditivo x aditivo ($P \leq 0,05$ e $P \leq 0,01$). Para o cruzamento L3xL7 observou uma contribuição significativa ($P \leq 0,05$) dos efeitos aditivo x dominante e dominante x dominante. Os sinais dessas estimativas foram negativas, indicando que agem no sentido de diminuir a expressão fenotípica do caráter. Isto sugere a existência de combinações gênicas desfavoráveis nas linhagens e que foram expressadas nas gerações derivadas de seus cruzamentos.

Para a análise genética de médias de gerações na combinação de ambientes (SA+SF) (Tabela 20), nota-se que em 24 dos 28 cruzamentos o modelo

aditivo-dominante foi adequado para explicar a variação observada entre médias de gerações, com coeficientes de determinação acima de 75,20%. Nos quatro cruzamentos restantes, alguns dos componentes de interação digênica contribuíram significativamente para a variação no valor fenotípico médio de cada geração. Os efeitos aditivos apresentaram estimativas inferiores aos efeitos dominantes, sendo significativos ($P \leq 0,05$) em cinco e altamente significativos ($P \leq 0,01$) em onze dos 28 cruzamentos. A média das estimativas dos efeitos aditivos, em valor absoluto, para os cruzamentos envolvendo a linhagem L6 ($0,092 \text{ t ha}^{-1}$) foi inferior em 50,54% e superior em 6,87% e 91,67% às obtidas para os cruzamentos de linhagens do G1 x linhagens do G2 ($0,186 \text{ t ha}^{-1}$), de linhagens do G2 ($0,086 \text{ t ha}^{-1}$) e de linhagens do G1 ($0,048 \text{ t ha}^{-1}$), respectivamente. Em relação à população SA4, a média dos efeitos aditivos, em valor absoluto, para os cruzamentos de linhagens do G1 x linhagens do G2 ($0,186 \text{ t ha}^{-1}$) foi superior em 116,28% e 207,50% às obtidas para os cruzamentos de linhagens do G2 ($0,086 \text{ t ha}^{-1}$) e de linhagens do G1 ($0,048 \text{ t ha}^{-1}$), respectivamente.

As estimativas de efeitos dominantes em SA+SF, foram altamente significativas ($P \leq 0,01$) para os cruzamentos envolvendo a linhagem L6 e cruzamentos de linhagens do G1 x linhagens do G2, e de magnitudes superiores àquelas obtidas para os efeitos médios (m), o que permite inferir que para este grupo de cruzamentos, houve uma alta contribuição dos efeitos oriundos das interações intralocos para a variação entre gerações. Entretanto, para os cruzamentos de linhagens do G1 e linhagens do G2 os efeitos dominantes apresentaram magnitudes inferiores aos efeitos médios (m), porém altamente significativas ($P \leq 0,01$). Observou-se uma contribuição dos efeitos dominantes para variação entre gerações nos cruzamentos da linhagem L6 x linhagens da população SA4 ($2,819 \text{ t ha}^{-1}$) superior em 20,01%, 220,34% e 435,93% às obtidas para os cruzamentos de linhagens do G1 x linhagens do G2 ($2,349 \text{ t ha}^{-1}$), de linhagens do G2 ($0,880 \text{ t ha}^{-1}$) e de linhagens do G1 ($0,526 \text{ t ha}^{-1}$), respectivamente. Para a população SA4, a média das estimativas dos efeitos dominantes dos cruzamentos de linhagens do G1 x linhagens do G2 ($0,880 \text{ t ha}^{-1}$) foi 166,93% e 346,98% superior em relação às obtidas para os cruzamentos de linhagens do G2 ($2,349 \text{ t ha}^{-1}$) e do G1 ($0,526 \text{ t ha}^{-1}$), respectivamente. Estes resultados mostram uma maior expressão dos efeitos

dominantes para os cruzamentos não relacionados quando comparados aos cruzamentos de linhagens aparentadas. A superioridade das estimativas obtidas para os cruzamentos de linhagens do G1x linhagens do G2, relacionadas pela primeira geração de autofecundação, em relação as obtida para os outros grupos são um indicativo que houve diferenciação entre as linhagens.

Entre os efeitos de interação digênica, destacou-se como o mais importante o componente aditivo x dominante em três cruzamentos. Os efeitos epistáticos do tipo aditivo x aditivo e dominante x dominante contribuíram para a variação em apenas em um cruzamento. Contudo, estas estimativas apresentam sinais negativos, sugerindo a existência de combinações gênicas desfavoráveis nas linhagens que foram, também, expressadas nas gerações. Note-se que o cruzamento L3 x L4 apresentou uma estimativa para os efeitos dominantes positiva e altamente significativa; entretanto, para o efeito epistático dominante x dominante esse sinal foi negativo. Isso evidencia o efeito desfavorável desse tipo de interação na expressão do F_1 oriundo do cruzamento dessas linhagens.

Em geral, a média das estimativas dos efeitos dominantes em ambientes com SA foi inferior em 64,60% à obtida sob condições de SF ($1,109 \text{ t ha}^{-1}$ vs $3,133 \text{ t ha}^{-1}$); entretanto, para os efeitos aditivos a magnitude média das estimativas, em valor absoluto, para ambos os ambientes não foram significativas ($0,135$ vs $0,139$), respectivamente. Esses resultados, evidenciam que o ambiente teve um efeito marcante na expressão dos efeitos dominantes, isto é, que os efeitos de interação intraloco foram influenciados pelo ambiente em sua contribuição para a variação entre gerações.

Em relação à média das estimativas dos efeitos gênicos, comparando-se os ambientes com SA e SF, observou-se que em SA, para os cruzamentos do grupo G1 a média dos efeitos aditivos, em valor absoluto, e dos efeitos dominantes, foram inferiores em 30,51% e 67,76%, respectivamente, às obtidas sob condições de SF ($0,082 \text{ t ha}^{-1}$ vs $0,118 \text{ t ha}^{-1}$ e $0,157 \text{ t ha}^{-1}$ vs $0,487 \text{ t ha}^{-1}$). Nos cruzamentos de linhagens do grupo G2 em SA, a média dos efeitos aditivos, em valor absoluto, e dos efeitos dominantes, foram inferiores em 61,59% e 82,67%, respectivamente, em relação às obtidas em SF ($0,058 \text{ t ha}^{-1}$ vs $0,151 \text{ t ha}^{-1}$ e $0,287 \text{ t ha}^{-1}$ vs $1,656 \text{ t ha}^{-1}$). No caso de

cruzamentos de linhagens do G1x linhagens do G2 em SA, a média dos efeitos aditivos, em valor absoluto, foi 32,48% superior ($0,208 \text{ t ha}^{-1}$ vs $0,157 \text{ t ha}^{-1}$), e a média dos dominantes 62,21% inferior ($1,357 \text{ t ha}^{-1}$ vs $3,591 \text{ t ha}^{-1}$) às obtidas em SF. Para os cruzamentos envolvendo a linhagem L6, a média dos efeitos aditivos e dominantes em ambientes de SA foram inferiores em 7,48% e 59,72%, respectivamente, em relação às obtidas em SF ($0,099 \text{ t ha}^{-1}$ vs $0,107 \text{ t ha}^{-1}$ e $1,798 \text{ t ha}^{-1}$ vs $4,464 \text{ t ha}^{-1}$).

Estudos de herança do caráter produção de grãos em milho, tem indicado uma maior contribuição dos efeitos dominantes, quando comparados com os efeitos aditivos e epistáticos (Gamble et al., 1962a). Para cruzamentos entre linhagens tolerantes e sensíveis a SA, Ceballos et al. (1998) observaram uma contribuição dos efeitos dominantes de 35,10% a 62,90% em ambientes com SA e de 80,8% sob condições de SF. A contribuição dos efeitos aditivos e epistáticos em ambientes com SA variaram de 20,10% a 21,81% e 14,52% a 27,4%, respectivamente. Sob condições de SF a contribuição dos efeitos aditivos foi de 10,38%, e para os efeitos epistáticos de 3,19%, superiores aos obtidos neste estudo. Esses mesmos autores, obtiveram alta correlação (0,74**) entre coeficientes de variação e magnitude de efeitos epistáticos, indicando que quanto menor o erro experimental nos ensaios, maior a contribuição dos efeitos aditivos e dominantes para a soma de quadrados de médias de gerações.

No que diz respeito aos efeitos de interação digênica, observou-se uma contribuição baixa para a variação entre médias de gerações. Só em alguns cruzamentos específicos contribuíram para o valor fenotípico médio das gerações. Não houve uma tendência clara no seu padrão de resposta quando foram consideradas os ambientes de SA e SF. Aliado a essas observações, soma-se o fato de que a maioria das estimativas foram negativas, com exceção do cruzamento L6xL7 em SA, indicando que esses tipos de ação gênica contribuíram de forma negativa para a expressão da PG. A importância dos efeitos epistáticos para PG em milho têm sido reportada por vários pesquisadores (Gamble, 1962a; Darrah & Hallauer, 1972; McConnell & Gardner, 1979; Moreno-Gonzalez & Dudley, 1981). Nesses estudos tem-se observado uma contribuição menor dos efeitos epistáticos; entretanto, em cruzamentos específicos, os efeitos epistáticos contribuem significativamente quando comparados aos outros tipos de efeitos gênicos.

Wolf & Hallauer (1977) reportaram que sob ambientes extremos os efeitos epistáticos contribuíram significativamente na expressão deste caráter.

4.4.2. Florescimento feminino

As médias de cada geração para cada cruzamento, as estimativas dos efeitos gênicos, as significâncias (teste t) e os valores de R^2 e χ^2 encontram-se nas Tabelas 21, 22 e 23, para os ambientes de SA, SF e SA+SF, respectivamente.

Para FF em ambientes com SA, as médias das linhagens parentais apresentaram um intervalo de variação de 59,6 dias (L3) a 63,7 dias (L6) dias. Em ambientes de SF este intervalo de variação foi de 61,3 dias (L3) a 62,8 dias (L1). A variação em ambientes de SA foi 173,3% superior à observada em SF. Porém, em algumas linhagens observou-se o mesmo valor médio, indicando que estas linhagens não apresentam divergência genética na expressão deste caráter.

No que concerne à análise genética das médias de gerações em ambientes com SA (Tabela 21), observa-se que em 22 dos 28 cruzamentos, o modelo aditivo-dominante foi adequado para explicar a variação observada entre médias de gerações, com coeficientes de determinação (R^2) acima de 65,0%. Em três cruzamentos de linhagens do G1 e um cruzamento de linhagens do G2 obtiveram-se estimativas não significativas ($P \leq 0,05$) para os efeitos aditivos e dominantes, o que permite inferir uma baixa divergência genética das linhagens parentais nesses cruzamentos, o que também concorda com a relação genética das linhagens. Entretanto, as estimativas dos efeitos médios (m) foram altamente significativas ($P \leq 0,01$).

Os efeitos aditivos em ambientes com SA, apresentaram magnitudes inferiores aos efeitos dominantes. As estimativas dos efeitos aditivos foram significativas ($P \leq 0,05$) em três cruzamentos, altamente significativas ($P \leq 0,01$) em oito cruzamentos e não significativas em 17 cruzamentos. A média das estimativas dos efeitos aditivos, em valor absoluto, para os cruzamentos envolvendo a linhagem L6 (1,115 dias), foram superiores em 42,22%, 84,60% e 696,43% às obtidas para os cruzamentos de linhagens do G1 x linhagens do G2 (0,784 dias), de linhagens do G2

(0,604 dias) e de linhagens do G1 (0,140 dias), respectivamente. Estes resultados indicam uma maior contribuição dos efeitos aditivos dos genes para os cruzamentos não relacionados, em relação aos grupos de cruzamentos de linhagens aparentadas. Dentro da população SA4, a média das estimativas dos efeitos aditivos, em valor absoluto, para os cruzamentos de linhagens do G1x linhagens do G2 foram 460,0% e 29,80% superior, à obtida nos cruzamentos de linhagens G1 (0,784 dias vs 0,140 dias) e linhagens G2 (0,784 dias vs 0,604 dias). Estes resultados mostraram uma maior contribuição dos efeitos aditivos para os cruzamentos de linhagens aparentadas pela primeira geração de autofecundação, em relação aos cruzamentos entre linhagens aparentadas pela terceira (G2) ou quarta (G1) geração de autofecundação.

As estimativas de efeitos gênicos dominantes em SA foram altamente significativas ($P \leq 0,01$) em 21 cruzamentos e não significativas em 7 cruzamentos. Entretanto, a maioria das estimativas foram negativas, exceto em dois cruzamentos (L1xL5 e L3xL4), indicando que esses efeitos diminuem o valor fenotípico médio das gerações. Nos cruzamentos envolvendo a linhagens L6 as estimativas dos efeitos dominantes variaram de -9,526 dias (L5xL6) a -1,673 dias(L6xL7). A média dos efeitos dominantes para os cruzamentos envolvendo a linhagem L6 (-5,852 dias) foi superior em 43,43%, 188,75% e $2,92 \times 10^4\%$ às obtidas para os cruzamentos de linhagens do G1 x linhagens do G2 (-4,080 dias), de linhagens do G2 (-1,760 dias) e de linhagens do G1 (-0,020 dias), respectivamente. Para os cruzamentos entre linhagens do G1 x linhagens do G2 (-4,080 dias), a média dos efeitos dominantes foi de $2,03 \times 10^4\%$ e 131,82% superior em relação à obtida nos cruzamentos de linhagens do G1 (-0,020 dias) e de linhagens do G2 (-1,760dias), respectivamente. Esses resultados evidenciam a preponderância dos efeitos dominantes na variação observada entre gerações, sendo sua expressão decorrente com o grau de parentesco entre as linhagens, isto é, quanto menor o grau de parentesco, maior a expressão dos efeitos de dominância.

Quanto aos efeitos de interação digênica em ambientes com SA, para o cruzamento L5xL6, obtiveram-se estimativas positivas e significativas ($P \leq 0,01$) para os efeitos aditivo x dominante e dominante x dominante. No cruzamento L6xL7, as estimativas foram altamente significativas ($P \leq 0,01$) e positivas para os efeitos aditivo x

aditivo e significativas ($P \leq 0,05$) e positivas para o componente aditivo x dominante, porém as estimativas dos efeitos gênicos aditivo e dominante neste cruzamento foram não significativas. Isso indica que, para esse cruzamento específico a variação entre médias de gerações pode ser explicada através efeitos de interação interlocos. Os sinais positivos evidenciam que estes tipos de efeitos atuam no sentido de aumentar a número de dias para FF, sendo uma característica desfavorável ao nível comercial.

Na análise genética em ambientes com SF (Tabela 22) observa-se que em 20 dos 28 cruzamentos somente o modelo aditivo-dominante foi adequado para explicar a variação observada entre médias de gerações. Nesses cruzamentos os coeficientes de determinação (R^2) variaram de 79,09% (L6xL7) a 98,76% (L6xL8). Para os três cruzamentos de linhagens do G1 as estimativas dos efeitos aditivos e dominantes foram não significativas, porém com uma estimativa de efeitos médios (m) altamente significativa ($P \leq 0,01$). Em cinco cruzamentos o modelo aditivo dominante não foi adequado para explicar a variação observada, apresentando alguns dos efeitos de interação digênica. Pela magnitude e significância observadas, nota-se uma baixa contribuição dos efeitos aditivos na expressão deste caráter. Entretanto, a média dos efeitos aditivos, em valor absoluto, para os cruzamentos envolvendo a linhagem L6 (0,593 dias) foi 24,40% e 34,69% inferior e 23,80% superior em relação às obtidas para os cruzamentos de linhagens do G1 x linhagens do G2 (0,797 dias), de linhagens do G1 (0,908 dias) e de linhagens do G2 (0,479 dias), respectivamente. A média dos efeitos aditivos para os cruzamentos G1xG2 (0,797 dias) foi 12,22% inferior e 66,39% superior às obtidas para os cruzamentos de linhagens do grupo G1 (0,908 dias) e de linhagens do G2 (0,479dias), respectivamente. Estes resultados não apresentam uma tendência clara entre a magnitude das estimativas e o grau de parentesco das linhagens.

As estimativas de efeitos dominantes em ambientes de SF foram negativas e altamente significativas ($P \leq 0,01$), exceto para o cruzamento L5xL7 em que foi positiva, indicando que os efeitos dominantes agem no sentido de diminuir os dias para o FF. A média das estimativas dos efeitos dominantes para os cruzamentos envolvendo a L6 (-3,362 dias), foi inferior em 37,23% e 39,20%, e superior em 1.458,80 % às obtidas para os cruzamentos entre linhagens do G1 x linhagens do

G2 (-5,786 dias), de linhagens do G2 (-5,974 dias) e de linhagens do G1 (-0,233 dias), respectivamente. Para a população SA4 a média dos efeitos dominantes para os cruzamentos de linhagens do G1 x linhagens do G2 (-5,576 dias) foi 2.383,3% superior e 31,47% inferior às obtidas para os cruzamentos de linhagens do G1 (-0.233 dias) e de linhagens do G2, respectivamente. Esses resultados evidenciam a preponderância dos efeitos dominantes para a variação entre médias de gerações dentro da população SA4, exceto para o G1, que apresentou estimativas de efeitos dominantes muito baixas.

Quanto aos efeitos de interação digênica em SF, dois cruzamentos envolvendo a L6, apresentaram estimativas altamente significativas ($P \leq 0,01$) para os efeitos epistáticos do tipo aditivo x aditivo e aditivo x dominante. Entretanto, as estimativas dos efeitos aditivos e dominantes não foram significativas nestes cruzamentos, o que permite inferir que a maior contribuição para a variação entre gerações, além da média, foi devida principalmente a efeitos de interação interlocos. Em dois cruzamentos obtiveram-se estimativas para os efeitos de interação digênica dominante x dominante, porém, de magnitudes inferiores aos efeitos dominantes. Para o cruzamento L1xL3, os efeitos de interação digênica do tipo aditivo x aditivo apresentaram magnitude superior aos efeitos aditivos e dominantes, contribuindo junto com os efeitos médios (m) para a variação entre médias de gerações. Nota-se que a maioria das estimativas desses efeitos foram positivas, o que indica a existência de combinações gênicas nas linhagens no sentido de aumentar o número de dias para FF.

Em relação à análise genética de médias de gerações na combinação de ambientes (SA + SF)(Tabela 23), em 14 dos 28 cruzamentos, o modelo aditivo-dominante foi adequado para explicar a variação observada entre gerações, com coeficientes de determinação (R^2) acima de 88,0%. Para os três cruzamentos de linhagens do G1 e dois do G2, obtiveram-se estimativas dos efeitos aditivos e dominantes não significativas, porém com uma estimativa de efeitos médios (m) altamente significativa ($P \leq 0,01$). Em nove cruzamentos um ou mais dos efeitos de interação digênica contribuíram significativamente para a variação fenotípica entre médias de gerações.

Os efeitos aditivos na média de ambientes (SA+SF) apresentaram estimativas significativas ($P \leq 0,05$) em dois cruzamentos, altamente significativas ($P \leq 0,01$) em sete cruzamentos, e não significativas para o restante dos cruzamentos. Estes efeitos apresentaram estimativas de menor magnitude com relação aos efeitos dominantes e de interação. A média das estimativas dos efeitos aditivos, em valor absoluto, para os cruzamentos envolvendo a linhagem L6 (0,733 dias) foi superior em 5,62%, 66,21% e 113,70% às obtidas para os cruzamentos de linhagens do G1xG2 (0,694 dias), de linhagens do G2 (0,441 dias) e de linhagens do G1 (0,343 dias), respectivamente. Dentro da população SA4 a média das estimativas dos efeitos aditivos para os cruzamentos de linhagens do G1 x linhagens do G2 (0,694 dias) foi 57,37% e 102,33 % superior em relação às obtidas para os cruzamentos de linhagens do grupo G2 (0,441 dias) e de linhagens do G1 (0,343 dias), respectivamente. Estes resultados indicam que os efeitos aditivos para os cruzamentos não relacionados foram superiores aos demais cruzamentos, porém, apresentando estimativas significativas só em 28,58% dos cruzamentos.

Em relação aos efeitos dominantes, detectaram-se diferenças significativas ($P \leq 0,01$) em dois cruzamentos e altamente significativas ($P \leq 0,01$) em 17 cruzamentos, observando-se em todos os cruzamentos estimativas negativas, indicando que estes efeitos agem no sentido de diminuir a expressão do caráter FF, ou seja, contribuem para aumentar a precocidade. A média das estimativas dos efeitos dominantes para os cruzamentos envolvendo a L6 (-3,186 dias), foi inferior em 27,82% e 11,15%, e superior em $3,53 \times 10^{-4}\%$ às obtidas para os cruzamentos entre linhagens do G1 x linhagens do G2 (-4,414 dias), de linhagens do G2 (-3,586 dias) e de linhagens do G1 (-0,009 dias), respectivamente. Para a população SA4 a média dos efeitos dominantes para os cruzamentos de linhagens do G1 x linhagens do G2 (-4,414 dias) foi $4,89 \times 10^{-4}\%$ e 23,09% superior em relação às obtidas para os cruzamentos de linhagens do G1 (-0,009 dias) e linhagens do G2 (-3,586 dias), respectivamente, evidenciando uma preponderância dos efeitos dominantes para a variação entre médias de gerações dentro da população SA4, exceto para o G1, que apresentou estimativas para os efeitos dominantes muito baixas e não significativamente diferentes de zero.

Em relação aos efeitos de interação digênica, destacou-se o componente aditivo x aditivo apresentando estimativas positivas e significativas ($P \leq 0,01$) em um cruzamento, e altamente significativas ($P \leq 0,01$) em sete cruzamentos. Em importância, segue-se o componente aditivo x dominante em três cruzamentos e o componente dominante x dominante em um cruzamento.

Em relação à média das estimativas de efeitos gênicos, comparando-se os ambientes com SA e SF, Observou-se em SA, que a média geral das estimativas dos efeitos dominantes foi inferior em 25,04% à obtida sob condições de SF (2,928 dias vs 3,906 dias), entretanto, a média das estimativas dos efeitos aditivos, em valor absoluto, em SA foi inferior em 3,30% à obtida em SF (0,661 dias vs 0,694 dias). Esses resultados, evidenciam que o ambiente teve um efeito marcante na expressão dos efeitos dominantes, e menor efeito na expressão dos efeitos aditivos, isto é, que os efeitos de interação intraloco foram mais influenciados em sua contribuição para a variação entre gerações que os efeitos aditivos.

Em geral, a análise genética das médias de gerações para FF, mostrou uma preponderância dos efeitos gênicos dominantes, sendo sua magnitude e significância em ambientes com SA decorrente da relação genética existente entre as linhagens parentais. Entretanto, não foi observado o mesmo padrão de resposta em ambientes com SF. As estimativas negativas dos efeitos gênicos dominantes, sugerem que estes efeitos contribuíram no sentido de diminuir a expressão deste caráter. Quanto aos efeitos aditivos observou-se uma baixa contribuição para a variação no valor fenotípico médio das gerações, sendo em SA significativos em 39,28% dos cruzamentos e em SF significativos em 21,43% dos cruzamentos. Em relação aos efeitos epistáticos um ou mais dos três tipos de interação digênica contribuíram significativamente para a expressão deste caráter, apresentando sinal positivo para a maioria dos cruzamentos, sugerindo que contribuem para aumentar a expressão fenotípica média deste caráter.

Estudos de herança para o caráter FF tem mostrado que os efeitos aditivos e dominantes contribuem na sua expressão, com uma relativa importância dos efeitos epistáticos de interação digênica em cruzamentos específicos (Darrah & Hallauer, 1972). Além disso, a análise de cruzamentos entre populações tolerantes e

sensíveis, avaliadas em SA e SF, mostraram uma maior e significativa contribuição dos efeitos de capacidade geral de combinação, em relação aos efeitos de capacidade específica, isto é, uma preponderância dos efeitos aditivos (Pandey et al., 1994; Salazar et al., 1997). Neste trabalho, entretanto, os efeitos de dominância foram mais importantes que o aditivo e apistáticos.

4.3.3. Altura de planta e altura de espiga

As médias das geração para cada cruzamento, as estimativas dos efeitos gênicos, as significâncias (teste t) e os valores de R^2 e χ^2 para o caráter AP avaliado em ambientes de SA, SF e na média dos ambientes (SA+SF) estão nas Tabelas 24, 25, 26, respectivamente, e para o caráter AE estão nas Tabelas 27, 28 e 29, respectivamente.

Para o caráter AP em ambientes com SA as médias das linhagens parentais apresentaram um intervalo de variação de 83,3 cm (L8) a 120,0 cm (L5); em SF este intervalo foi de 127,5cm (L3) a 156,7 cm (L6). A variação sob condições de SA foi 25,68% superior à observada em ambientes com SF. Para AE sob condições de SA o intervalo de variação foi de 30,0 cm (L8) a 45,4 cm (L5); em SF este intervalo foi de 45,8 cm (L3 e L8) a 73,7 cm (L6), com variação em ambientes de SF superior em 81,17% à observada sob condições de SA.

Para AP em condições de SA (Tabela 24), em 14 dos 28 cruzamentos o modelo aditivo-dominante foi adequado para explicar a variação observada. Em quatro cruzamentos, envolvendo linhagens dentro de G1 e G2, não foram detectadas diferenças nas estimativas dos efeitos gênicos aditivos e dominantes, mas para os efeitos médios (m), as estimativas foram altamente significativas ($P \leq 0,01$), sugerindo para estes cruzamentos baixa divergência genética das linhagens parentais.

As estimativas de efeitos aditivos para AP em ambientes com SA, foram significativas ($P \leq 0,05$) em oito cruzamentos, altamente significativas ($P \leq 0,01$) em sete cruzamentos e não significativas nos outros cruzamentos. A média das estimativas dos efeitos aditivos, em valor absoluto, para os cruzamentos envolvendo a linhagem L6 (5,247 cm) foi inferior em 15,66% e superior em 2,82% e 25,20% às obtidas para os

cruzamentos de linhagens do G1x linhagens do G2 (6,221 cm), de linhagens do G2 (5,103 cm) e linhagens do G1 (4,191 cm), respectivamente. Para a população SA4 a média das estimativas dos efeitos aditivos, em valor absoluto, para os cruzamentos de linhagens do G1 x linhagens do G2 (6,221 cm) foi 21,91% e 48,44% superior em relação às obtidas para os cruzamentos de linhagens do grupo G2 (5,103 cm) e de linhagens do G1 (4,191 cm), respectivamente. Estes resultados indicam haver uma maior contribuição dos efeitos aditivos para os cruzamentos entre linhagens relacionadas pela primeira geração de autofecundação, em relação aos cruzamentos não aparentados.

Os efeitos dominantes para AP em SA, apresentaram magnitudes superiores aos efeitos aditivos. Obtiveram-se estimativas altamente significativas ($P \leq 0,01$) em 12 cruzamentos e não significativas em 16 cruzamentos. Estas estimativas foram positivas para a maioria dos cruzamentos, exceto em três cruzamentos que foram negativas, indicando que a dominância atua no sentido de aumentar a expressão deste caráter. A média das estimativas dos efeitos dominantes para os cruzamentos envolvendo a L6 foi (24,784 cm) 64,44% e 345,99% superior e 3,47% inferior em relação às obtidas para os cruzamentos entre linhagens do G1 x linhagens do G2 (15,050 cm), de linhagens do G1 (5,549 cm) e de linhagens do G2 (25,639), respectivamente. Em relação à população SA4 a média destes efeitos para os cruzamentos de linhagens do G1 x linhagens do G2 (10,050 cm) foi 171,22% superior e 41,34% inferior em relação às obtidas para os cruzamentos de linhagens do G1 (5,549 cm) e de linhagens do G2 (26,639 cm), respectivamente. Esses resultados indicam uma preponderância dos efeitos dominantes para a variação entre médias de gerações para os cruzamentos não relacionados e para os cruzamentos de linhagens do G2, relacionadas pela terceira geração de autofecundação.

As estimativas dos efeitos epistáticos para o caráter AP em SA, foram negativas, indicando que estas combinações gênicas contribuem para reduzir a AP nas linhagens e nas demais gerações. Estas estimativas apresentaram magnitudes superiores aos efeitos aditivos em todos os cruzamentos, e superiores aos dominantes em alguns cruzamentos. As estimativas dos efeitos aditivo x aditivo foram mais importantes que os demais efeitos epistáticos de interação digênica na expressão da AP, sendo altamente

significativas ($P \leq 0,01$) em oito cruzamentos e significativas em dois ($P \leq 0,05$). Em importância, seguem-se os efeitos dominante x dominante em três cruzamentos e os efeitos aditivo x dominante em dois cruzamentos. Esses resultados permitem inferir o efeito marcante das interações interlocos na expressão de AP, sendo sua maior contribuição para o grupo dos cruzamentos envolvendo a linhagem L6, não relacionados, e para os cruzamentos de linhagens do G1 x linhagens do G2, relacionados pela primeira geração de autofecundação, em relação aos outros grupos.

Para o caráter AP em ambientes de SF (Tabela 25), em 13 dos 28 cruzamentos, apenas o modelo aditivo-dominante foi adequado para explicar a variação entre as médias de gerações. Nos 15 cruzamentos restantes alguns dos efeitos de interação digênica contribuíram para a variação observada. As estimativas dos efeitos aditivos foram significativas ($P \leq 0,05$) em cinco cruzamentos, altamente significativas ($P \leq 0,01$) em nove cruzamentos e não significativas em quatorze cruzamentos. Para os cruzamentos envolvendo a linhagem L6 (10,412 cm) a média das estimativas dos efeitos aditivos, em valor absoluto, foi superior em 62,76%, 81,42% e 24,59% às obtidas para os cruzamentos de linhagens do G1 x linhagens do G2 (6,397 cm), de linhagens do G2 (5,739 cm) e de linhagens do G1 (8,357 cm), respectivamente. Para a população SA4, a média destas estimativas para os cruzamentos de linhagens do G1 x Linhagens do G2 (6,397 cm) foi superior em 11,46% e inferior em 23,45% às obtidas para os cruzamentos de linhagens do G2 (5,739 cm) e de linhagens do G1 (8,357 cm), respectivamente. Esses resultados indicam a predominância dos efeitos aditivos para os cruzamentos não relacionados. Entretanto, para os cruzamentos de linhagens da população SA4 a maior contribuição média correspondeu aos cruzamentos de linhagens do G1, relacionadas pela quarta geração de autofecundação, em relação aos outros tipos de cruzamentos. Isso permite inferir uma alta contribuição dos efeitos aditivos para a variação entre médias de gerações nesses cruzamentos, o que pode ser explicado pelas diferenças observadas entre as médias fenotípicas das linhagens parentais desse grupo.

Em relação às estimativas dos efeitos dominantes para AP em ambientes de SF, obtiveram-se estimativas altamente significativas ($P \leq 0,01$) em vinte cruzamentos e não significativas em oito cruzamentos. Estas estimativas foram de maior

magnitude quando comparadas aos efeitos aditivos, porém de menor magnitude quando comparadas aos efeitos de interação digênica em 10 dos 14 cruzamentos em que estes efeitos estão presentes. Para os cruzamentos envolvendo a linhagem L6 (66,977 cm) a média das estimativas dos efeitos dominantes foi superior em 59,89%, 33,54% e 1.334,20% em relação às obtidas para os cruzamentos de linhagens do G1 x linhagens do G2 (41,890 cm), de linhagens do G2 (50,153 cm) e de linhagens do G1 (4,670 cm), respectivamente. Entre linhagens da população SA4, a média das estimativas para os cruzamentos de linhagens do G1 x linhagens do G2 (41,890 cm) foi inferior em 16,48% e superior em 797,0% às obtidas para os cruzamentos de linhagens do G2 (50,153 cm) e de linhagens do G1 (4,670 cm). Em geral, observou-se a preponderância destes efeitos para os cruzamentos não relacionados. Entretanto, para os cruzamentos entre as linhagens da população SA4 a maior contribuição média correspondeu aos cruzamentos de linhagens do G2.

No que diz respeito aos efeitos de interação digênica para AP em SF, as estimativas dos efeitos aditivo x aditivo foram significativas ($P \leq 0,05$) em três cruzamentos e altamente significativas ($P \leq 0,01$) em oito cruzamentos, e não significativas nos demais cruzamentos. Em importância, seguem-se os efeitos epistáticos do tipo dominante x dominante em seis cruzamentos ($P \leq 0,05$ e $P \leq 0,01$) e os efeitos epistáticos do tipo aditivo x dominante em três cruzamentos ($P \leq 0,01$). Para os cruzamentos em que apenas os efeitos aditivo x aditivo foram incluídos, estes apresentaram maior magnitude e foram altamente significativos ($P \leq 0,01$) se comparados com os efeitos aditivos e dominantes. Estes últimos de menor magnitude e não significativos, com exceção dos cruzamentos L1xL5, L3xL5 e L7xL8, mas com estimativas de efeitos aditivos altamente significativas ($P \leq 0,01$).

Na análise conjunta para o caráter AP na média dos ambientes (SA+SF)(Tabela 26), em sete cruzamentos o modelo aditivo-dominante foi adequado para o estudo da variação observada. Os efeitos dominantes apresentaram estimativas positivas e altamente significativas ($P \leq 0,01$), contribuindo no sentido de aumentar a expressão deste caráter, com exceção do cruzamento L2xL4. Esses efeitos apresentaram

magnitudes superiores aos dos efeitos aditivos. Nos 21 cruzamentos restantes, um ou mais dos efeitos de interação digênica, junto com os efeitos aditivos e dominantes, contribuíram para variação entre médias de gerações. Nesses 21 cruzamentos, os efeitos aditivos apresentaram magnitudes inferiores aos dos efeitos dominantes e de interação, sendo suas as estimativas significativas ($P \leq 0,05$) em cinco cruzamentos e altamente significativas ($P \leq 0,01$) em dez cruzamentos. Para os efeitos gênicos dominantes, detectaram-se diferenças significativas ($P \leq 0,05$) em três cruzamentos e altamente significativas ($P \leq 0,01$) em sete cruzamentos.

Entre os efeitos epistáticos de interação digênica destacou-se o componente aditivo x aditivo, apresentando estimativas significativas ($P \leq 0,05$) em um cruzamento e altamente significativas ($P \leq 0,01$) em 15 cruzamentos. Essas estimativas foram superiores aos efeitos aditivos, e em alguns cruzamentos superiores aos efeitos dominantes. Em relação aos outros efeitos de interação digênica, o componente dominante x dominante apresentou estimativas altamente significativas ($P \leq 0,01$) em sete cruzamentos. Os efeitos aditivo x dominante apresentaram menor contribuição, sendo significativo ($P \leq 0,05$) em um cruzamento e altamente significativas ($P \leq 0,01$) em três cruzamentos.

Em resumo, nos resultados obtidos para AP, observou-se que em 50,00% dos cruzamentos em SA e em 53,57% dos cruzamentos em SF, os efeitos epistáticos de interação digênica contribuíram significativamente para a expressão deste caráter. Entre os efeitos de interação, destacou-se o componente aditivo x aditivo, que superou os efeitos aditivos e dominantes. Aliada a essa observação, soma-se o fato de que essas estimativas foram, em sua maioria, negativas, indicando que esse tipo de ação gênica age no sentido de diminuir a expressão do caráter. No que diz respeito aos outros efeitos de interação digênica, o componente dominante x dominante foi relevante em SF, em relação a sua contribuição para a variação em SA, observando-se pouca contribuição para os efeitos aditivo x dominante.

Tanto em SA quanto em SF, verificou-se que em 9 cruzamentos os efeitos epistáticos de interação digênica estão presentes em ambos os ambientes, no

entanto, o componente que contribui para variação nem sempre foi o mesmo. Isto sugere que os mecanismos genéticos são influenciados de forma diferente, conforme o ambiente, sendo também dependentes do genótipo.

Para o caráter AE sob condições de SA (Tabela 27), em 18 dos 28 cruzamentos, apenas o modelo aditivo dominante explicou a variação entre as médias de gerações. Para os três cruzamentos de linhagens do G1 e três envolvendo linhagens do G2 obtiveram-se diferenças não significativas para os efeitos aditivos e os efeitos dominantes, porém com estimativas para os efeitos médios (m) altamente significativas ($P \leq 0,01$). Esses resultados mostram que as linhagens parentais desses grupos são pouco divergentes. Nos demais cruzamentos alguns dos efeitos de interação digênica contribuíram significativamente para a variação entre médias de gerações.

As estimativas dos efeitos aditivos para AE em ambientes com SA, foram significativas ($P \leq 0,05$) em quatro cruzamentos, altamente significativas ($P \leq 0,01$) em seis cruzamentos e não significativas em 18 cruzamentos. Para os cruzamentos envolvendo a linhagem L6 (3,138 cm) a média das estimativas dos efeitos aditivos, em valor absoluto, foi inferior em 34,01% e superior em 34,50% e 115,97% às obtidas para os cruzamentos de linhagens do G1 x linhagens do G2 (4,755 cm), de linhagens do G2 (2,333 cm) e de linhagens do G1 (1,453 cm), respectivamente. Para a população SA4, a média destas estimativas para os cruzamentos de linhagens do G1 x linhagens do G2 (4,755 cm) foi superior em 103,99% e 227,25% às obtidas para os cruzamentos de linhagens do G2 (2,333 cm) e de linhagens do G1 (1,453 cm), respectivamente. Esses resultados indicam uma maior contribuição média dos efeitos aditivos para os cruzamentos de linhagens do G1 x linhagens do G2, relacionadas pela primeira geração de autofecundação que para as não relacionadas.

As estimativas dos efeitos dominantes para AE sob condições de SA, foram significativas ($P \leq 0,01$) em um cruzamento e altamente significativas ($P \leq 0,01$) em 13 e não significativas para os demais cruzamentos. Estas estimativas apresentaram magnitudes superiores aos dos efeitos aditivos, e de menor magnitude na maioria dos cruzamentos em que os efeitos epistáticos são considerados. Quanto ao sinal, estas foram positivas exceto em três cruzamentos que foram negativas, indicando que em

média a sua contribuição para variação de médias de gerações, é no sentido de aumentar a expressão do caráter. A média das estimativas dos efeitos dominantes para os cruzamentos envolvendo a L6 (17,913 cm), foi superior em 17,913%, 373,76% e 593,76% às obtidas para os cruzamentos de linhagens do G1 x linhagens do G2 (9,248 cm), de linhagens do G2 (3,781 cm) e de linhagens do G1 (2,582 cm), respectivamente. Para cruzamentos de linhagens do G1 x linhagens do G2 (9,248 cm), a média destes efeitos foi 154,59% e 258,17% superior em relação às obtidas para cruzamentos de linhagens do G2 (3,781 cm) e de linhagens do G1. (2,582 cm), respectivamente. Esses resultados evidenciam a preponderância dos efeitos dominantes para os cruzamentos não relacionados na expressão da AE em SA, e para os cruzamentos dentro da população SA4 estes são dependentes do grau de parentesco entre as linhagens.

Quanto aos efeitos de interação digênica para AE em ambientes com SA, obtiveram-se estimativas significativas ($P \leq 0,05$) e altamente significativas ($P \leq 0,01$), e não significativas para a maioria dos cruzamentos. Estas estimativas apresentaram magnitudes superiores aos efeitos aditivos e aos efeitos dominantes. Destacou-se o componente aditivo x aditivo contribuindo significativamente para a variação entre gerações em oito cruzamentos. Estes efeitos apresentaram sinal negativo, sugerindo combinações gênicas nas linhagens que foram expressadas nas gerações no sentido de diminuir a expressão do caráter AE. Os efeitos aditivo x dominante e dominante x dominante só foram relevantes em um cruzamento. Observou-se uma maior contribuição dos efeitos aditivos x aditivos para os cruzamentos envolvendo a linhagem L6, sugerindo que combinações gênicas que contribuem a reduzir a AP, foram, também, expressadas nas gerações em que esta linhagem L6 participou dos cruzamentos.

Para o caráter AE em ambientes com SF (Tabela 28), observa-se que em 22 dos 28 cruzamentos o modelo aditivo-dominante foi adequado para explicar a variação observada entre gerações. Os coeficientes de determinação variaram de 66,86% (L1xL7) a 99,33% (L4xL5). Em um cruzamento (L2xL3), obtiveram-se estimativas de efeitos aditivos e dominantes não significativas, porém com uma estimativa de efeitos médios altamente significativa ($P \leq 0.01$). Para cinco cruzamentos

um ou mais dos efeitos de interação digênica contribuíram para a variação entre gerações.

Quanto aos efeitos aditivos para AE em SF, observaram-se diferenças significativas ($P \leq 0,05$) em três cruzamentos, diferenças altamente significativas ($P \leq 0,01$) em 12 cruzamentos e não significativas em 13 cruzamentos. Para os cruzamentos envolvendo a linhagem L6 (9,598 cm) a média das estimativas dos efeitos aditivos, em valor absoluto, foi superior em 66,08%, 369,57% e 173,45% às obtidas para os cruzamentos de linhagens do G1 x linhagens do G2 (5,779 cm), de linhagens do G2 (2,044 cm) e de linhagens do G1 (3,510 cm), respectivamente. Dentro da população SA4, a média destas estimativas para os cruzamentos de linhagens do G1 x linhagens do G2 (5,779 cm) foi superior em 182,73% e 64,64% às obtidas para os cruzamentos de linhagens do G2 (2,044 cm) e de linhagens do G1 (3,510 cm). Esses resultados mostram uma maior contribuição média dos efeitos aditivos para os cruzamentos não relacionados, envolvendo a linhagem L6. Para os cruzamentos dentro da população SA4, esses resultados foram dependentes do grau de parentesco entre as linhagens.

Em relação aos efeitos dominantes para AE em ambientes de SF, detectaram-se estimativas significativas ($P \leq 0,05$) em três cruzamentos, altamente significativas ($P \leq 0,01$) em 20 cruzamentos e não significativas em cinco cruzamentos. Estas estimativas foram positivas, exceto para dois cruzamentos que foram negativas, sugerindo que os efeitos de interação intralocos agem no sentido de aumentar a expressão da AE. A média das estimativas dos efeitos dominantes para os cruzamentos envolvendo a L6 (34,867 cm), foi superior em 66,02%, 115,07% e 63,02% às obtidas para os cruzamentos de linhagens do G1 x linhagens do G2 (21,001 cm), de linhagens do G2 (16,212 cm) e de linhagens do G1 (21,387 cm), respectivamente. Para cruzamentos de linhagens do G1 x linhagens do G2 (21,001 cm), a média destes efeitos foi superior em 29,53% e inferior em 1,80% às obtidas para cruzamentos de linhagens do G2 (16,212 cm) e de linhagens do G1. (21,387 cm), respectivamente. Para ambientes com SA também foi evidente uma maior contribuição dos efeitos dominantes para os cruzamentos não relacionados na expressão da AE; entretanto para os cruzamentos

dentro da população SA4 não se observou uma relação clara entre a magnitude média destas estimativas e o grau de parentesco entre as linhagens.

No que diz respeito aos efeitos epistáticos para AE em SF, destacou-se o componente aditivo x aditivo em quatro cruzamentos, três envolvendo cruzamentos entre linhagens do G1 x linhagens do G2, e um cruzamento envolvendo a linhagem L6. Estas estimativas foram altamente significativas ($P \leq 0,01$) e negativas. Isto sugere que neste grupo de linhagens as interações dos duplos homozigotos são expressadas negativamente nas gerações, diminuindo a expressão do caráter. Em apenas um cruzamento observou-se a contribuição significativa do componente aditivo x dominante.

Nas análises genéticas para AE na média dos ambientes (SA+SF)(Tabela 29), nota-se que em 15 dos 28 cruzamentos, o modelo aditivo-dominante foi adequado para explicar a variação entre médias de gerações. Em quatro cruzamentos não foram detectadas diferenças significativas para os efeitos aditivos e dominantes, sendo os efeitos médios (m) significativos ($P \leq 0.01$). Para nove cruzamentos o modelo aditivo-dominante não foi adequado para explicar a variação, apresentando alguns dos efeitos de interação.

Em relação aos efeitos aditivos para AE na média dos ambientes (SA+SF), obtiveram-se estimativas significativas ($P \leq 0.05$) em quatro cruzamentos, altamente significativas em treze cruzamentos ($P \leq 0.01$), e não significativa nos demais. A média das estimativas dos efeitos aditivos em valor absoluto para os cruzamentos envolvendo a linhagem L6 foram superiores em 82,72% à obtida para os cruzamentos da população SA4 (5,266 cm vs 2,882 cm). Para a população SA4, de acordo com o nível de parentesco, a média das estimativas destes efeitos para os cruzamentos de linhagens do G1 x linhagens do G2 (5,014 cm) foi 152,72% e 356,64% superior em relação às obtidas para os cruzamentos de linhagens do G2 (2,533 cm) e de linhagens do G1 (1,098 cm), respectivamente. Esses resultados mostram uma nítida relação entre o nível de parentesco e a expressão dos efeitos aditivos na variação entre as médias das gerações.

Quanto aos efeitos dominantes para AE na média dos ambientes (SA+SF), detectaram-se estimativas altamente significativas ($P \leq 0,01$) em 18 cruzamentos e não significativas em 10 cruzamentos. Estas estimativas apresentaram sinais positivos, exceto um cruzamento que foi negativa, indicando que estes efeitos de interação intralocos atuam no sentido de aumentar a expressão deste caráter. A média das estimativas dos efeitos dominantes para os cruzamentos envolvendo a linhagem L6 foi 100,81% superior em relação à obtida para os cruzamentos de linhagens da população SA4, o que indica maior preponderância dos efeitos dominantes para cruzamentos não relacionados. Para a população SA4 a média das estimativas dos efeitos dominantes para os cruzamentos de linhagens do G1 x linhagens do G2 (14,550 cm) foi superior em 44,0% e 86,18% às obtidas para os cruzamentos de linhagens do G2 (10,104 cm) e de linhagens do G1 (7,815 cm), respectivamente. Esses resultados sugerem que, em média, a maior contribuição desses efeitos foram para os cruzamentos envolvendo linhagens menos aparentadas.

Em relação aos efeitos apistáticos para EP na média dos ambientes, destacou-se o componente aditivo x aditivo em seis cruzamentos, três envolvendo a linhagem L6 e três envolvendo cruzamentos de linhagens do G1 x linhagens do G2. Estes efeitos apresentaram sinal negativo e magnitudes superiores aos efeitos aditivos e dominantes. Esses resultados sugerem que os efeitos interação dos locos homozigóticos agem reduzindo a expressão da AE nesses cruzamentos. Para o cruzamento L6xL8 além dos efeitos aditivos, o efeito de interação dominante x dominante contribui para a variação, entretanto, o sinal negativo sugere que esta interação interloco, quando presente, pode atuar no sentido de reduzir a AE.

Em geral, para o caráter AE, observou-se que em 32,14% e 17,86% dos cruzamentos em ambientes com SA e SF, respectivamente, os efeitos epistáticos de interação digênica contribuíram significativamente para a expressão deste caráter. Entre os efeitos de interação, destacou-se o componente aditivo x aditivo, apresentando estimativas negativas e de magnitudes superiores aos efeitos aditivos e efeitos dominantes. Para os cruzamentos em que o modelo aditivo-dominante foi suficiente para explicar a variação entre médias de gerações, os efeitos dominantes apresentaram

estimativas significativas e de maior magnitude que os efeitos aditivos. Para os efeitos aditivos observaram-se estimativas significativas em 17 dos 28 cruzamentos. Em relação à origem genética das linhagens, observou-se uma nítida relação entre a magnitude das estimativas dos diferentes efeitos gênicos e o grau de parentesco, isto é, uma maior contribuição para os cruzamentos não relacionados, quando comparados com os cruzamentos de linhagens da população SA4 aparentadas através de diferentes gerações de autofecundação.

Na cultura de milho, estudos de herança para os caracteres AP e AE em condições de SF, tem indicado ampla variação genética. Para o caráter AP, Gamble (1962a), baseado na análise de médias de gerações reportou que estimativas de efeitos gênicos foram em ordem de importância: efeitos dominantes, efeitos epistáticos e efeitos aditivos, que em geral, concordam com os resultados discutidos. Entretanto, Darrah & Hallauer (1972) reportaram para AP e AP uma maior contribuição dos efeitos dominantes e aditivos, sendo os efeitos epistáticos significativos em cruzamentos específicos. Também, Thompsom et al. (1971) estimaram uma contribuição média de 90% dos efeitos aditivos e dominantes à variação observada entre médias de gerações para AE, sendo a dominância a principal fonte de variação.

4.4.1. Número de espigas por planta (EP)

Para o caráter EP em ambientes com SA, SF e na média dos ambientes (SA+SF), detectaram-se significâncias para os efeitos médios (m) em todos os cruzamentos (Tabelas 30 a 32). Para os efeitos aditivos em SA detectou-se significância em um único cruzamento. Situação semelhante ocorreu em SF; na combinação de ambientes (SA+SF) não foi detectada nenhuma significância. Para os efeitos dominantes em SA, doze cruzamentos apresentaram estimativas significativas. Entretanto, para SF só um cruzamento apresentou significância e na média dos ambientes apenas três cruzamentos. Esses resultados mostram uma maior expressão dos efeitos dominantes sob condições de SA quando comparados com os demais ambientes, indicando sua contribuição para a variação entre médias de gerações nesse ambiente.

Quanto aos efeitos epistáticos, apenas um cruzamento em SA e outro em SA+SF apresentaram estimativas significativas, indicando uma baixa contribuição na expressão do caráter EP.

Em geral, para este caráter, as linhagens apresentaram baixa divergência genética, o que não permitiu a detecção de estimativas significativas para os diferentes efeitos gênicos para a maioria dos cruzamentos, indicando que os efeitos médios (m) de cada cruzamento seria a melhor estimativa do nível de expressão dos diferentes genótipos.

4.4. Considerações finais

Em geral, os resultados obtidos neste estudo reforçam relatos da literatura sobre a influência da acidez do solo, principalmente a presença de níveis tóxicos de alumínio, na redução da expressão fenotípica de caracteres em milho, tais como produção de grãos (PG), altura de planta (AP), altura de espiga (AE) e número de espigas por planta (EP). Entretanto para o caráter dias para o florescimento feminino não se obtiveram acréscimos normalmente reportados para este caráter sob condições de SA. Considerando as médias gerais, a variável PG mostrou uma acentuada redução (54,44%) em ambientes de SA em relação à obtida sob condições de SF (1,58 t ha⁻¹ vs 3,19 t ha⁻¹). Do mesmo modo, houve também uma redução significativa nas médias de AP e AE (25,83% e 34,85%, respectivamente) e um efeito menor e não significativo para EP (13,95%) e FF (1,19%).

Para o caráter PG, usado como critério principal de seleção, as linhagens parentais não apresentaram efeitos de interação com o ambiente, nas diferentes análises consideradas, o que era esperado, uma vez que as populações de onde elas foram obtidas têm sido melhoradas através de seleção recorrente, usando progênies S₁ como unidade de recombinação e seleção e uma ampla gama de ambientes de SA e SF. Em relação aos efeitos de interação com o ambiente para as gerações F₁'s, F₂'s e RC's observaram-se efeitos significativos, exceto para F₂'s em SF, indicando um comportamento diferencial nos ambientes avaliados.

Os efeitos de interação com ambientes das gerações parentais, F_1 's, F_2 's e RC's para de AP e AE não apresentaram significância, já prevista, por serem pouco influenciados pelo ambiente, isto é, por apresentarem alta herdabilidade. Quanto ao caráter FF, também caracterizada por apresentar alta herdabilidade, em ambientes de SA, detectaram-se efeitos significativos na interação tipos de gerações x ambientes, com exceção da geração F_2 . Isto indica um comportamento diferencial dos genótipos dentro de cada tipo de geração, conforme o ambiente. A explicação possível é dada pelas diferenças significativas, observadas na variação em ambientes de SA (Santander de Quilichao e Sete Lagoas).

No que se refere à análise genética das médias de gerações, os resultados indicaram que na determinação do caráter PG que os efeitos de dominância foram mais importantes que os efeitos aditivos e epistáticos. Porém, esta contribuição foi dependente da relação genética entre as linhagens envolvidas nos cruzamentos analisados. Os efeitos aditivos apresentaram estimativas de magnitudes inferiores aos efeitos dominantes, sendo significativas em 60,71% dos cruzamentos em ambientes com SA e em 21,43% dos cruzamentos em SF. As estimativas dos efeitos dominantes em ambientes com SA, foram significativas em 78,57% dos cruzamentos, e em 100,0% dos cruzamentos em SF, apresentando estimativas de magnitudes superiores aos efeitos médios (m) na maioria dos cruzamentos. Apenas em alguns cruzamentos específicos, os efeitos epistáticos de interação digênica contribuíram para a variação entre gerações, com maior relevância dos efeitos aditivo x dominante em SA e aditivo x aditivo em SF. Estimativas de efeitos gênicos em estudos de tolerância ao alumínio em milho apresentam similaridade com a ordem de importância apresentada neste estudo, o que indica a relevância dos efeitos gênicos dominantes na herança da tolerância do milho a solos ácidos, mas também são importantes em solos férteis (Ceballos et al., 1998). Assim, tanto em solos ácidos como em solos férteis os efeitos epistáticos foram detectados em poucos cruzamentos o que permite concluir que em apenas alguns cruzamentos específicos estes são importantes.

Para o caráter florescimento feminino os efeitos aditivos em SA foram significativos em 39,28% dos cruzamentos, e em SF em 7,14% dos cruzamentos,

indicando baixa contribuição para a variação entre gerações. As estimativas dos efeitos dominantes apresentaram magnitudes superiores aos dos efeitos aditivos, sendo significativas em 75% dos cruzamentos em ambientes com SA e em 21,43% dos cruzamentos em SF. Os sinais das estimativas dos efeitos dominantes foram negativas para a maioria dos cruzamentos, isto é, contribuem para um florescimento mais precoce, acrescentando-se que comercialmente é uma característica desejável. Os efeitos epistáticos foram significativos em 7,14% dos cruzamentos em SA e em 17,86% em SF, mostrando que a contribuição desses efeitos se dão para cruzamentos específicos, isto é, não são generalizados. para a variação entre gerações.

Embora AP e AE, não tenham sido considerados como critério para a seleção das linhagens, a análise genética da médias registrou que em 50% e 32,14% dos cruzamentos em SA, e em 53,57% e em 17,86% dos cruzamentos em SF, os efeitos de interação digênica foram significativos. Sobressaíram os efeitos do tipo aditivo x aditivo, sendo em alguns cruzamentos de maior magnitude que os efeitos aditivos e dominantes. Em geral, para os cruzamentos onde os efeitos epistáticos do tipo aditivo x aditivo estão presentes, a magnitude dos efeitos aditivos e dominantes foi menor para a maioria dos cruzamentos. Embora, a maioria dos cruzamentos exibiram estimativas significativas para os efeitos gênicos aditivos, o que indica a presença de variação aditiva nos caracteres AP e AE, sua magnitude sugere uma importância menor que outros tipos de ação gênica. Os sinais desses efeitos foram em sua maioria negativas, o que sugere que combinações gênicas nas linhagens que contribuíram para reduzir AP e AE foram, também, expressadas nas diversas gerações avaliadas.

Analisando as linhagens utilizadas neste estudo, foi evidente que a magnitude e significância das estimativas dos diferentes efeitos gênicos foram dependentes da relação genética existente entre elas. Para todas as variáveis analisadas, os cruzamentos envolvendo a linhagem L6 da população SA5 com linhagens da população SA4, apresentaram estimativas de efeitos gênicos em sua maioria significativos e de maior magnitude quando comparadas às obtidas para os cruzamentos entre e dentro dos grupos G1 e G2, o que era previsto, já que as linhagens desses grupos tem sua origem em uma progênie de irmão germanos da população SA4. Também,

comparações entre as estimativas de efeitos gênicos, obtidas da análise de médias de gerações, para os cruzamentos de linhagens oriundos da população SA4, foram dependentes do grau de parentesco entre elas.

Em seu conjunto, os resultados desta pesquisa, evidenciaram a importância dos efeitos dominantes na expressão do caráter produção de grãos sob condições de SA e de SF, uma vez que independentemente da origem genética das linhagens, estes efeitos explicaram a maior parte da variação observada entre médias de gerações. Concordando com estudos prévios realizados por Ceballos et al. (1998) que usaram linhagens tolerantes e sensíveis derivadas, também, das populações SA4 e SA5.

CONCLUSÕES

Os resultados obtidos neste estudo permitiram obter as seguintes conclusões:

a - Os solos ácidos causaram redução nas médias dos caracteres produção de grãos (PG), altura da planta (AP), altura da espiga (AE), número de espigas por planta (EP), e não alterou o número de dias para o florescimento feminino (FF), quando comparado aos solos não ácidos.

b - Os níveis de heterose apresentaram uma estreita relação com a divergência genética das linhagens parentais, e com exceção do caráter EP, as magnitudes médias de heterose foram superiores em condições de solos férteis.

c - Em média, os efeitos dominantes foram mais importantes que os aditivos e epistáticos, e os efeitos epistáticos foram importantes para poucos cruzamentos, nos dois tipos de solos e para os caracteres PG, FF e EP.

d - Em média, os efeitos de dominância foram positivos e os efeitos epistáticos foram negativos para os caracteres PG, AP e AE, e o inverso ocorreu para FF. Assim, os efeitos de dominância contribuíram de forma positiva para PG e FF e os epistáticos, também de forma positiva, para AP e AE.

e - Os efeitos epistáticos foram mais importantes para os caracteres AP e AE em condições de SA e para o caráter AP em ambientes com SF que para os demais caracteres. Para a maioria dos cruzamentos esses efeitos apresentaram magnitudes superiores aos aditivos e dominantes para estes caracteres.

Tabela 5.- Valores de pH, níveis de fósforo (P), percentagem de saturação de alumínio e valores médios para produção de grãos (PG), florescimento feminino (FF), altura de planta (AP) e espiga (AE) e número de espigas planta (EP) de oito linhagens e suas gerações avaliadas em solos ácidos e férteis no Brasil e Colômbia. 1997B-1999A.

Ambiente	pH	P ppm	Al % Saturação	PG t ha ⁻¹	FF dias	AP cm	AE cm	EP n°
Villavicencio 97B ¹ (VV1)	4,5	8,0	55	1,203	59,1	127,7	45,2	0,85
Villavicencio 98B ¹ (VV2)	4,8	8,5	55	1,293	58,2	117,9	40,8	0,83
S. Quilichao 97B ¹ (SQ)	4,5	9,0	52	1,899	66,3	128,9	51,9	0,90
Sete lagoas 99A ¹ (SL)	4,8	4,0	45	1,928	55,2	133,8	55,2	0,99
Palmira 97B ² (PAL1)	6,6	> 60	< 1	3,334	58,4	180,3	78,3	1,00
Palmira 98B ² (PAL2)	6,6	> 60	< 1	3,046	59,5	162,3	69,9	0,95

¹ Solo ácido

² Solo fértil

Tabela 6.- Produção média de grãos (t ha⁻¹) das linhagens parentais avaliadas em ambientes com solos ácidos e com solos férteis. 1997B-1999A.

Linhagem	Ambientes com solos ácidos				Ambientes com solos férteis		média através de ambientes	
	VV 1	VV 2	SQ	SL	média			
					PAL 1	PAL 2		
L1	0,885	0,852	1,675	1,499	1,988	0,529	1,259	1,238
L2	0,663	0,387	1,048	1,167	1,734	0,836	1,285	0,973
L3	0,485	0,355	0,892	0,715	1,175	0,524	0,850	0,691
L4	0,469	0,618	0,715	0,862	1,156	0,401	0,778	0,703
L5	0,824	0,939	1,403	1,099	1,643	0,639	1,141	1,091
L6	0,727	0,577	1,218	1,191	1,635	0,709	1,172	1,009
L7	0,835	0,600	1,407	1,016	2,240	0,761	1,501	1,143
L8	0,630	0,248	0,643	0,823	1,629	0,580	1,104	0,759
Média	0,690	0,572	1,125	1,046	1,650	0,746	1,136	0,950

Tabela 7 - Quadrados médios das análises de variâncias individuais de produção de grãos (PG), florescimento feminino (FF), altura da planta (AP) e espiga(AE) e número de espigas por planta (EP) para oito linhagens e suas gerações avaliadas em ambientes com solos ácidos. Villavicencio 1 (VV1)-Colômbia 1997B.

Fonte de variação	GI	Quadrados médios				
		PG t ha ⁻¹	FF dias	AP cm	AE cm	EP número
Repetições	2	1,406	49,825	617,500	593,958	0,018
Tratamentos	119	0,438**	10,228**	499,729**	304,280**	0,014*
Parentais	7	0,074	3,137	361,755**	173,809**	0,012
F ₁ 's	27	0,706**	18,344**	630,280**	452,149**	0,013
F ₂ 's	27	0,177**	5,959**	395,888**	249,063**	0,016**
RC's	55	0,309**	5,485**	283,333**	200,841**	0,009
Entre Gerações	3	3,593**	79,104**	4548,512**	1671,230**	0,086**
Erro	238	0,063	2,962	83,116	70,849	0,009
Média geral		1,203	59,1	127,7	45,2	0,85
Média parentais		0,690	61,2	105,6	31,7	0,78
Média F ₁ 's		1,382	58,0	132,0	46,7	0,87
Média F ₂ 's		1,075	59,6	126,8	47,4	0,83
Média RC's		1,250	59,0	129,2	45,3	0,87
CV (%)		20,94	2,91	7,14	18,62	11,04

***, P ≤ 0,01, P ≤ 0,05, respectivamente.

Tabela 8 - Quadrados médios das análises de variâncias individuais de produção de grãos (PG), florescimento feminino (FF), altura da planta (AP) e espiga(AE) e número de espigas por planta (EP) para oito linhagens e suas gerações avaliadas em ambientes com solos ácidos. Villavicencio 2 (VV2)-Colômbia 1998B.

Fonte de variação	Gl	Quadrados médios				
		PG t ha ⁻¹	FF dias	AP cm	AE cm	EP número
Repetições	2	0,829	22,119	690,203	285,369	0,044
Tratamentos	119	0,625**	11,573**	586,860**	192,411**	0,029**
Parentais	7	0,172*	10,571**	420,952**	143,333**	0,042**
F ₁ 's	27	0,692**	12,520**	524,677**	188,404**	0,021
F ₂ 's	27	0,203**	7,009**	475,804**	138,257**	0,021
RC's	55	0,263**	6,876**	356,391**	126,240**	0,019
Entre Gerações	3	11,496**	132,566**	6758,405**	2043,496**	0,326**
Erro	238	0,070	2,988	99,144	46,221	0,015
Média geral		1,293	58,2	117,9	40,8	0,83
Média parentais		0,572	61,5	97,3	31,5	0,81
Média F ₁ 's		1,778	57,1	128,5	47,3	0,92
Média F ₂ 's		1,210	58,8	115,6	38,5	0,81
Média RC's		1,194	58,1	116,6	40,0	0,79
CV (%)		20,42	2,97	8,45	16,66	14,60

**, * P ≤ 0,01, P ≤ 0,05, respectivamente.

Tabela 9 - Quadrados médios das análises de variâncias individuais de produção de grãos (PG), florescimento feminino (FF), altura da planta (AP) e espiga(AE) e número de espigas por planta (EP) para oito linhagens e suas gerações avaliadas em ambientes com solos ácidos. S. Quilichao (SQ)-Colômbia 1997B.

Fonte de variação	GI	Quadrados médios				
		PG t ha ⁻¹	FF dias	AP cm	AE cm	EP número
Repetições	2	0,422	31,558	1131,944	2418,819	0,005
Tratamentos	119	1,421**	16,250**	750,747**	394,117**	0,015**
Parentais	7	0,398*	11,327*	639,136**	194,643*	0,020*
F ₁ 's	27	2,116**	22,615**	737,246**	354,453**	0,015**
F ₂ 's	27	0,846**	8,660**	767,240**	438,569**	0,011
RC's	55	0,971**	11,367**	622,251**	381,245**	0,016**
Entre Gerações	3	10,986**	128,276**	3339,997**	1052,457**	0,011**
Erro	238	0,156	4,418	193,289	86,536	0,008
Média geral		1,899	66,3	128,9	51,9	0,90
Média parentais		1,125	67,8	110,2	41,2	0,86
Média F ₁ 's		2,330	65,3	129,8	52,3	0,90
Média F ₂ 's		1,948	65,0	133,2	54,1	0,90
Média RC's		1,770	67,1	128,9	52,2	0,91
CV (%)		20,83	3,17	10,79	17,91	9,69

**, * P ≤ 0,01, P ≤ 0,05, respectivamente.

Tabela 10 - Quadrados médios das análises de variâncias individuais de produção de grãos (PG), florescimento feminino (FF), altura da planta (AP) e espiga(AE) e número de espigas por planta (EP) para oito linhagens e suas gerações avaliadas em ambientes com solos ácidos. Sete Lagoas (SL)-Brasil 1999A.

Fonte de variação	GL	Quadrados médios			
		PG t ha ⁻¹	FF dias	AP cm	EP número
Repetições	2	8,363	2,003	4964,886	3030,519
Tratamentos	119	1,091**	11,026**	540,391**	203,462**
Parentais	7	0,188	10,476**	442,708**	147,470*
F ₁ 's	27	1,885**	11,873**	544,885**	169,786**
F ₂ 's	27	0,508	6,984**	475,734**	220,727**
RC's	55	0,498	8,351**	469,913**	209,413**
Entre Gerações	3	12,157**	90,112**	2601,873**	372,695**
Erro	238	0,139	1,863	143,925	68,172
Média geral		1,928	55,2	133,8	55,3
Média parentais		1,046	57,3	117,7	49,4
Média F ₁ 's		2,373	53,9	136,9	55,3
Média F ₂ 's		1,828	55,4	131,9	54,5
Média RC's		1,881	55,5	135,5	56,4
CV (%)		19,31	2,47	8,97	14,94

**, * P ≤ 0,01, P ≤ 0,05, respectivamente.

Tabela 11 - Quadros médios das análises de variâncias individuais de produção de grãos (PG), florescimento feminino (FF), altura da planta (AP) e espiga(AE) e número de espigas por planta (EP) para oito linhagens e suas gerações avaliadas em ambientes com solos férteis. Palmira (PAL 1)-Colômbia 1997B.

Fonte de variação	Gl	Quadros médios				
		PG t ha ⁻¹	FF dias	AP cm	AE cm	EP número
Repetições	2	0,189	12,569	1054,444	3178,958	0,003
Tratamentos	119	3,949**	11,932**	1054,900**	650,000**	0,024**
Parentais	7	0,403	6,452**	649,851**	467,708**	0,048**
F ₁ 's	27	6,497**	15,444**	1206,206**	933,336**	0,019
F ₂ 's	27	1,735**	7,369**	766,578**	556,000**	0,022
RC's	55	1,698**	8,547**	630,866**	429,307**	0,023**
Entre Gerações	3	50,482**	96,251**	11007,100**	3417,113	0,072**
Erro	238	0,215	1,939	139,178	114,252	0,014
Média geral		3,334	58,4	180,3	78,3	1,00
Média parentais		1,650	61,4	151,0	65,2	1,01
Média F ₁ 's		4,292	57,5	192,2	86,4	0,98
Média F ₂ 's		3,181	58,5	180,5	78,1	1,04
Média RC's		3,173	58,4	178,4	76,3	0,98
CV (%)		13,92	2,38	6,54	13,64	11,75

***, $P \leq 0,01$, $P \leq 0,05$, respectivamente.

Tabela 12 - Quadrados médios das análises de variâncias individuais de produção de grãos (PG), florescimento feminino (FF), altura da planta (AP) e espiga(AE) e número de espigas por planta (EP) para oito linhagens e suas gerações avaliadas em ambientes com solos férteis. Palmira (PAL 2)-Colômbia 998B.

Fonte de variação	Gl	Quadrados médios				
		PG t ha ⁻¹	FF dias	AP cm	AE cm	EP número
Repetições	2	0,211	2,303	180,169	103,953	0,056
Tratamentos	119	4,264**	17,764**	962,631**	544,133**	0,041**
Parentais	7	0,061	5,946	507,428**	181,803*	0,074**
F ₁ 's	27	4,858**	12,379**	878,046**	507,952**	0,052*
F ₂ 's	27	1,484**	13,453**	692,011**	591,935**	0,025
RC's	55	1,870**	14,400**	576,486**	363,894**	0,041*
Entre Gerações	3	77,657**	194,284**	12300,931**	4589,363**	0,018
Erro	238	0,288	4,081	108,080	83,535	0,017
Média geral		3,046	59,5	162,3	69,8	0,95
Média parentis		0,622	62,7	128,0	47,8	0,92
Média F ₁ 's		4,071	57,6	172,4	74,8	0,97
Média F ₂ 's		2,868	59,9	162,8	69,9	0,94
Média RC's		2,968	59,8	161,9	70,4	0,95
CV (%)		17,61	3,39	6,40	13,09	13,89

**, * P ≤ 0,01, P ≤ 0,05, respectivamente.

Tabela 13 - Quadrados médios das análises conjuntas de variâncias de produção de grãos (PG), florescimento feminino (FF), altura de planta (AP) e espiga (AE) e número de espigas por planta (EP) para oito linhagens e suas gerações avaliadas em ambientes com solos ácidos. 1997-1999.

Fonte de variação	Gl	Quadrados médios				
		PG t ha ⁻¹	FF dias	AP cm	AE Cm	EP número
Ambientes (A)	3	53,748**	7866,358**	16035,035**	15303,211**	1,829**
Rep/Amb,	8	2,755	26,376	1851,133	1707,168	0,059
Tratamentos (T)	119	2,782**	33,385**	1842,960**	815,618**	0,031**
Parentais	7	0,633**	19,548**	1229,189**	397,284*	0,036
F ₁ 's	27	4,354**	47,103**	2066,824**	914,804**	0,023*
F ₂ 's	27	1,043**	21,533**	1614,959**	839,020**	0,028**
RC's	55	1,407**	18,527**	1230,959**	655,983**	0,026**
Entre Gerações	3	34,515**	321,265**	14536,291**	3615,090*	0,219
Trat, x Amb,	357	0,264**	5,231**	178,256**	92,844**	0,015**
Parentais x A	21	0,066	5,321*	211,788	87,324	0,027**
F ₁ 's x A	81	0,348**	6,083**	123,422	83,330	0,012
F ₂ 's x A	81	0,230**	2,359	166,715	69,199	0,011
RC's x A	165	0,211**	4,517**	166,997	87,252	0,013
E, Ger. x A	9	0,239*	36,264**	904,165**	508,263**	0,087**
Erro	952	0,107	3,058	129,869	67,945	0,011
Média geral		1,581	59,7	127,1	48,3	0,89
Média parentais		0,858	62,0	107,7	38,4	0,84
Média F ₁ 's		1,966	58,6	131,8	50,4	0,93
Média F ₂ 's		1,515	59,7	126,9	48,6	0,88
Média RC's		1,524	59,9	127,5	48,4	0,89
CV (%)		20,70	2,93	8,97	17,07	11,74

***, P ≤ 0,01, P ≤ 0,05, respectivamente.

Tabela 14 - Quadros médios das análises conjuntas de variâncias de produção de grãos (PG), florescimento feminino (FF), altura de planta (AP) e espiga (AE) e número de espigas por planta (EP) para oito linhagens e suas gerações avaliadas em ambientes com solos férteis. 1997-1998.

Fonte de variação	GI	Quadros médios				
		PG t ha ⁻¹	FF dias	AP cm	AE cm	EP número
Ambientes (A)	1	14,990**	222,222**	58320,000**	13073,089*	0,392*
Rep/Amb,	4	0,200	7,436	617,307	1641,456	0,029
Tratamentos (T)	119	7,746**	25,687**	1889,813**	1065,260**	0,039*
Parentais	7	0,328	6,378	988,164*	604,667**	0,036
F ₁ 's	27	10,752**	25,847**	1960,177**	1253,289**	0,045
F ₂ 's	27	2,955**	18,009**	1266,675**	1001,505**	0,033*
RC's	55	3,133**	18,396**	1118,866**	719,389**	0,041*
Entre Gerações	3	125,686**	272,060*	23102,653**	7362,474*	0,020
Trat, x Amb,	119	0,467**	4,009*	127,717	128,873*	0,026**
Parentais x A	7	0,136	6,021	169,116	44,845	0,086**
F ₁ 's x A	27	0,603**	1,976	124,075	188,029**	0,025*
F ₂ 's x A	27	0,264	2,813	191,914	146,426	0,014
RC's x A	55	0,435**	4,550*	88,485	73,813	0,022
E.Ger x A	3	2,454**	18,475**	205,378	644,002**	0,069**
Erro	476	0,252	3,010	123,629	98,894	0,016
Média geral		3,190	58,9	171,3	74,1	0,98
Média parentais		1,136	62,1	139,5	56,5	0,97
Média F ₁ 's		4,182	57,5	182,3	80,6	0,98
Média F ₂ 's		3,024	59,2	171,6	74,0	0,99
Média RC's		3,071	59,1	170,2	73,4	0,97
CV (%)		15,72	2,94	6,49	13,43	12,82

**, * P ≤ 0,01, P ≤ 0,05, respectivamente.

Tabela 15 - Quadrados médios das análises conjuntas de variância de produção de grãos (PG), florescimento feminino (FF), altura de planta (AP) e espiga (AE) e número de espigas por planta (EP) para oito linhagens e suas gerações avaliadas em ambientes de solos ácidos e férteis. 1997-1999.

Fonte de variação	Gl	Quadrados médios				
		PG t ha ⁻¹	FF dias	AP cm	AE cm	EP número
Ambientes (A)	5	283,899**	4817,363**	209211,820**	75560,459**	1,848**
Rep/Amb,	12	1,903	20,063	1439,860	1685,263	0,049
Tratamentos (T)	119	8,517**	54,302**	3558,610**	1687,343**	0,048**
Parentais	7	0,794**	18,372**	2064,646**	773,174**	0,037
F ₁ 's	27	12,504**	68,000**	3822,907**	1984,790**	0,040**
F ₂ 's	27	3,129**	36,941**	2657,865**	1660,724**	0,042**
RC's	55	3,732**	31,975**	2167,570**	1241,976**	0,049**
Entre Gerações	3	126,895**	580,410**	34308,410**	9558,005**	0,154
Trat. x Amb,	595	0,654**	4,894**	187,330**	120,212**	0,019**
Parentais x A	35	0,100	5,908*	191,437*	107,119	0,041**
F ₁ 's x A	135	0,850**	5,035*	139,687	124,264**	0,018**
F ₂ 's x A	135	0,365**	2,498	183,078**	106,765**	0,013
RC's x A	275	0,375**	4,610**	154,334*	93,793*	0,016*
E. Ger x A	15	7,895**	28,036**	1249,680**	716,670**	0,083**
Error	1428	0,155	3,042	127,790	78,261	.. 0,012
Média geral		2,117	59,4	141,8	56,9	0,92
Média parentais		0,950	62,0	118,3	44,5	0,88
Média F ₁ 's		2,704	58,2	148,6	60,4	0,94
Média F ₂ 's		2,018	59,5	141,8	57,1	0,92
Média RC's		2,039	59,7	141,8	56,7	0,92
CV (%)		18,61	2,93	7,97	15,65	12,16

** *, P ≤ 0,01, P ≤ 0,05, respectivamente.

Tabela 1. Genealogia da linhagens usadas

Tabela 16 – Estimativas de heterose (%) para os 28 cruzamentos, em relação à média do parental superior, para produção de grãos (PG) e florescimento feminino (FF), avaliados em solos ácidos (SA), em solos férteis (SF) e na média de SA+SF 1997-1999.

Cruzamento	PG			FF		
	SA	SF	SA+SF	SA	SF	SA+SF
L1 x L5	10,59	53,53	11,15	0,63	-2,34	0,48
L1 x L7	-5,37	43,37	20,52	-0,80	-1,56	-0,32
L5 x L7	30,30	34,24	39,81	-1,11	0,00	-0,64
Médias	11,84	43,71	23,83	-0,43	-1,30	-0,16
L2 x L3	20,09	82,80*	47,58	-2,91	-6,53**	-4,18**
L2 x L4	21,32	77,04*	45,73	-0,16	-6,37**	-2,41
L2 x L8	82,72**	139,14**	107,40**	-6,96**	-9,24**	-5,91**
L3 x L4	35,89	153,88**	88,19**	-1,13	-5,14**	-2,42
L3 x L8	155,39**	198,46**	181,95**	-6,90**	-9,02**	-7,55**
L4 x L8	96,40**	181,43**	151,25**	-2,46*	-8,36**	-5,33**
Médias	68,64	138,79	103,68	-3,01	-7,44	-4,63
L1 x L2	64,82**	278,68**	140,06**	-7,22**	-12,19**	-9,09**
L1 x L3	79,07**	232,96**	131,26**	-8,70**	-12,03**	-9,73**
L1 x L4	99,02**	255,60**	152,18**	-6,82**	-12,03**	-8,61**
L1 x L8	74,35**	217,95**	123,10**	-5,96**	-12,03**	-7,97**
L2 x L5	89,40**	293,62**	177,91**	-6,03**	-11,30**	-7,48**
L3 x L5	102,81**	273,97**	162,51**	-7,14**	-9,28**	-7,80**
L4 x L5	110,88**	339,96**	190,74**	-8,25**	-8,48**	-8,28**
L5 x L8	76,27**	285,28**	149,13**	-7,94**	-9,12**	-8,28**
L2 x L7	123,96**	189,47**	152,58**	-4,78**	-8,12**	-7,22**
L3 x L7	138,48**	203,80**	167,10**	-9,57**	-6,99**	-8,67**
L4 x L7	130,81**	238,24**	177,86**	-7,65**	-9,48**	-7,86**
L7 x L8	107,26**	197,73**	146,81**	-6,88**	-7,32**	-7,22**
Médias	99,76	250,61	155,94	-7,25	-9,86	-8,18
L1 x L6	133,63**	323,19**	197,78**	-9,42**	-7,50**	-7,47**
L2 x L6	174,35**	337,59**	254,01**	-12,56**	-11,15**	-11,45**
L3 x L6	186,75**	371,59**	258,37**	-12,56**	-9,43**	-11,45**
L4 x L6	142,78**	397,53**	241,53**	-10,52**	-10,29**	-10,02**
L5 x L6	179,74**	418,09**	267,74**	-8,01**	-7,68**	-7,31**
L6 x L7	190,87**	312,52**	244,09**	-8,95**	-6,83**	-8,11**
L6 x L8	142,24**	363,05**	227,75**	-8,95**	-8,94**	-8,91**
Médias	164,34	417,65	240,18	-10,14	-8,83	-9,25
Médias gerais	99,82	246,24	151,65	-6,33	-8,17	-6,83

*, ** $P \leq 0,05$ e $P \leq 0,01$, respectivamente.

Tabela 17 – Estimativas de heterose (%) para os 28 cruzamentos, em relação à média do parental superior, para altura de planta (AP), altura de espiga (AE) e número de espigas por planta (NE), avaliados em solos ácidos (SA), em solos férteis (SF) e na média de SA+SF 1997-1999.

Cruzamento	AP			AE			EP		
	SA	SF	SA+SF	SA	SF	SA+SF	SA	SF	SA+SF
L1 x L5	-6,58	-1,29	-4,49	-7,27	13,98	9,03	1,12	-18,08	-6,59
L1 x L7	5,28	6,23	5,63	5,29	11,40	9,78	-6,82	22,22*	-12,77*
L5 x L7	4,16	11,13*	6,92*	4,63	25,12*	15,97*	5,62	-9,26	1,06
Médias	0,95	5,36	2,69	0,88	16,83	11,59	-0,03	1,171	-6,10
L2 x L3	8,28	9,50	8,86*	11,99	6,38	27,08**	4,76	-12,38	-2,20
L2 x L4	-3,64	10,71*	2,17	-6,31	19,05	3,87	7,14	-9,52	0,00
L2 x L8	14,41**	17,86**	15,81**	25,79*	12,77	20,05*	13,09*	-2,86	6,59
L3 x L4	0,36	10,78*	3,93	4,29	9,52	6,38	5,13	0,00	2,41
L3 x L8	22,04**	40,55**	29,11**	18,13	52,84**	32,02**	9,88	-4,85	5,68
L4 x L8	11,36*	25,72**	16,96**	7,32	34,86*	18,22*	19,75**	-3,88	12,50*
Médias	8,80	19,19	12,81	10,20	22,57	17,94	9,96	-5,68	4,16
L1 x L2	18,82**	30,93**	26,93**	16,17	20,36	18,07	6,82	-8,57	4,40
L1 x L3	21,90**	37,38**	27,75**	21,14*	22,80*	21,97**	4,54	2,17	6,90
L1 x L4	18,91**	30,53**	23,48**	23,38*	16,57	20,32**	7,95	9,09	11,49*
L1 x L5	17,61**	35,45**	24,35**	20,15*	20,36*	20,32*	9,09	-14,56	6,82
L2 x L5	8,00	15,99**	11,10**	2,86	36,02**	14,97	1,12	-0,95	3,30
L3 x L5	13,17**	15,99**	14,30**	8,37	36,59**	18,71**	6,74	-2,13	3,30
L4 x L5	19,42**	31,07**	24,03**	22,03**	81,43**	43,87*	10,11	-5,32	5,49
L5 x L8	13,92	27,31**	19,16**	14,76	65,67**	33,47	-3,37	8,74	4,40
L2 x L7	14,62**	24,27**	18,38**	6,44	13,27	9,18	8,05	-14,81	-1,06
L3 x L7	22,14**	20,34**	21,47**	17,93*	21,17	19,16**	5,75	-3,70	2,13
L4 x L7	23,96**	30,51**	26,55**	24,60**	36,97**	29,74**	8,05	0,93	5,32
L7 x L8	13,49**	22,58**	17,12**	12,18	27,65*	18,56*	6,90	-5,55	2,13
(βMédias	17,16	26,86	21,22	15,83	33,24	22,36	5,98	-2,89	4,55
L1 x L6	25,22**	31,01**	27,59**	55,48**	39,48**	47,93**	2,22	-3,19	0,00
L2 x L6	27,72**	30,31**	28,83**	41,72**	24,42**	33,65**	1,11	-3,81	2,17
L3 x L6	25,22**	27,63**	26,20**	34,03**	17,64	26,31**	4,44	9,57	5,43
L4 x L6	28,41**	30,31**	29,21**	51,52**	39,08	45,68**	3,33	3,19	3,26
L5 x L6	25,00**	29,74**	27,60**	47,80**	45,86**	51,50**	5,55	12,77	8,79
L6 x L7	31,00**	34,21**	32,30**	51,26**	45,18**	49,62**	8,89	-7,41	4,25
L6 x L8	23,06**	31,33**	26,43**	30,07**	27,82	28,95**	11,11*	17,48	16,30**
Médias	26,52	30,65	28,31	44,55	34,21	40,52	5,24	4,09	5,74
Médias gerais	15,97	23,86	19,20	20,21	29,44	24,80	6,00	-1,60	3,63

*, ** $P \leq 0,05$ e $P \leq 0,01$, respectivamente,

Tabela 18 - Produção média de grãos (t ha⁻¹), estimativas de efeitos gênicos, coeficientes de determinação (R²) e valores de qui-quadrado (χ^2) considerando os 28 cruzamentos F₁ e as gerações segregantes derivadas de oito linhagens de milho com níveis variáveis de tolerância a solos ácidos, avaliadas em ambientes com solos ácidos. 1997-1999.

Cruzamento	P ₁	P ₂	F ₁	F ₂	RC ₁	RC ₂	m	a	d	aa	ad	dd	R ²	χ^2
L1 x L5	1,228	1,066	1,098	1,404	1,261	1,224	1,167**	0,078	0,111	-	-	-	49,52	3,072
L1 x L7	1,228	0,964	1,162	1,281	1,136	1,107	1,100**	0,124*	0,106	-	-	-	83,43	1,322
L5 x L7	1,066	0,964	1,389	1,177	1,010	1,043	1,002**	0,045	0,254	-	-	-	65,37	2,173
L2 x L3	0,816	0,612	0,980	0,890	0,848	0,957	0,719**	0,087	0,314*	-	-	-	85,44	1,370
L2 x L4	0,816	0,666	0,990	0,945	1,006	0,901	0,749**	0,077	0,329*	-	-	-	93,53	0,548
L2 x L8	0,816	0,586	1,491	1,509	1,027	1,359	1,443**	0,115*	-0,003	-0,747*	-0,894*	-	98,78	0,770
L3 x L4	0,612	0,666	0,905	0,792	0,681	0,923	0,642**	-0,043	0,291	-	-	-	79,95	1,274
L3 x L8	0,612	0,586	1,563	1,651	1,212	1,439	1,708**	0,004	-0,164	-1,110**	-	-	98,37	1,624
L4 x L8	0,666	0,586	1,308	1,250	1,160	1,365	0,654**	0,022	0,956**	-	-	-	86,03	7,676
L1 x L2	1,228	0,816	2,024	1,601	1,704	1,473	1,029**	0,208**	1,067**	-	-	-	99,52	0,367
L1 x L3	1,228	0,612	2,199	1,614	1,785	1,686	0,934**	0,293**	1,408**	-	-	-	97,81	3,040
L1 x L4	1,228	0,666	2,444	1,606	1,732	1,686	0,945**	0,264**	1,479**	-	-	-	98,69	1,861
L1 x L8	1,228	0,586	2,141	1,446	1,595	1,465	0,905**	0,307**	1,215**	-	-	-	98,91	1,244
L2 x L5	0,816	1,066	2,019	1,818	1,458	1,600	0,955**	-0,126*	1,209**	-	-	-	94,89	4,396
L3 x L5	0,612	1,066	2,162	1,796	1,483	1,744	0,856**	-0,229**	1,483**	-	-	-	97,59	3,300
L4 x L5	0,666	1,066	2,248	1,596	1,584	1,701	0,873**	-0,194**	1,449**	-	-	-	99,50	0,619
L5 x L8	1,066	0,586	1,879	1,467	1,794	1,280	0,842**	0,260**	1,203**	-	-	-	96,16	4,046
L2 x L7	0,816	0,964	2,159	1,463	1,501	1,690	0,893**	-0,082	1,297**	-	-	-	98,85	1,038
L3 x L7	0,612	0,964	2,299	1,757	1,503	2,099	0,812**	-0,176**	1,740**	-	-0,840*	-	97,62	4,321
L4 x L7	0,666	0,964	2,225	1,450	1,324	1,706	0,812**	-0,166**	1,386**	-	-	-	98,54	1,629
L7 x L8	0,964	0,586	1,998	1,496	1,674	1,392	0,788**	0,195**	1,350**	-	-	-	98,57	1,579
L1 x L6	1,228	0,928	2,869	1,954	2,103	1,871	1,078**	0,156**	1,794**	-	-	-	99,88	0,217
L2 x L6	0,816	0,928	2,546	1,747	1,705	1,780	0,875**	-0,057	1,707**	-	-	-	99,93	0,097
L3 x L6	0,612	0,928	2,661	1,701	1,719	1,689	0,769**	-0,144**	1,879**	-	-	-	99,51	0,943
L4 x L6	0,666	0,928	2,253	1,641	1,819	1,694	0,816**	-0,112*	1,639**	-	-	-	96,67	4,933
L5 x L6	1,066	0,928	2,982	1,885	1,885	2,076	0,992**	0,050	1,938**	-	-	-	98,69	2,571
L6 x L7	0,928	0,964	2,804	1,885	1,664	2,310	0,954**	-0,018	1,933**	-	1,256**	-	99,60	0,829
L6 x L8	0,928	0,586	2,248	1,647	1,742	1,759	0,778**	0,157**	1,693**	-	-	-	97,14	4,639
S ₁ (β)							0,051	0,051	0,139	-	-	-	-	-
S ₂ (β)							0,311	0,051	0,437	0,317	-	-	-	-
S ₃ (β)							0,051	0,052	0,139	-	0,389	-	-	-
S ₄ (β)							0,311	0,052	0,437	0,317	0,389	-	-	-

m= média, a= efeitos gênicos aditivos, d= efeitos epistáticos do tipo aditivo x aditivo, ad= efeitos epistáticos do tipo aditivo x dominante, dd= efeitos epistáticos do tipo dominante x dominante; *, ** P $\leq$ 0,05 e P $\leq$ 0,01, respectivamente; R² e χ^2 de acordo com o modelo considerado; S_i(β)= erros associados às estimativas, onde os subscritos correspondem aos modelos utilizados.

Tabela 19 - Produção média de grãos (t ha⁻¹), estimativas de efeitos gênicos, coeficientes de determinação (R²) e valores de qui-quadrado (χ^2) considerando os 28 cruzamentos F₁ e as gerações segregantes derivadas de oito linhagens de milho com níveis variáveis de tolerância a solos ácidos, avaliadas em ambientes com solos férteis. 1997-1998.

Cruzamento	P ₁	P ₂	F ₁	F ₂	RC ₁	RC ₂	m	a	d	aa	ad	dd	R ²	χ^2
L1 x L5	1,259	1,141	1,933	1,997	2,090	2,167	1,259**	0,049	1,201**	-	-	-	78,72	5,614
L1 x L7	1,259	1,501	2,152	2,313	2,199	2,302	1,441**	-0,120	1,250**	-	-	-	80,96	5,547
5 x L7	1,141	1,501	2,015	2,004	1,838	2,102	1,358**	-0,186	-0,990**	-	-	-	88,84	2,165
L2 x L3	1,285	0,850	2,349	1,998	1,986	1,653	1,090**	0,226*	1,460**	-	-	-	96,56	1,252
L2 x L4	1,285	0,778	2,275	2,017	2,372	1,725	1,077**	0,282*	1,599**	-	-	-	91,58	4,037
L2 x L8	1,285	1,104	3,073	2,140	2,107	2,764	1,214**	0,036	2,035**	-	-	-	91,83	5,253
L3 x L4	0,850	0,778	2,158	1,531	1,202	1,870	0,820**	-0,015	1,388**	-	-	-	89,51	3,218
L3 x L8	0,850	1,104	3,295	2,819	2,332	2,886	2,389**	-0,158	0,965**	-1,405*	-	-	98,82	1,485
L4 x L8	0,778	1,104	3,107	2,416	2,081	2,595	0,982**	-0,188	2,491**	-	-	-	96,41	3,413
L1 x L2	1,259	1,285	4,866	3,410	3,328	3,340	1,307**	-0,013	3,873**	-	-	-	99,10	1,945
L1 x L3	1,259	0,850	4,192	3,405	3,207	3,341	2,708**	0,180	1,604*	-1,640**	-	-	99,10	1,978
L1 x L4	1,259	0,778	4,477	3,004	2,969	3,391	1,060**	0,192	3,787**	-	-	-	97,28	5,794
L1 x L8	1,259	1,104	4,003	2,657	2,593	3,121	1,202**	0,034	2,984**	-	-	-	97,33	3,479
L2 x L5	1,285	1,141	5,058	3,417	3,470	3,290	1,244**	0,080	4,088**	-	-	-	99,37	1,518
L3 x L5	0,850	1,141	4,267	3,292	3,348	3,540	2,485**	-0,149	2,006*	-1,464*	-	-	98,19	4,303
L4 x L5	0,778	1,141	5,020	3,400	3,096	3,495	1,001**	-0,197	4,389**	-	-	-	98,92	3,043
L5 x L8	1,141	1,104	4,396	3,162	2,980	3,395	1,172**	-0,013	3,662**	-	-	-	97,53	4,840
L2 x L7	1,285	1,501	4,345	3,203	3,263	3,604	1,447**	-0,125	3,381**	-	-	-	96,79	5,440
L3 x L7	0,850	1,501	4,560	3,645	3,194	4,511	1,175**	-0,325**	6,948**	-	-1,983*	-3,564*	99,08	0,536
L4 x L7	0,778	1,501	5,077	3,363	3,406	3,757	1,184**	-0,361**	4,286**	-	-	-	98,73	3,528
L7 x L8	1,501	1,104	4,469	3,454	3,873	3,381	2,598**	0,220*	2,083**	-1,272*	-	-	97,98	4,403
L1 x L6	1,259	1,172	5,328	3,903	4,071	3,711	2,584**	0,066	2,885**	-1,352*	-	-	99,27	2,340
L2 x L6	1,285	1,172	5,623	3,608	3,819	3,401	1,250**	0,083	4,565**	-	-	-	99,48	1,538
L3 x L6	0,850	1,172	5,527	3,714	3,555	3,668	1,057**	-0,157	4,878**	-	-	-	99,04	3,306
L4 x L6	0,778	1,172	5,831	3,601	3,683	3,386	0,994**	-0,161	5,007**	-	-	-	99,40	2,161
L5 x L6	1,141	1,172	6,072	3,882	3,883	3,195	1,166**	0,035	4,490**	-	-	-	98,67	4,764
L6 x L7	1,172	1,501	6,192	3,976	3,592	4,557	1,368**	-0,222*	5,103**	-	-	-	98,50	5,695
L6 x L8	1,172	1,104	5,427	3,354	3,259	3,303	1,142**	0,028	4,318**	-	-	-	99,95	0,126
S ₁ (β)							0,103	0,103	0,265	-	-	-	-	-
S ₂ (β)							0,520	0,103	0,760	0,532	-	-	-	-
S ₃ (β)							0,106	0,106	0,721	-	0,791	0,875	-	-

m= média, a= efeitos gênicos aditivos, d= efeitos gênicos dominantes, aa= efeitos epistáticos do tipo aditivo x aditivo, ad= efeitos epistáticos do tipo aditivo x dominante, dd= efeitos epistáticos do tipo dominante x dominante; *, ** P ≤ 0,05 e P ≤ 0,01, respectivamente; R² e χ^2 de acordo com o modelo considerado; Si(β)= erros associados às estimativas, onde os subscritos correspondem aos modelos utilizados.

Tabela 20 - Produção média de grãos (t ha⁻¹), estimativas de efeitos gênicos, coeficientes de determinação (R²) e valores de qui-quadrado (χ^2) considerando os 28 cruzamentos F₁ e as gerações segregantes derivadas de oito linhagens de milho com níveis variáveis de tolerância a solos ácidos, avaliadas em ambientes com solos ácidos e férteis. 1997-1999.

Cruzamento	P ₁	P ₂	F ₁	F ₂	RC ₁	RC ₂	m	a	d	aa	ad	dd	R ²	χ^2
L1 x L5	1,238	1,091	1,376	1,601	1,537	1,538	1,185**	0,069	0,543**	-	-	-	75,20	4,560
L1 x L7	1,238	1,143	1,492	1,625	1,490	1,505	1,205**	0,044	0,530**	-	-	-	82,03	2,672
L5 x L7	1,091	1,143	1,598	1,452	1,286	1,396	1,119**	-0,031	0,505**	-	-	-	94,87	0,583
L2 x L3	0,973	0,691	1,436	1,259	1,228	1,189	0,839**	0,135*	0,709**	-	-	-	97,34	0,750
L2 x L4	0,973	0,703	1,418	1,303	1,462	1,176	0,851**	0,144*	0,793**	-	-	-	93,60	2,298
L2 x L8	0,973	0,759	2,018	1,719	1,387	1,828	0,880**	0,107*	1,386**	-	-1,096*	-	97,17	2,528
L3 x L4	0,691	0,703	1,323	1,039	0,854	1,238	0,699**	-0,030	0,664**	-	-	-	84,85	3,275
L3 x L8	0,691	0,759	2,140	2,041	1,586	1,922	1,950**	-0,053	0,201	-1,224*	-	-	98,71	2,081
L4 x L8	0,703	0,759	1,907	1,639	1,467	1,775	0,753**	-0,045	1,529**	-	-	-	93,51	6,673
L1 x L2	1,238	0,973	2,972	2,204	2,246	2,095	1,116**	0,134**	2,031**	-	-	-	99,37	1,101
L1 x L3	1,238	0,691	2,863	2,211	2,259	2,237	0,987**	0,258**	2,267**	-	-	-	97,19	6,808
L1 x L4	1,238	0,703	3,122	2,072	2,144	2,254	0,978**	0,244**	2,277**	-	-	-	98,18	4,352
L1 x L8	1,238	0,759	2,762	1,849	1,927	2,017	1,002**	0,219**	1,821**	-	-	-	98,04	3,065
L2 x L5	0,973	1,091	3,032	2,351	2,129	2,163	1,045**	-0,057	2,210**	-	-	-	98,47	3,122
L3 x L5	0,691	1,091	2,864	2,295	2,105	2,342	0,917**	-0,202**	2,397**	-	-	-	97,17	7,272
L4 x L5	0,703	1,091	3,172	2,197	2,088	2,299	0,908**	-0,195**	2,459**	-	-	-	99,49	1,131
L5 x L8	1,091	0,759	2,718	2,032	2,189	1,985	0,943**	0,168**	2,076**	-	-	-	98,28	3,274
L2 x L7	0,973	1,143	2,887	2,043	2,088	2,328	1,071**	-0,095	2,035**	-	-	-	98,24	3,090
L3 x L7	0,691	1,143	3,053	2,386	2,067	2,903	0,917**	-0,226**	4,002**	-	-1,866**	-	99,90	0,319
L4 x L7	0,703	1,143	3,176	2,088	2,018	2,390	0,931**	-0,229**	2,385**	-	-	-	99,35	1,642
L7 x L8	1,143	0,759	2,821	2,148	2,407	2,055	0,974**	0,202**	2,233**	-	-	-	97,34	5,980
L1 x L6	1,238	1,009	3,689	2,604	2,759	2,485	1,138**	0,124*	2,806**	-	-	-	99,14	2,851
L2 x L6	0,973	1,009	3,572	2,367	2,409	2,320	0,997**	-0,011	2,677**	-	-	-	99,79	0,621
L3 x L6	0,691	1,009	3,616	2,372	2,331	2,349	0,858**	-0,150**	2,901**	-	-	-	99,66	1,197
L4 x L6	0,703	1,009	3,446	2,294	2,440	2,258	0,869**	-0,132*	2,795**	-	-	-	98,70	4,283
L5 x L6	1,091	1,009	4,012	2,527	2,551	2,449	1,048**	0,045	2,937**	-	-	-	99,96	0,132
L6 x L7	1,009	1,143	3,933	2,582	2,306	3,059	1,086**	-0,067	3,022**	-	-1,372*	-	99,64	1,397
L6 x L8	1,009	0,759	3,307	2,216	2,247	2,274	0,895**	0,115*	2,595**	-	-	-	99,38	1,744
S ₁ (β)							0,052	0,051	0,157	-	-	-	-	-
S ₂ (β)							0,353	0,051	0,519	0,358	-	-	-	-
S ₃ (β)							0,052	0,053	0,157	-	0,422	-	-	-
S ₄ (β)							0,053	0,053	0,426	-	0,422	0,556	-	-

m= média, a= efeitos gênicos aditivos, d= efeitos epistáticos do tipo aditivo x aditivo, aa= efeitos epistáticos do tipo aditivo x dominante, ad= efeitos epistáticos do tipo dominante x dominante; *, ** P ≤ 0,05 e P ≤ 0,01, respectivamente; R² e χ^2 de acordo com o modelo considerado; S_i(β)= erros associados às estimativas, onde os subscritos correspondem aos modelos utilizados.

Tabela 21 – Valores médios para florescimento feminino (dias), estimativas de efeitos gênicos, coeficientes de determinação (R^2) e valores de qui-quadrado (χ^2) considerando os 28 cruzamentos F_1 e as gerações segregantes derivadas de oito linhagens de milho com níveis variáveis de tolerância a solos ácidos, avaliadas em ambientes com solos ácidos. 1997-1999.

Cruzamento	P ₁	P ₂	F ₁	F ₂	RC ₁	RC ₂	m	a	d	aa	ad	dd	R ²	χ^2
L1 x L5	62,1	63,0	63,4	62,5	63,0	61,8	62,34**	-0,074	0,580	-	-	-	12,53	3,814
L1 x L7	62,1	62,8	62,2	62,8	62,4	62,1	62,51**	-0,202	-0,076	-	-	-	16,04	1,294
L5 x L7	63,0	62,8	62,3	62,9	62,6	62,3	62,93**	0,145	-0,564	-	-	-	51,01	0,585
L2 x L3	61,8	59,6	60,0	60,2	60,5	60,2	60,69**	0,918*	-0,712	-	-	-	89,54	0,665
L2 x L4	61,8	61,8	61,7	61,2	61,2	61,5	61,62**	-0,045	-0,329	-	-	-	17,02	0,865
L2 x L8	61,8	60,9	57,5	60,4	59,6	58,6	61,47**	0,575	-3,691**	-	-	-	81,81	5,050
L3 x L4	59,6	61,8	61,1	60,3	61,0	61,3	60,63**	-0,918*	0,315	-	-	-	65,82	2,633
L3 x L8	59,6	60,9	56,8	57,4	58,2	58,1	59,95**	-0,479	-3,830**	-	-	-	85,52	4,017
L4 x L8	61,8	60,9	59,4	59,8	60,3	58,8	61,07**	0,689	-2,310**	-	-	-	78,05	3,068
L1 x L2	62,1	61,8	57,4	59,1	60,4	59,8	61,92**	0,252	-4,583**	-	-	-	91,99	2,822
L1 x L3	62,1	59,6	56,8	59,5	59,2	58,1	60,96**	1,239**	-3,914**	-	-	-	94,39	1,921
L1 x L4	62,1	61,8	57,8	59,2	60,9	59,7	61,90**	0,389	-4,208**	-	-	-	86,58	4,322
L1 x L8	62,1	60,9	58,4	60,5	61,1	59,8	61,71**	0,759	-2,831**	-	-	-	91,24	1,498
L2 x L5	61,8	63,0	59,3	59,7	59,2	59,9	61,91**	-0,623	-3,728**	-	-	-	81,08	5,475
L3 x L5	59,6	63,0	58,5	58,7	59,0	60,7	61,06**	-1,700**	-3,114**	-	-	-	86,87	4,785
L4 x L5	61,8	63,0	57,8	59,2	60,2	60,5	62,28**	-0,532	-4,761**	-	-	-	90,32	3,880
L5 x L8	63,0	60,9	58,0	59,7	60,6	59,2	61,88**	1,130**	-4,039**	-	-	-	98,97	0,337
L2 x L7	61,8	62,8	57,9	59,5	58,8	59,5	61,99**	-0,545	-4,799**	-	-	-	93,56	2,539
L3 x L7	59,6	62,8	56,8	58,3	58,4	59,0	61,00**	-1,372**	-4,654**	-	-	-	94,98	2,325
L4 x L7	61,8	62,8	57,9	60,0	60,4	59,8	62,28**	-0,250	-4,425**	-	-	-	95,95	1,276
L7 x L8	62,8	60,9	58,2	59,8	59,0	59,5	61,65**	0,620	-3,909**	-	-	-	86,87	3,864
L1 x L6	62,1	63,7	57,7	59,4	58,8	60,7	62,61**	-1,050**	-5,569**	-	-	-	94,00	3,429
L2 x L6	61,8	63,7	55,7	58,1	58,8	59,8	62,55**	-0,961*	-7,312**	-	-	-	94,89	4,687
L3 x L6	59,6	63,7	55,7	58,2	58,0	60,4	61,66**	-2,130**	-5,932**	-	-	-	96,71	2,729
L4 x L6	61,8	63,7	57,0	58,6	58,6	60,8	62,46**	-1,234**	-6,115**	-	-	-	90,93	6,575
L5 x L6	63,0	63,7	58,6	59,5	60,9	59,2	63,35**	-0,350	-9,526**	-	4,100*	4,776*	98,55	0,786
L6 x L7	63,7	62,8	58,0	58,8	60,8	57,9	51,59**	0,450	-1,673	3,668**	4,900**	-	99,40	0,465
L6 x L8	63,7	60,9	58,0	59,1	60,3	57,9	61,88**	1,627**	-4,838**	-	-	-	91,12	4,987
S ₁ (β)							0,421	0,414	0,810	-	-	-	-	-
S ₂ (β)							1,131	0,471	1,674	1,231	1,974	-	-	-
S ₃ (β)							0,470	0,470	2,010	-	1,974	2,110	-	-

m= média, a: efeitos gênicos aditivos, d= efeitos gênicos dominantes, aa= efeitos epistáticos do tipo aditivo x aditivo, ad= efeitos epistáticos do tipo aditivo x dominante, dd= efeitos epistáticos do tipo dominante x dominante; *, ** P $\leq$ 0,05 e P $\leq$ 0,01, respectivamente; R² e χ^2 de acordo com o modelo considerado; Si(β)= erros associados às estimativas, onde os subscritos correspondem aos modelos utilizados.

Tabela 22 – Valores médios para florescimento feminino (dias), estimativas de efeitos gênicos, coeficientes de determinação (R^2) e valores de qui-quadrado (χ^2) considerando os 28 cruzamentos F_1 e as gerações segregantes derivadas de oito linhagens de milho com níveis variáveis de tolerância a solos ácidos, avaliadas em ambientes com solos férteis. 1997-1998.

Cruzamento	P_1	P_2	F_1	F_2	RC_1	RC_2	m	a	d	aa	ad	dd	R^2	χ^2
L1 x L5	64,0	62,5	62,5	64,0	62,2	60,8	63,09**	0,912	-0,697	-	-	-	26,57	7,739
L1 x L7	64,0	61,5	63,0	62,2	61,7	61,5	62,14	0,989	-0,456	-	-	-	45,63	3,400
L5 x L7	62,5	61,5	62,5	62,3	63,5	61,7	62,13**	0,823	0,455	-	-	-	66,05	1,055
L2 x L3	62,8	61,0	58,7	60,5	61,3	61,7	62,35**	0,577	-3,356**	-	-	-	81,35	3,375
L2 x L4	62,8	62,2	58,8	60,5	60,5	62,8	62,79**	-0,347	-3,800**	-	-	-	76,75	5,476
L2 x L8	62,8	61,0	57,0	60,8	59,5	58,6	62,13**	0,900	-4,979**	-	-	-	89,17	6,795
L3 x L4	61,0	62,2	59,0	60,3	59,3	58,8	61,18**	-0,327	-2,457**	-	-	-	68,23	3,587
L3 x L8	61,0	61,0	55,5	57,7	58,2	58,3	68,85**	-0,025	-5,449**	-	-	-	98,63	0,507
L4 x L8	62,2	61,0	57,0	58,5	57,0	56,0	61,60**	0,699	-15,80**	-	-	11,200**	99,80	0,079
L1 x L2	64,0	62,8	56,2	59,7	59,0	58,7	63,06**	0,525	-7,082**	-	-	-	97,39	1,675
L1 x L3	64,0	61,0	56,3	57,3	58,3	58,5	58,335**	1,077	-2,028	4,176*	-	-	97,34	1,436
L1 x L4	64,0	62,2	56,3	58,3	61,2	57,5	62,61**	1,596*	-6,631**	-	-	-	89,95	6,795
L1 x L8	64,0	61,0	56,3	59,0	60,7	57,5	62,29**	1,923**	-6,129**	-	-	-	97,00	1,729
L2 x L5	62,8	62,5	55,7	59,0	58,2	60,2	62,61**	-0,385	-6,937**	-	-	-	96,21	2,348
L3 x L5	61,0	62,5	56,7	57,8	57,3	59,3	61,06**	-1,060	-4,813**	-	-	-	88,15	4,230
L4 x L5	62,2	62,5	57,2	57,8	59,0	60,3	61,78**	-0,436	-4,954**	-	-	-	81,72	6,864
L5 x L8	62,5	61,0	56,8	59,5	60,5	57,7	61,75**	1,260	-4,951**	-	-	-	93,80	2,271
L2 x L7	62,8	61,5	57,7	59,7	58,5	58,0	61,53**	0,613	-4,238**	-	-	-	82,15	5,017
L3 x L7	61,0	61,5	57,2	57,7	56,5	57,2	61,25**	-0,361	-12,03**	-	-	7,980**	96,49	0,952
L4 x L7	62,2	61,5	56,3	59,5	56,8	58,7	61,52**	-0,210	-5,437**	-	-	-	84,24	6,826
L7 x L8	61,5	61,0	57,0	59,2	58,5	58,8	61,11**	0,113	-4,203**	-	-	-	97,17	0,632
L1 x L6	64,0	61,5	59,2	59,5	59,3	60,5	62,00**	0,641	-3,291**	-	-	-	67,53	6,930
L2 x L6	62,8	61,5	55,8	56,3	56,8	59,7	57,23**	-0,650	-1,340	5,058**	-7,100**	-	98,89	0,684
L3 x L6	61,0	61,5	55,7	57,7	56,3	58,8	60,73**	-0,801	-5,373**	-	-	-	89,65	4,299
L4 x L6	62,2	61,5	55,8	56,7	55,8	59,8	57,63**	0,350	-1,821	4,232**	-8,700**	-	99,99	0,003
L5 x L6	62,5	61,5	57,7	58,8	60,2	59,7	61,75**	0,500	-4,215**	-	-	-	91,95	1,971
L6 x L7	61,5	61,5	57,3	58,5	61,0	58,0	61,29**	0,746	-4,128**	-	-	-	79,10	5,929
L6 x L8	61,5	61,0	56,0	58,5	59,3	58,2	61,26**	0,461	-5,253**	-	-	-	98,76	0,432
$S_1(\beta)$							0,592	0,614	0,902	-	-	-	-	-
$S_2(\beta)$							1,390	0,614	1,739	1,607	-	-	-	-
$S_3(\beta)$							1,390	0,708	1,739	1,607	2,841	-	-	-
$S_4(\beta)$							0,709	0,614	2,863	-	-	2,584	-	-

m= média, a: efeitos gênicos aditivos, d= efeitos gênicos dominantes, aa= efeitos epistáticos do tipo aditivo x aditivo, ad= efeitos epistáticos do tipo aditivo x dominante, dd= efeitos epistáticos do tipo dominante x dominante; *, ** $P \leq 0,05$ e $P \leq 0,01$, respectivamente; R^2 e χ^2 de acordo com o modelo considerado; $Si(\beta)$ = erros associados às estimativas, onde os subscritos correspondem aos modelos utilizados.

Tabela 23 – Valores médios para florescimento feminino (dias), estimativas de efeitos gênicos, coeficientes de determinação (R^2) e valores de qui-quadrado (χ^2) considerando os 28 cruzamentos F_1 e as gerações segregantes derivadas de oito linhagens de milho com níveis variáveis de tolerância a solos ácidos, avaliadas em ambientes com solos ácidos e férteis. 1997-1999.

Cruza	P_1	P_2	F_1	F_2	RC_1	RC_2	m	a	d	aa	ad	dd	R^2	χ^2
L1 x L5	62,7	62,8	63,1	63,0	62,7	61,4	62,56**	0,277	0,213	-	-	-	9,33	7,067
L1 x L7	62,7	62,3	62,5	62,6	62,2	61,3	62,34**	0,370	-0,111	-	-	-	21,64	4,091
L5 x L7	62,8	62,3	62,4	62,7	62,9	62,1	62,61**	0,383	-0,111	-	-	-	64,07	0,680
L2 x L3	62,2	60,1	59,6	60,3	60,8	60,7	61,22**	0,819*	-1,498*	-	-	-	82,69	2,236
L2 x L4	62,2	61,9	60,7	60,9	61,0	61,9	61,96**	-0,105	-1,411	-	-	-	61,70	2,965
L2 x L8	62,2	60,9	57,3	60,6	59,6	58,0	63,66**	0,022	-6,603**	-3,253**	-	-	86,20	5,000
L3 x L4	60,1	61,9	60,4	60,3	60,4	60,4	60,84**	-0,682	-0,713	-	-	-	72,02	1,917
L3 x L8	60,1	60,9	56,3	57,5	58,2	58,2	60,25**	-0,303	-4,374**	-	-	-	92,54	3,691
L4 x L8	61,9	60,9	58,6	59,4	59,2	57,8	61,40**	0,718*	-8,416**	-	-	-5,616**	96,76	1,348
L1 x L2	62,7	62,1	57,0	59,3	59,9	59,4	62,39**	0,311	-5,529**	-	-	-	98,80	0,884
L1 x L3	62,7	60,1	56,6	58,8	58,9	58,2	61,25**	1,154**	-4,907**	-	-	-	97,99	1,380
L1 x L4	62,7	61,9	57,3	58,9	61,0	58,9	62,14**	0,400	-5,515**	-	3,400*	-	93,63	4,837
L1 x L8	62,7	60,9	57,7	60,0	60,9	59,1	61,91**	1,118**	-4,019**	-	-	-	96,88	1,550
L2 x L5	62,2	62,8	58,1	59,4	58,8	60,0	62,08**	-0,518	-4,693**	-	-	-	90,36	5,760
L3 x L5	60,1	62,8	57,9	58,4	58,4	60,2	61,08**	-1,459**	-3,813**	-	-	-	88,00	7,002
L4 x L5	61,9	62,8	57,6	58,7	59,8	60,4	60,08**	-0,486	-2,196	2,429**	-	-	95,47	3,085
L5 x L8	62,8	60,9	57,6	59,6	60,6	58,7	61,80**	1,180**	-4,282**	-	-	-	97,49	1,399
L2 x L7	62,2	62,3	57,8	59,5	58,7	59,0	61,87**	-0,111	-4,715**	-	-	-	89,82	5,942
L3 x L7	60,1	62,3	56,9	58,1	57,8	58,4	60,76**	-0,979**	-4,609**	-	-	-	91,37	5,453
L4 x L7	61,9	62,3	57,4	59,8	59,2	59,4	62,00**	-0,200	-4,768**	-	-	-	97,84	1,185
L7 x L8	62,3	60,9	57,8	59,6	58,8	59,3	61,42**	0,409	-3,926**	-	-	-	90,16	4,102
L1 x L6	62,7	62,9	58,2	59,4	59,0	60,6	60,55**	-0,464	-2,401	2,222*	-	-	88,79	3,445
L2 x L6	62,2	62,9	55,7	57,5	58,1	59,8	59,53**	-0,677	-3,596**	3,157**	-	-	96,51	4,828
L3 x L6	60,1	62,9	55,7	58,0	57,4	59,9	61,38**	-1,667**	-5,885**	-	-	-	96,51	3,759
L4 x L6	61,9	62,9	56,6	57,9	57,7	60,4	59,33**	-0,500	-2,598*	3,149**	-4,400**	-	99,44	0,643
L5 x L6	62,8	62,9	58,3	59,3	60,7	59,3	60,32**	0,302	-1,199	2,541**	-	-	95,23	3,129
L6 x L7	62,9	62,3	57,8	58,7	60,8	57,9	59,56**	0,300	-1,801	3,015**	5,200**	-	99,94	0,052
L6 x L8	62,9	60,9	57,3	58,9	59,9	58,0	61,59**	1,218**	-4,819**	-	-	-	94,65	3,766
$S_1(\beta)$							0,355	0,353	0,652	-	-	-	-	-
$S_2(\beta)$							0,900	0,353	1,294	0,997	-	-	-	-
$S_3(\beta)$							0,900	0,405	1,294	0,997	1,645	-	-	-
$S_4(\beta)$							0,355	0,405	0,652	-	1,645	-	-	-
$S_5(\beta)$							0,405	0,352	1,680	-	-	1,685	-	-

m= média, a: efeitos gênicos aditivos, d= efeitos epistáticos do tipo aditivo x aditivo, ad= efeitos epistáticos do tipo aditivo x dominante, dd= efeitos epistáticos do tipo dominante x dominante; *, ** $P \leq 0,05$ e $P \leq 0,01$, respectivamente; R^2 e χ^2 de acordo com o modelo considerado; $Si(\beta)$ = erros associados às estimativas, onde os subscritos correspondem aos modelos utilizados.

Tabela 24 – Valores médios para altura de planta (cm), estimativas de efeitos gênicos, coeficientes de determinação (R^2) e valores de qui-quadrado (χ^2) considerando os 28 cruzamentos F_1 e as gerações segregantes derivadas de oito linhagens de milho com níveis variáveis de tolerância a solos ácidos, avaliadas em ambientes com solos ácidos. 1997-1999.

Cruzamento	P_1	P_2	F_1	F_2	RC_1	RC_2	m	a	d	aa	ad	dd	R^2	χ^2
L1 x L5	107,3	120,0	112,1	118,7	118,1	124,6	117,21**	-6,386*	-0,926	-	-	-	48,79	6,469
L1 x L7	107,3	115,6	121,7	111,0	109,6	121,7	110,29**	-6,058*	10,048**	-	-	-	75,98	3,419
L5 x L7	120,0	115,6	125,0	122,8	122,9	130,4	119,65**	-0,128	7,524	-	-	-	37,53	4,960
L2 x L3	102,7	102,1	111,2	106,2	106,7	110,8	102,91**	-0,756	8,989	-	-	-	81,38	0,970
L2 x L4	102,7	110,0	106,0	107,0	110,2	112,5	108,09**	-3,326	-0,045	-	-	-	40,54	2,434
L2 x L8	102,7	88,3	117,5	112,9	116,7	117,5	95,50**	5,280*	58,80**	-	-	-36,800**	93,96	2,598
L3 x L4	102,1	110,0	109,6	109,6	111,7	113,7	107,86**	-3,506	3,867	-	-	-	54,94	2,350
L3 x L8	102,1	88,3	124,6	121,7	113,7	124,6	122,11**	6,900*	3,242	-26,270**	-35,400**	-	98,60	0,966
L4 x L8	110,0	88,3	122,5	120,9	122,9	130,4	99,15**	10,850**	78,983**	-	-36,700**	-55,633**	97,70	1,587
L1 x L2	107,3	102,7	127,5	124,7	122,1	126,7	125,88*	0,644	2,485	-20,144*	-	-	92,97	2,630
L1 x L3	107,3	102,1	130,8	128,4	117,1	126,4	124,71**	-0,256	5,797	-20,259*	-	-	91,50	4,026
L1 x L4	107,3	110,0	130,8	125,4	126,2	129,6	112,07**	-1,842	22,750**	-	-	-	81,84	6,149
L1 x L8	107,3	88,3	126,2	116,4	117,5	112,5	99,39**	8,420**	28,779**	-	-	-	96,55	1,927
L2 x L5	102,7	120,0	129,6	137,0	130,8	131,7	146,85**	-6,790*	-16,690	-35,023**	-	-	95,33	2,187
L3 x L5	102,1	120,0	135,8	135,3	121,2	126,8	129,62**	-8,122**	4,997	-19,577*	-	-	94,64	2,784
L4 x L5	110,0	120,0	143,3	142,6	135,0	137,9	142,46**	-4,496	0,967	-27,352**	-	-	99,75	0,149
L5 x L8	120,0	88,3	136,7	128,4	134,2	126,2	125,79**	13,942**	12,208	-20,535**	-	-	94,41	4,571
L2 x L7	102,7	115,6	132,5	121,0	124,6	125,0	110,41**	-4,998	25,571**	-	-	-	93,02	2,475
L3 x L7	102,1	115,6	141,2	126,4	127,9	138,3	111,56**	-7,626**	32,924**	-	-	-	91,52	6,088
L4 x L7	110,0	115,6	143,3	134,9	128,3	134,2	114,86**	-3,544	30,861**	-	-	-	94,58	2,978
L7 x L8	115,6	88,3	131,2	122,6	132,1	117,1	105,36**	13,974**	29,948**	-	-	-	92,81	5,924
L1 x L6	107,3	115,8	145,0	142,1	129,2	143,9	140,53**	-6,758*	4,775	-28,721**	-	-	96,25	3,148
L2 x L6	102,7	115,8	147,9	137,1	137,9	143,3	133,86**	-6,274*	15,760	-23,147**	-	-	94,84	5,226
L3 x L6	102,1	115,8	145,0	132,7	132,9	133,7	111,82**	-5,422*	36,554**	-	-	-	93,70	5,010
L4 x L6	110,0	115,8	148,7	144,7	136,7	144,6	143,55**	-4,100	5,875	-30,119**	-	-	98,45	1,395
L5 x L6	120,0	115,8	150,0	143,1	137,1	139,2	120,63**	1,092	32,578**	-	-	-	91,35	5,299
L6 x L7	115,8	115,6	151,7	139,7	143,7	147,5	115,70**	0,836	75,733**	-	-	-39,73*	97,51	2,087
L6 x L8	115,8	88,3	142,5	138,9	141,2	133,7	142,08**	12,250**	1,962	-38,719**	-	-	96,30	5,244
$S_1(\beta)$							2,593	2,582	4,361	-	-	-	-	-
$S_2(\beta)$							7,406	2,582	9,498	8,214	-	-	-	-
$S_3(\beta)$							7,406	2,962	9,498	8,214	12,091	-	-	-
$S_4(\beta)$							2,961	2,961	12,78	-	12,091	12,263	-	-
$S_5(\beta)$							2,961	2,582	12,780	-	-	12,264	-	-

m= média, a= efeitos gênicos aditivos, d= efeitos gênicos dominantes, aa= efeitos epistáticos do tipo aditivo x aditivo, ad= efeitos epistáticos do tipo aditivo x dominante, dd= efeitos epistáticos do tipo dominante x dominante; *, ** $P \leq 0,05$ e $P \leq 0,01$, respectivamente; R^2 e χ^2 de acordo com o modelo considerado; $Si(\beta)$ = erros associados às estimativas, onde os subscritos correspondem aos modelos utilizados.

Tabela 25 – Valores médios para altura de planta (cm), estimativas de efeitos gênicos, coeficientes de determinação (R^2) e valores de qui-quadrado (χ^2) considerando os 28 cruzamentos F_1 e as gerações segregantes derivadas de oito linhagens de milho com níveis variáveis de tolerância a solos ácidos, avaliadas em ambientes com solos férteis. 1997-1998.

Cruzamento	P_1	P_2	F_1	F_2	RC_1	RC_2	m	a	d	aa	ad	dd	R^2	χ^2
L1 x L5	129,2	154,5	152,5	163,3	151,2	170,8	182,95**	-14,922**	-28,746	-39,932**	-	-	96,08	2,990
L1 x L7	129,2	147,5	156,7	157,5	152,5	169,2	142,19**	-7,793**	20,110**	-	-	-	78,95	4,820
L5 x L7	154,5	147,5	171,7	174,2	169,2	169,2	155,25**	2,356**	22,646**	-	-	-	71,65	6,129
L2 x L3	140,0	127,5	153,3	149,2	144,2	145,0	134,68**	3,945	19,978**	-	-	-	87,30	1,923
L2 x L4	140,0	139,2	155,0	157,5	155,8	143,3	141,40**	4,356	16,226**	-	-	-	62,06	5,886
L2 x L8	140,0	121,7	165,0	148,7	152,5	166,7	130,85**	9,150*	72,757**	-	-46,700**	-38,606**	95,04	2,999
L3 x L4	127,5	139,2	154,2	148,3	144,2	154,2	135,89**	-7,207	22,016**	-	-	-	89,50	2,287
L3 x L8	127,5	121,7	179,2	150,8	151,7	160,8	126,21**	-1,023	55,340**	-	-	-	94,89	4,800
L4 x L8	139,2	121,7	175,0	165,8	165,8	176,7	130,45**	8,750*	114,60**	-	-39,300**	-70,053**	99,24	0,750
L1 x L2	129,2	140,0	183,3	179,2	171,7	172,5	179,75**	-3,896	4,449	-44,532**	-	-	98,95	1,003
L1 x L3	129,2	127,5	177,5	171,7	167,5	160,8	168,72**	2,762	9,321	-39,999**	-	-	98,94	0,975
L1 x L4	129,2	139,2	181,7	182,5	170,8	170,0	183,57**	-3,104	-1,817	-49,333**	-	-	99,19	0,772
L1 x L8	129,2	121,7	175,0	150,8	165,0	161,2	125,45**	3,766	91,917**	-	-	-42,367**	95,81	3,819
L2 x L5	140,0	154,5	179,2	180,8	173,7	176,7	187,29**	-5,861	-7,153	-39,399**	-	-	98,85	0,990
L3 x L5	127,5	154,5	179,2	174,2	170,8	178,3	180,56**	-11,538**	0,823	-38,064**	-	-	94,95	3,963
L4 x L5	139,2	154,5	202,5	182,5	170,8	171,7	146,20**	-5,443	55,354**	-	-	-	95,48	4,359
L5 x L8	154,5	121,7	196,7	170,8	165,8	165,0	137,62**	11,300**	58,379**	-	-	-	94,63	6,373
L2 x L7	140,0	147,5	183,3	165,3	175,3	180,8	143,75**	-4,322	88,183**	-	-	-48,633**	93,86	4,174
L3 x L7	127,5	147,5	177,5	185,0	165,8	194,2	137,5**	-10,000*	133,71**	-	-36,800**	-93,713**	99,96	0,631
L4 x L7	139,2	147,5	192,5	179,2	165,8	174,2	145,18**	-5,539	49,989**	-	-	-	95,57	3,519
L7 x L8	147,5	121,7	180,8	174,2	161,7	160,0	159,77**	9,238**	19,525	-26,201*	-	-	94,81	4,348
L1 x L6	129,2	156,7	205,3	176,7	176,7	194,2	142,95**	-14,976**	101,15**	-	-	-38,803*	98,73	2,255
L2 x L6	140,0	156,7	204,2	189,2	179,2	192,5	153,28**	-9,968**	58,110**	-	-	-	93,23	5,731
L3 x L6	127,5	156,7	200,0	178,7	169,2	190,0	146,15**	-16,627**	59,758**	-	-	-	95,91	5,659
L4 x L6	139,2	156,7	204,2	191,7	177,5	185,0	151,39**	-8,341*	57,827**	-	-	-	94,38	6,220
L5 x L6	154,5	156,7	203,3	194,2	183,3	189,2	159,60**	-2,669	49,534**	-	-	-	91,42	6,760
L6 x L7	156,7	147,5	210,3	194,2	193,3	195,0	188,01**	2,540	24,201	-34,598**	-	-	97,31	3,270
L6 x L8	156,7	121,7	205,8	180,0	195,8	177,5	139,20**	17,761*	118,26**	-	-	-51,662**	99,39	1,131
$S_1(\beta)$							3,291	3,101	5,865	-	-	-	-	-
$S_2(\beta)$							10,408	3,101	13,612	11,526	-	-	-	-
$S_3(\beta)$							3,780	3,780	15,659	-	13,221	15,371	-	-
$S_4(\beta)$							3,780	3,101	15,659	-	-	15,372	-	-

m= média, a: efeitos gênicos aditivos, d= efeitos gênicos dominantes, aa= efeitos epistáticos do tipo aditivo x aditivo, ad= efeitos epistáticos do tipo aditivo x dominante, dd= efeitos epistáticos do tipo dominante x dominante; *, ** $P \leq 0,05$ e $P \leq 0,01$, respectivamente; R^2 e χ^2 de acordo com o modelo considerado; $Si(\beta)$ = erros associados às estimativas, onde os subscritos correspondem aos modelos utilizados.

Tabela 26 – Valores médios para altura de planta (cm), estimativas de efeitos gênicos, coeficientes de determinação (R^2) e valores de qui-quadrado (χ^2) considerando os 28 cruzamentos F_1 e as gerações segregantes derivadas de oito linhagens de milho com níveis variáveis de tolerância a solos ácidos, avaliadas em ambientes com solos ácidos e férteis, 1997-1999.

Cruzamento	P ₁	P ₂	F ₁	F ₂	RC ₁	RC ₂	m	a	d	aa	ad	dd	R ²	χ^2
L1 x L5	114,6	131,5	125,6	133,6	129,1	140,0	147,64**	-9,031**	-20,627*	-23,622**	-	-	88,46	4,354
L1 x L7	114,6	126,2	133,3	126,5	123,9	133,6	120,92**	-6,725*	13,139**	-	-	-	95,08	1,271
L5 x L7	131,5	126,2	140,6	139,9	138,3	143,3	142,97**	0,834	34,987**	-	-	-23,237*	87,38	2,667
L2 x L3	115,1	110,6	125,3	120,6	119,2	122,2	113,53**	1,004	12,759**	-	-	-	88,77	1,636
L2 x L4	115,1	119,7	122,3	123,8	125,4	122,8	119,16**	-1,137	5,706	-	-	-	42,68	3,835
L2 x L8	115,1	99,4	133,3	124,8	128,6	133,9	107,25**	7,850**	62,334**	-	-	-36,284**	96,79	2,874
L3 x L4	110,6	119,7	124,4	122,5	122,5	127,2	117,01**	-4,586**	10,099**	-	-	-	79,24	3,439
L3 x L8	110,6	99,4	142,8	131,4	126,4	136,7	124,22**	5,600*	19,570*	-18,574**	-31,800**	-	98,59	1,990
L4 x L8	119,7	99,4	140,0	135,9	137,2	145,8	109,55**	10,150**	90,738**	-	-37,500**	-60,288**	98,54	2,166
L1 x L2	114,6	115,1	146,1	142,9	138,6	141,9	143,55**	-0,974	3,450	-28,084**	-	-	98,03	2,076
L1 x L3	114,6	110,6	146,4	142,8	133,9	137,9	138,93**	0,576	7,407	-26,373**	-	-	98,59	1,614
L1 x L4	114,6	119,7	147,8	144,4	141,1	143,1	144,96**	-2,419	3,767	-27,174**	-	-	98,26	1,768
L1 x L8	114,6	99,4	142,5	127,9	133,3	128,7	109,26**	6,888**	36,533**	-	-	-	95,38	5,598
L2 x L5	115,1	131,5	146,1	151,6	145,1	146,7	160,07**	-6,634*	-13,277	-36,296**	-	-	96,79	2,933
L3 x L5	110,6	131,5	150,3	148,3	137,8	144,0	145,12**	-9,441**	4,901	-24,263**	-	-	99,12	0,961
L4 x L5	119,7	131,5	163,1	155,9	146,9	149,2	146,45**	-5,046*	16,118	-21,216**	-	-	99,14	1,141
L5 x L8	131,5	99,4	156,7	142,6	144,7	139,2	131,33**	16,050**	26,036**	-15,421*	-21,100*	-	99,54	0,893
L2 x L7	115,1	126,2	149,4	135,8	141,5	143,6	120,66**	-4,731*	50,880**	-	-	22,130*	95,59	3,679
L3 x L7	110,6	126,2	153,3	145,9	140,6	156,9	118,4**	-9,817*	83,135**	-	-	-48,235**	97,61	3,784
L4 x L7	119,7	126,2	159,7	149,7	140,8	147,5	124,84**	-4,069**	37,614**	-	-	-	95,01	6,004
L7 x L8	126,2	99,4	147,8	139,8	141,9	131,4	133,53**	12,712**	14,675	20,452**	-	-	99,53	0,710
L1 x L6	114,6	129,4	165,1	153,6	145,0	160,7	146,72**	-9,370**	19,460*	-23,980**	-	-	97,22	5,466
L2 x L6	115,1	129,4	166,7	154,4	151,1	159,7	148,87**	-7,352**	19,414	-25,535**	-	-	97,43	5,164
L3 x L6	110,6	129,4	163,3	148,0	145,0	152,5	122,91**	-8,949**	44,632**	-	-	-	95,77	7,725
L4 x L6	119,7	129,4	167,2	160,4	150,3	158,1	154,75**	-5,550**	12,720	-30,014**	-	-	99,70	0,536
L5 x L6	131,5	129,4	167,8	160,1	152,5	155,8	151,90**	0,018	15,783**	-21,530**	-	-	99,31	0,872
L6 x L7	129,4	126,2	171,2	157,9	160,3	163,3	127,8**	0,508	87,995**	-	-	-44,595**	98,91	1,995
L6 x L8	129,4	99,4	163,6	152,6	159,4	148,3	114,4**	14,074**	107,124**	-	-	-57,924**	99,73	0,786
S ₁ (β)							2,048	2,014	3,583	-	-	-	-	-
S ₂ (β)							6,295	2,014	8,160	6,899	-	-	-	-
S ₃ (β)							6,295	2,306	8,160	6,899	9,464	-	-	-
S ₄ (β)							2,306	2,306	10,189	-	9,468	10,024	-	-
S ₅ (β)							2,306	2,014	10,189	-	-	10,024	-	-

m= média, a: efeitos gênicos aditivos, d= efeitos gênicos dominantes, aa= efeitos epistáticos do tipo aditivo x aditivo, ad= efeitos epistáticos do tipo aditivo x dominante, dd= efeitos epistáticos do tipo dominante x dominante; *, ** $P \leq 0,05$ e $P \leq 0,01$, respectivamente; R^2 e χ^2 de acordo com o modelo considerado; Si(β)= erros associados às estimativas, onde os subscritos correspondem aos modelos utilizados.

Tabela 27 – Valores médios para altura de espiga (cm), estimativas de efeitos gênicos, coeficientes de determinação (R^2) e valores de qui-quadrado (χ^2) considerando os 28 cruzamentos F_1 e as gerações segregantes derivadas de oito linhagens de milho com níveis variáveis de tolerância a solos ácidos, avaliadas em ambientes com solos ácidos. 1997-1999.

Cruzamento	P ₁	P ₂	F ₁	F ₂	RC ₁	RC ₂	m	a	d	aa	ad	dd	R ²	χ^2
L1 x L5	40,2	45,4	42,1	48,7	45,2	48,3	44,69**	-2,700	1,013	-	-	-	31,53	5,651
L1 x L7	40,2	43,5	45,8	41,7	41,7	43,3	41,24**	-1,640	3,398	-	-	-	77,11	0,615
L5 x L7	45,4	43,5	47,5	47,4	44,6	48,3	44,76**	0,019	3,335	-	-	-	43,60	1,433
L2 x L3	31,8	34,2	38,3	33,8	37,5	38,5	33,27**	-1,160	5,546	-	-	-	63,95	1,988
L2 x L4	31,8	39,6	37,1	36,3	41,0	40,8	36,72**	-3,079	2,322	-	-	-	44,57	4,703
L2 x L8	31,8	30,0	40,0	35,8	36,7	34,5	30,98**	1,161	10,112*	-	-	-	98,79	0,108
L3 x L4	34,2	39,6	41,3	40,2	37,9	37,5	36,74**	-2,080	4,253	-	-	-	72,67	1,233
L3 x L8	34,2	30,0	40,4	44,3	35,4	45,4	48,23**	2,100	-7,850	-16,168**	-24,200**	-	99,99	0,003
L4 x L8	39,6	30,0	42,5	40,1	42,1	39,2	35,47**	4,418*	8,304**	-	-	-	93,86	0,887
L1 x L2	40,2	31,8	46,7	44,2	47,5	45,8	37,62**	3,700*	12,175**	-	-	-	79,96	4,874
L1 x L3	40,2	34,2	48,7	49,8	44,2	43,8	38,43**	2,480	12,616**	-	-	-	74,44	6,163
L1 x L4	40,2	39,6	49,6	48,3	49,2	45,4	41,99**	1,000	10,695**	-	-	-	82,16	2,459
L1 x L8	40,2	30,0	48,3	42,2	48,3	42,9	36,06**	5,160**	14,076**	-	-	-	91,71	2,610
L2 x L5	31,8	45,4	46,7	53,0	42,9	48,8	57,91**	-6,619**	-11,804	-19,621**	-	-	98,09	0,726
L3 x L5	34,2	45,4	49,2	51,6	40,4	45,8	50,51**	-5,560*	-2,806	-11,495*	-	-	85,27	4,278
L4 x L5	39,6	45,4	55,4	56,8	47,8	54,2	44,21**	-3,400	14,459**	-	-	-	76,39	7,657
L5 x L8	45,4	30,0	52,1	45,2	50,0	44,2	38,25**	7,320**	14,897**	-	-	-	97,53	1,025
L2 x L7	31,8	43,5	46,3	41,0	45,0	50,8	38,87**	-5,840*	9,754**	-	-	-	74,49	7,251
L3 x L7	34,2	43,5	51,3	48,8	46,7	53,8	40,57**	-5,140	10,014**	-	-	-	85,32	4,925
L4 x L7	39,6	43,5	54,2	49,8	45,4	54,8	42,34**	-3,441	13,365**	-	-	-	84,60	3,981
L7 x L8	43,5	30,0	48,8	46,6	52,5	42,5	38,38**	7,400**	13,534**	-	-	-	88,95	4,600
L1 x L6	40,2	42,9	66,7	62,0	57,9	63,1	59,02**	-2,124	8,418	-17,082**	-	-	97,89	1,854
L2 x L6	31,8	42,9	60,8	56,4	51,3	60,8	54,34**	-6,345**	7,465	-16,460**	-	-	96,97	2,775
L3 x L6	34,2	42,9	57,5	54,3	52,1	53,8	40,58**	-3,820	20,796**	-	-	-	87,82	6,662
L4 x L6	39,6	42,9	65,0	60,3	57,8	60,4	57,28**	-1,841	8,438	-15,655**	-	-	98,64	1,044
L5 x L6	45,4	42,9	67,1	64,3	57,5	64,6	62,27**	-0,430	5,162	-17,944**	-	-	94,77	4,049
L6 x L7	42,9	43,5	65,8	61,5	60,4	61,7	59,32**	-0,501	7,371	-15,667**	-	-	97,64	1,678
L6 x L8	42,9	30,0	55,8	57,7	62,9	54,2	36,45**	6,903**	67,740**	-	-	-48,39**	99,75	0,355
S ₁ (β)							1,722	1,707	3,168	-	-	-	-	-
S ₂ (β)							5,216	1,707	7,069	5,657	-	-	-	-
S ₃ (β)							5,216	1,910	7,069	5,657	8,519	-	-	-
S ₄ (β)							1,910	1,707	8,684	-	-	8,832	-	-

m= média, a: efeitos gênicos aditivos, d= efeitos gênicos dominantes, aa= efeitos epistáticos do tipo aditivo x aditivo, ad= efeitos epistáticos do tipo aditivo x dominante, dd= efeitos epistáticos do tipo dominante x dominante; *, ** P $\leq$ 0,05 e P $\leq$ 0,01, respectivamente; R² e χ^2 de acordo com o modelo considerado; Si(β)= erros associados às estimativas, onde os subscritos correspondem aos modelos utilizados..

Tabela 28 – Valores médios para altura de espiga (cm), estimativas de efeitos gênicos, coeficientes de determinação (R^2) e valores de qui-quadrado (χ^2) considerando os 28 cruzamentos F_1 e as gerações segregantes derivadas de oito linhagens de milho com níveis variáveis de tolerância a solos ácidos, avaliadas em ambientes com solos férteis, 1997-1998.

Cruzamento	P ₁	P ₂	F ₁	F ₂	RC ₁	RC ₂	m	a	d	aa	ad	dd	R ²	χ^2
L1 x L5	65,8	53,3	75,0	74,2	70,0	70,8	60,081**	5,324*	19,367**	-	-	-	88,84	3,329
L1 x L7	65,8	63,3	73,3	76,7	72,5	79,2	65,518**	0,206	15,892*	-	-	-	66,86	5,931
L5 x L7	53,3	63,3	79,2	76,7	74,2	79,2	59,385**	-5,000*	28,901**	-	-	-	91,08	4,623
L2 x L3	51,7	45,8	55,0	57,5	51,7	55,0	49,066**	2,129	8,578	-	-	-	67,69	2,329
L2 x L4	51,7	52,5	62,5	60,8	61,7	61,7	52,676**	-0,347	14,645**	-	-	-	88,42	1,334
L2 x L8	51,7	45,8	58,3	55,3	53,3	55,0	48,810**	2,339	10,001*	-	-	-	88,94	0,799
L3 x L4	45,8	52,5	57,5	55,8	52,5	60,8	49,580**	-4,000*	11,523*	-	-	-	87,43	1,613
L3 x L8	45,8	45,8	70,0	56,7	55,0	57,5	45,587**	-0,328	22,631**	-	-	-	98,36	0,404
L4 x L8	52,5	45,8	70,8	70,8	68,3	66,7	50,27**	3,120	29,894**	-	-	-	89,40	5,732
L1 x L2	65,8	51,7	79,2	75,0	76,2	66,7	59,186**	7,372**	23,662**	-	-	-	96,93	1,369
L1 x L3	65,8	45,8	80,8	75,8	74,2	69,2	56,377**	9,344**	29,255**	-	-	-	96,10	2,737
L1 x L4	65,8	52,5	76,7	85,8	70,3	71,7	88,18**	5,593**	-14,645	-29,406**	-	-	90,35	4,657
L1 x L8	65,8	45,8	79,2	68,3	70,8	70,8	56,18**	8,687**	26,213**	-	-	-	92,85	4,294
L2 x L5	51,7	53,3	72,5	75,8	69,5	75,0	82,65**	-1,417	-8,479	-29,955**	-	-	97,33	1,442
L3 x L5	45,8	53,3	72,8	68,3	65,8	68,3	50,386**	-3,586	29,417**	-	-	-	94,03	2,852
L4 x L5	52,5	53,3	96,7	79,2	76,7	77,5	53,272**	-0,452	46,542**	-	-	-	99,33	0,693
L5 x L8	53,3	45,8	88,3	70,0	76,7	72,5	50,198**	3,809	43,526**	-	-	-	97,57	2,347
L2 x L7	51,7	63,3	71,7	62,8	63,3	69,2	57,63**	-5,813**	15,159**	-	-	-	97,90	0,456
L3 x L7	45,8	63,3	76,7	74,2	65,8	83,3	77,02**	-9,899**	2,188	-22,169**	-	-	95,04	4,182
L4 x L7	52,5	63,3	86,7	78,3	78,3	77,8	58,692**	-4,625*	34,638**	-	-	-	94,50	3,688
L7 x L8	63,3	45,8	80,8	68,3	60,0	70,8	54,318**	8,750**	24,538**	-	-39,100**	-	99,10	0,487
L1 x L6	65,8	73,7	102,8	91,7	76,7	94,2	69,810**	-5,729**	33,490**	-	-	-	89,07	7,752
L2 x L6	51,7	73,7	91,7	90,0	74,2	86,2	63,379**	-11,131**	34,011**	-	-	-	94,90	4,991
L3 x L6	45,8	73,7	86,7	76,2	73,3	88,3	60,657**	-14,088	33,639**	-	-	-	96,66	3,962
L4 x L6	52,5	73,7	102,5	93,3	80,8	86,7	63,493**	-9,983**	42,297**	-	-	-	96,35	4,367
L5 x L6	53,3	73,7	107,5	100,0	93,3	93,3	93,13**	-8,861**	14,666	-29,595**	-	-	97,83	3,681
L6 x L7	73,7	63,3	107,0	96,7	90,8	95,8	69,351**	3,861	44,777**	-	-	-	93,53	6,884
L6 x L8	73,7	45,8	94,2	80,0	90,0	79,2	60,664**	13,536**	41,189**	-	-	-	96,94	4,321
S ₁ (β)							1,865	1,800	4,597	-	-	-	-	-
S ₂ (β)							10,479	1,800	14,739	10,752	-	-	-	-
S ₃ (β)							1,864	1,932	4,592	-	10,606	-	-	-

m= média; a: efeitos gênicos aditivos, d= efeitos gênicos dominantes, aa= efeitos epistáticos do tipo aditivo x aditivo, ad= efeitos epistáticos do tipo aditivo x dominante, dd= efeitos epistáticos do tipo dominante x dominante; *, ** $P \leq 0,05$ e $P \leq 0,01$, respectivamente; R^2 e χ^2 de acordo com o modelo considerado; Si(β)= erros associados às estimativas, onde os subscritos correspondem aos modelos utilizados.

Tabela 29 – Valores médios para altura de espiga (cm), estimativas de efeitos gênicos, coeficientes de determinação (R^2) e valores de qui-quadrado (χ^2) considerando os 28 cruzamentos F_1 e as gerações segregantes derivadas de oito linhagens de milho com níveis variáveis de tolerância a solos ácidos, avaliadas em ambientes com solos ácidos e férteis. 1997-1999.

Cruzamento	P_1	P_2	F_1	F_2	RC_1	RC_2	m	a	d	aa	ad	dd	R^2	χ^2
L1 x L5	48,7	48,1	53,1	57,2	53,4	55,8	50,013**	-0,295	6,825	-	-	-	45,06	6,372
L1 x L7	48,7	50,1	55,0	53,3	51,9	61,9	48,95**	1,295	6,197	-	-	-	84,05	0,929
L5 x L7	48,1	50,1	58,1	57,2	54,4	58,6	50,181**	-1,705	10,424**	-	-	-	81,27	3,078
L2 x L3	38,4	38,1	48,8	41,7	42,2	44,0	37,953**	-0,280	10,158**	-	-	-	94,42	0,682
L2 x L4	38,4	43,9	45,6	44,4	47,9	47,8	42,334**	-2,122	6,001	-	-	-	55,87	4,709
L2 x L8	38,4	35,3	46,1	41,6	42,2	41,3	36,93**	1,407	9,354**	-	-	-	99,57	0,046
L3 x L4	38,1	43,9	46,7	45,4	42,8	45,3	41,213**	-2,812	5,981	-	-	-	95,93	0,313
L3 x L8	38,1	35,3	50,3	48,4	41,9	49,4	37,74**	1,400	14,969**	-	-17,800*	-	91,23	2,978
L4 x L8	43,9	35,3	51,9	50,3	50,8	48,4	41,10**	3,881*	14,158**	-	-	-	87,34	4,178
L1 x L2	48,7	38,4	57,5	54,4	57,1	52,8	45,026**	4,963**	15,894**	-	-	-	89,99	4,311
L1 x L3	48,7	38,1	59,4	58,4	54,2	52,2	44,580**	4,573**	17,554**	-	-	-	86,67	6,665
L1 x L4	48,7	43,9	58,6	60,8	56,2	54,2	61,74**	2,312	-3,656	-15,660*	-	-	98,69	0,441
L1 x L8	48,7	35,3	58,6	50,9	55,8	52,2	42,95**	6,017**	17,885**	-	-	-	93,43	3,593
L2 x L5	38,4	48,1	55,3	60,6	51,8	57,5	65,65**	-5,037**	10,450	-22,440**	-	-	99,87	0,070
L3 x L5	38,1	48,1	57,1	57,2	48,9	56,7	44,506**	-5,617**	15,852**	-	-	-	86,17	6,677
L4 x L5	43,9	48,1	69,2	64,3	58,1	61,9	47,292**	-2,475	24,901**	-	-	-	92,75	5,609
L5 x L8	48,1	35,3	64,2	53,4	58,9	53,6	42,540**	6,157**	23,607**	-	-	-	97,03	2,408
L2 x L7	38,4	50,1	54,7	48,3	51,1	56,9	45,21**	-5,839**	11,716**	-	-	-	84,29	6,665
L3 x L7	38,1	50,1	59,7	57,2	53,1	63,6	58,07**	-6,992**	3,016	-13,372*	-	-	93,40	4,554
L4 x L7	43,9	50,1	65,0	59,3	58,4	62,4	48,409**	-3,298*	19,856**	-	-	-	92,31	4,047
L7 x L8	50,1	35,3	59,4	53,8	55,0	49,9	43,330**	6,893**	17,530**	-	-	-	97,55	1,373
L1 x L6	48,7	53,2	78,7	71,9	64,2	73,4	65,49**	-3,782*	13,371	-14,469*	-	-	96,93	0,949
L2 x L6	38,4	53,2	71,1	67,6	58,9	69,3	65,05**	-8,061**	6,438	-19,084**	-	-	99,30	0,910
L3 x L6	38,1	53,2	67,2	61,6	59,2	65,3	47,60**	-7,230**	24,120**	-	-	-	92,01	7,581
L4 x L6	43,9	53,2	77,5	71,3	62,8	69,2	50,148**	-5,036**	31,055**	-	-	-	93,33	8,459
L5 x L6	48,1	53,2	80,6	76,2	69,4	74,2	72,59**	-3,046*	8,336	-21,797**	-	-	99,62	0,542
L6 x L7	53,2	50,1	79,6	78,2	70,6	73,1	68,96**	0,657	11,527**	-16,928**	-	-	97,92	2,472
L6 x L8	53,2	35,3	68,6	65,1	71,9	62,5	44,25**	9,049**	64,864**	-	-	-40,514**	99,65	0,530
$S_1(\beta)$							1,568	1,523	2,996	-	-	-	-	-
$S_2(\beta)$							5,181	1,523	7,069	5,570	-	-	-	-
$S_3(\beta)$							1,568	1,725	2,996	-	7,349	-	-	-
$S_4(\beta)$							1,725	1,523	7,926	-	-	8,285	-	-

m= média, a: efeitos gênicos aditivos, d= efeitos gênicos dominantes, aa= efeitos epistáticos do tipo aditivo x aditivo, ad= efeitos epistáticos do tipo aditivo x dominante, dd= efeitos epistáticos do tipo dominante x dominante; *, ** $P \leq 0,05$ e $P \leq 0,01$, respectivamente; R^2 e χ^2 de acordo com o modelo considerado; $S_i(\beta)$ = erros associados às estimativas, onde os subscritos correspondem aos modelos utilizados

Tabela 30, Valores médios para número de espigas por planta (espigas/planta), estimativas de efeitos gênicos, coeficientes de determinação (R^2) e valores de qui-quadrado (χ^2) considerando os 28 cruzamentos F1 e as gerações segregantes derivadas de oito linhagens de milho com níveis variáveis de tolerância a solos ácidos, avaliadas em ambientes com solos ácidos 1997-1999,

Cruzamento	P ₁	P ₂	F ₁	F ₂	RC ₁	RC ₂	m	a	d	R ²	χ^2
L1 x L5	0,88	0,89	0,90	0,86	0,87	0,89	0,872**	-0,010	0,016	24,98	0,798
L1 x L7	0,88	0,87	0,82	0,92	0,85	0,87	0,897**	-0,003	-0,057	28,03	0,047
L5 x L7	0,89	0,87	0,94	0,84	0,83	0,87	0,839**	-0,007	0,064	27,061	5,485
L2 x L3	0,84	0,78	0,88	0,85	0,87	0,80	0,807**	0,044	0,070	88,10	0,663
L2 x L4	0,84	0,75	0,90	0,78	0,81	0,79	0,760**	0,036	0,109	65,32	3,925
L2 x L8	0,84	0,81	0,95	0,82	0,88	0,91	0,812**	-0,004	0,126**	60,389	4,948
L3 x L4	0,78	0,75	0,82	0,76	0,75	0,80	0,750**	-0,007	0,057	43,613	2,048
L3 x L8	0,78	0,81	0,89	0,91	0,88	0,85	0,820**	0,004	0,092	51,542	3,768
L4 x L8	0,75	0,81	0,97	0,95	0,82	0,80	0,772**	-0,013	0,191**	54,755	14,393**
L1 x L2	0,88	0,84	0,94	0,91	0,93	0,88	0,864**	0,030	0,079	92,44	0,344
L1 x L3	0,88	0,78	0,92	0,86	0,91	0,96	0,851**	0,016	0,088	32,91	7,080
L1 x L4	0,88	0,75	0,95	0,86	0,90	0,91	0,819**	0,039	0,135**	77,23	3,136
L1 x L8	0,88	0,81	0,96	0,89	0,87	0,92	0,839**	0,006	0,116*	73,33	2,312
L2 x L5	0,84	0,89	0,90	0,91	0,921	0,89	0,881**	-0,006	0,033	26,18	1,617
L3 x L5	0,78	0,89	0,95	0,88	0,87	0,87	0,823**	-0,036	0,116*	85,415	1,392
L4 x L5	0,75	0,89	0,98	0,85	0,91	0,91	0,812**	-0,046	0,161**	78,493	4,130
L5 x L8	0,89	0,81	0,86	0,84	0,92	0,88	0,865**	0,040	0,008	41,750	3,060
L2 x L7	0,84	0,87	0,94	0,96	0,94	0,96	0,891**	-0,017	0,081	48,372	3,701
L3 x L7	0,78	0,87	0,92	0,87	0,87	0,91	0,831**	-0,043	0,094*	94,407	0,398
L4 x L7	0,75	0,87	0,94	0,85	0,84	0,93	0,808**	-0,030	0,130**	92,881	1,237
L7 x L8	0,87	0,81	0,93	0,90	0,92	0,91	0,856**	0,023	0,088	82,073	0,960
L1 x L6	0,88	0,90	0,92	0,91	0,91	0,93	0,897**	-0,013	0,029	72,46	0,245
L2 x L6	0,84	0,90	0,91	0,93	0,92	0,93	0,894**	-0,023	0,037	44,891	1,697
L3 x L6	0,78	0,90	0,94	0,90	0,91	0,92	0,852**	-0,043	0,099*	84,002	1,347
L4 x L6	0,75	0,90	0,93	0,90	0,88	0,93	0,841**	-0,066*	0,103*	91,951	0,961
L5 x L6	0,89	0,90	0,95	0,92	0,92	0,94	0,897**	-0,010	0,055	91,002	0,153
L6 x L7	0,90	0,87	0,98	0,94	0,93	0,90	0,880**	0,020	0,096*	89,425	0,574
L6 x L8	0,90	0,81	1,00	0,92	0,96	0,92	0,858**	0,043	0,145**	97,550	0,311
S(β)							0,028	0,027	0,046		

m = média; a = efeitos gênicos aditivos; d = efeitos gênicos dominantes; R^2 e χ^2 = de acordo com o modelo aditivo-dominante; * e ** = $P \leq 0,05$ e $P \leq 0,01$, respectivamente; S(β) = erro associado às estimativas.

Tabela 31. Valores médios para número de espigas por planta (espigas/planta), estimativas de efeitos gênicos, coeficientes de determinação (R^2) e valores de qui-quadrado (χ^2) considerando os 28 cruzamentos F1 e as gerações segregantes derivadas de oito linhagens de milho com níveis variáveis de tolerância a solos ácidos, avaliadas em ambientes com solos férteis 1997-1998.

Cruzamento	P1	P2	F1	F2	RC1	RC2	m	a	d	R^2	χ^2
L1 x L5	0,86	0,94	0,77	0,87	0,92	0,90	0,953**	-0,010	-0,152	59,54	1,486
L1 x L7	0,86	1,08	0,84	0,94	0,88	0,87	0,969**	-0,051	-0,129	53,05	2,008
L5 x L7	0,94	1,08	0,98	0,96	0,85	1,04	0,970**	-0,029	-0,013	75,09	1,535
L2 x L3	1,05	0,92	0,92	0,86	0,94	0,85	0,917**	0,077	-0,037	50,89	1,714
L2 x L4	1,05	0,92	0,95	0,91	0,88	0,90	0,921**	0,023	-0,008	7,74	1,817
L2 x L8	1,05	1,03	1,02	1,01	0,80	1,00	0,964**	-0,094	0,012	24,12	7,671
L3 x L4	0,92	0,92	0,92	0,92	0,76	0,90	0,873**	-0,069	0,020	25,54	3,954
L3 x L8	0,92	1,03	0,98	1,01	0,87	0,97	0,958**	-0,077	0,012	43,37	2,167
L4 x L8	0,92	1,03	0,99	0,92	0,93	0,97	0,932**	-0,047	0,033	48,39	0,772
L1 x L2	0,86	1,05	0,96	1,02	0,94	0,94	0,971**	-0,048	-0,002	22,16	2,240
L1 x L3	0,86	0,92	0,94	0,95	0,96	0,97	0,930**	-0,020	0,033	27,30	0,570
L1 x L4	0,86	0,90	0,99	0,89	1,05	0,96	0,903**	0,029	0,094	20,16	4,221
L1 x L8	0,86	1,03	0,88	0,95	0,90	1,01	0,982**	-0,097	-0,081	87,26	0,470
L2 x L5	1,05	0,94	1,04	0,96	0,93	0,99	0,941**	-0,001	0,067	19,28	1,769
L3 x L5	0,92	0,94	0,92	0,93	0,95	0,95	0,945**	-0,005	-0,016	15,67	0,171
L4 x L5	0,92	0,94	0,89	0,97	0,93	1,04	0,993**	-0,059	-0,067	41,47	1,956
L5 x L8	0,94	1,03	1,12	1,10	1,05	1,03	0,997**	-0,013	0,130	57,16	1,205
L2 x L7	1,05	1,08	0,92	1,01	0,91	0,92	1,032**	-0,012	-0,131	39,68	2,498
L3 x L7	0,92	1,08	1,04	0,99	1,00	1,05	0,990**	-0,065	0,044	77,88	0,384
L4 x L7	0,92	1,08	1,09	1,02	0,88	1,04	0,946**	-0,119*	0,113	70,01	2,195
L7 x L8	1,08	1,03	1,02	1,11	1,12	1,08	1,117**	0,032	-0,061	34,65	1,199
L1 x L6	0,86	0,94	0,91	1,05	1,01	1,03	1,019**	-0,030	-0,040	8,11	4,502
L2 x L6	1,05	0,94	1,01	1,12	1,09	1,05	1,078**	0,048	-0,020	19,72	2,691
L3 x L6	0,92	0,94	1,03	1,07	1,00	1,06	0,992**	-0,035	0,074	32,51	1,741
L4 x L6	0,92	0,94	0,97	1,06	0,93	1,04	0,993**	-0,059	0,014	23,43	3,238
L5 x L6	0,94	0,94	1,06	1,07	1,06	0,92	0,963**	0,069	0,110	44,53	3,052
L6 x L7	0,94	1,08	1,00	1,08	1,13	1,05	1,085**	0,004	-0,041	4,77	3,259
L6 x L8	0,94	1,03	1,21	1,07	1,08	1,11	0,972**	-0,038	0,230*	96,16	0,213
S(β)							0,062	0,057	0,104		

m = média; a = efeitos gênicos aditivos; d = efeitos gênicos dominantes; R^2 e χ^2 = de acordo com o modelo aditivo-dominante; * e ** = $P \leq 0,05$ e $P \leq 0,01$, respectivamente; S(β) = erro associado às estimativas.

Tabela 32. Valores médios para número de espigas por planta (espigas/planta), estimativas de efeitos gênicos, coeficientes de determinação (R^2) e valores de qui-quadrado (χ^2) considerando os 28 cruzamentos F1 e as gerações segregantes derivadas de oito linhagens de milho com níveis variáveis de tolerância a solos ácidos, avaliadas em ambientes com solos ácidos e férteis 1997-1999.

Cruzamento	P1	P2	F1	F2	RC1	RC2	m	a	d	R^2	χ^2
L1 x L5	0,87	0,91	0,85	0,86	0,89	0,89	0,896**	-0,012	-0,041	49,82	0,999
L1 x L7	0,87	0,94	0,82	0,93	0,86	0,87	0,924**	-0,025	-0,087	48,60	4,753
L5 x L7	0,91	0,94	0,95	0,88	0,83	0,92	0,882**	-0,044	0,030	33,41	6,484
L2 x L3	0,91	0,83	0,89	0,85	0,89	0,82	0,851**	0,052	0,022	76,95	1,223
L2 x L4	0,91	0,81	0,91	0,82	0,83	0,83	0,819**	0,030	0,055	34,60	5,213
L2 x L8	0,91	0,88	0,97	0,89	0,85	0,94	0,867**	-0,026	0,078	40,26	5,719
L3 x L4	0,83	0,81	0,85	0,81	0,75	0,84	0,795**	-0,029	0,033	25,37	5,073
L3 x L8	0,83	0,88	0,93	0,94	0,87	0,89	0,862**	-0,023	0,074	50,86	3,227
L4 x L8	0,81	0,88	0,99	0,94	0,86	0,85	0,824**	-0,017	0,148**	57,08	8,007
L1 x L2	0,87	0,91	0,95	0,95	0,93	0,90	0,896**	-0,000	0,059	45,27	1,993
L1 x L3	0,87	0,83	0,93	0,89	0,93	0,96	0,874**	0,0005	0,077	36,33	4,881
L1 x L4	0,87	0,81	0,97	0,87	0,95	0,93	0,846**	0,026	0,129	67,12	4,320
L1 x L8	0,87	0,88	0,94	0,91	0,88	0,95	0,879**	-0,030	0,064	68,50	1,509
L2 x L5	0,91	0,91	0,94	0,93	0,92	0,92	0,909**	0,000	0,030	82,93	0,087
L3 x L5	0,83	0,91	0,94	0,90	0,90	,90	0,866**	-0,020	0,070	84,59	0,579
L4 x L5	0,81	0,91	0,96	0,89	0,92	0,95	0,865**	-0,040	0,099	78,67	1,949
L5 x L8	0,91	0,88	0,95	0,93	0,96	0,93	0,907**	0,021	0,053	76,14	0,618
L2 x L7	0,91	0,94	0,93	0,98	0,94	0,94	0,944**	-0,009	0,003	4,90	2,399
L3 x L7	0,83	0,94	0,96	0,91	0,91	0,96	0,887**	-0,053	0,075	92,32	0,555
L4 x L7	0,81	0,94	0,99	0,90	0,85	0,97	0,856**	-0,046	0,117*	89,70	1,978
L7 x L8	0,94	0,88	0,96	0,97	0,99	0,97	0,939**	0,026	0,046	47,37	2,215
L1 x L6	0,87	0,92	0,92	0,96	0,94	0,96	0,928**	-0,023	0,021	26,18	2,742
L2 x L6	0,91	0,92	0,94	0,99	0,98	0,97	0,952**	0,001	0,020	4,97	3,767
L3 x L6	0,83	0,92	0,97	0,96	0,94	0,97	0,899**	-0,039	0,092	79,84	1,560
L4 x L6	0,81	0,92	0,95	0,96	0,89	0,96	0,887**	-0,030	0,082	78,73	2,301
L5 x L6	0,91	0,91	0,99	0,97	0,96	0,93	0,913**	0,012	0,080	78,47	0,869
L6 x L7	0,92	0,94	0,98	0,98	1,00	0,95	0,945**	0,013	0,048	42,13	1,848
L6 x L8	0,92	0,88	1,07	0,97	1,00	0,98	0,89**	0,020	0,170**	97,58	0,351
S(β)							0,027	0,026	0,046		

m = média; a = efeitos gênicos aditivos; d = efeitos gênicos dominantes; R^2 e χ^2 = de acordo com o modelo aditivo-dominante; * e ** = $P \leq 0,05$ e $P \leq 0,01$, respectivamente; S(β) = erro associado às estimativas.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICA

ADAMS, F. **Soil Acidity and liming**. 2.ed. Am. Soc. Agron. Madison, WI, Agronomy, 1984. No 12.

AGUIAR, P. A. Avaliação de progênies de meios irmãos da população de milho CMS-39 em diferentes condições de ambientes. Lavras, 1986. 69p. Dissertação (Mestrado) - Escola Superior de Agricultura de Lavras.

ALDRICH, S. R.; SCOTT, W. O.; LENG, E. R. **Modern Corn Production**. Champaign: A & L Publication, I. L., 1975. 378p.

ANDERSON, V. L.; KEMPTHORNE, O. A model for the study of quantitative inheritance. **Genetics**, v.39, p. 883-898, Nov.1954.

ARNOLD, J. M.; JOSEPHSON, L. M. Inheritance of stalk quality characteristics in maize. **Crop. Science**, v. 15, p. 338-340, May/June 1975.

BAHIA FILHO, A. F. C.; FRANCA, G. E.; PITTA, G. V. E.; MAGNAVACA, R.; Mendes, J. F.; Bahia, F. G.; Pereira, P. Avaliação de linhagens e populações de milho em condições de elevada acidez. In: REUNIÃO BRASILEIRA DE MILHO E SORGO, 11, Piracicaba, 1978. **Anais**. Piracicaba: Depto. De Genética - ESALQ/USP, 1978. p. 51-68.

- BAHIA FILHO, A. F. C.; MAGNAVACA, R.; SCHAFFERT, R. E.; ALVES, V. M. C. Identification, utilization, and economic impact of maize germplasm tolerant to low levels of phosphorus and toxic levels of exchangeable aluminum in Brazilian Soils. In: Moniz, A. C., et al. (Ed.) **Plant Soil Interactions of Low pH: Sustainable agriculture and forestry production**. Brasil: Brazilian Soil Science Society, 1997. Session 2, p. 59-70.
- BERNARDO, R.; BOURRIER, M.; OLIVER, J. L. Generations means analysis of resistance to head smut in maize. **Agronomie**, v. 12, n. 4, p. 303-336, 1992.
- BORRERO, J. C.; PANDEY, S.; CEBALLOS, H.; MAGNAVACA, R.; BAHÍA FILHO, A. F. C. Genetic variances for tolerance to soil acidity in a tropical maize population. **Maydica**, v. 40, p. 283-288, 1995.
- CAMPBELL, K W.; WHITE, D. G. Inheritance of resistance to *Aspergillus* ear rot and aflatoxin in corn genotypes. **Phytopatology**, v. 85, n. 8, p. 886-896, 1995.
- CAVIEDES, G. M. Efeitos gênicos e de oscilação genética associados à seleção recorrente intrapopulacional na população de milho (*Zea mays* L.) SA-3. Piracicaba, junho, 1998. 145p. Tese (Doutorado). Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo.
- CEBALLOS, H.; PANDEY, S.; KNAPP, E. B.; DUQUE-VARGAS, J. Progress from selection for tolerance to soil acidity in five tropical maize populations. In: Date, R. A.; et al. (Ed.) **Plant soil interactions at low pH**. The Netherlands: Kluwer Academic Publ., Dordrecht, 1995. p. 419-424.
- CEBALLOS, H.; PANDEY, S.; NARRO, L.; PEREZ, J.C. Additive, dominant, and epistatic effects for maize grain yield in acid and non-acid soils. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 96, p. 662-668, 1998.

- CHUNG, C.; MATHER, D. E.; REID, M. L.; HAMILTON, R. I. Inheritance of kernel resistance to *Fusarium graminearum* in maize. **Journal of Heredity**, v. 87, n. 5, p. 382-385, 1996.
- CLARK, R. B. Differential magnesium efficiency in maize inbreds. I Dry matter yields and mineral elements composition. **Soil Science Society American Proceedings**, v. 39, p. 488-491, 1975.
- CLARK, R. B. Effect of aluminum on growth and mineral elements of Al-tolerant and Al-intolerant corn. **Plant and Soil**, v. 47, p. 653-662, 1977.
- CLARK, R. B.; BROWN, J.C. Differential phosphorus uptake by phosphorus estressed corn inbreds. **Crop Science**, v. 14, 505-508, Jul/Aug. 1974.
- CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J. **Modelos Biométricos Aplicados ao Melhoramento Genético**. 2.ed. Viçosa: UFV, 1997, p. 390.
- DARRAH, L. L.; HALLAUER, A. R. Genetic effects estimated from generations means in four diallel sets of maize inbreds. **Crop Science**, v. 12, p. 615-621, sep/oct. 1972.
- DELHAIZE, E.; RYAN, P. R. Aluminum toxicity and tolerance in plants. **Plant Physiology**, v. 107, p. 315-321, Jan-Feb 1995.
- DUQUE- VARGAS, J.; PANDEY, S.; GRANADOS, G.; CEBALLOS, H.; KNAPP, E. Inheritance of Tolerance to Soil Acidity in Tropical Maize. **Crop Science**, v. 34, n. 1, p. 50-54, Jun/feb.1994.
- EBERHART, S. A.; GARDNER, C. O. A general model for genetics effects. **Biometrics**, v. 22, p. 864-881, 1966.

ELEUTÉRIO, A.; GOMES-GAMA, E. E.; RAMALHO DE MORAIS, A. Capacidade de combinação e heterose em híbridos intervarietais de milho adaptados às condições de Cerrado. **Pesquisa. Agropecuária. Brasileira, Brasília**, v. 23, n. 3, p. 247-253, Março 1988.

ESWARAN, H.; REICH, P.; BEINROTH, F. Global distribution of soils with acidity. In: Moniz, A. C.; et al. (Ed.) **Plant-Soil interactions of low pH: Sustainable agriculture and forestry production**. Brazil: Brasziliam Soil Science Society, 1997. Session 5, p. 159-164.

FALCONER, D. S.; MACKAY, T. F. C. **Introduction to quantitative genetics**. 4.ed. Essex: Longman, 1996. 464p.

FIGUEREIDO, O. A. R.; ALMEIDA, J. A. Quantificação das formas trocáveis e não trocáveis de alumínio em solos ácidos do Estado de Santa Catarina. **Revista Brasileira de Ciência do Solo**, v.15, p. 151-156, Maio/Ag. 1991.

FOY, C. D. General principles involved in screening plants for aluminum and manganese tolerance. In: Wright, M. J. (Ed.) **Plant Adaptation to Mineral Stress in Problems Soils**. NewYork: Cornell Univ. Agric. Exp. Sta., Ithaca, 1976. p.255-267.

FOY, C.D.; BROWN, J. C. Toxic factors in acid soil: II diferencial aluminum tolerance of plant species. **Proceding Soil science Society American**, v. 2, p. 27-32, Jan/Feb. 1964.

FOY, C. D.; FLEMING, A. L. The physiology of plant tolerance to excess available aluminum and manganese in acid soils. In: Cropo tolerance to subtropical land conditions. Madison, 1978. P.301-328.

- FRANK, T. E.; HALLAUER, A. R. Generation means analysis of the twin-ear trait in maize. **The Journal of Heredity**, v. 88, n. 6, p.469-474, 1997.
- FURLANI, P. R.; HANNA, L. G. Avaliação da tolerância de plantas de arroz e milho ao alumínio em solução nutritiva. **Revista Brasileira da Ciência do Solo**, n. 8, p. 205-208, 1984.
- FURLANI, P. R.; LIMA, M.; DE MIRANDA, L. T.; DE MIRANDA, L. E. C.; SAWASAKI, E.; MAGNAVACA, R. Avaliação de linhagens, materiais comerciais e duas populações de milho para a tolerância ao alumínio. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 21, n. 6, p. 655-666, jun, 1986.
- GALVÃO, J. D.; SILVA, J. C. Herança da tolerância ao alumínio na variedade de milho 'Piranão'. **Revista Ceres**, V. 25, n. 137, p. 071- 078, 1978.
- GAMA, E. E.; MAGNAVACA, R.; MORAIS, A. R.; OLIVEIRA, A. C. Comportamiento de cinco poblaciones de maíz y de sus respectivos híbridos interpoblaciones em suelos fértiles y ácidos. In: REUNION DE MAICEROS DE LA ZONA ANDINA, 12., Quito, 1986. Memórias. Quito: INIAP-CIMMYT, 1986.
- GAMBLE, E. E. Gene effects in corn (*Zea mays* L.). I. 1. Separation and relative importance of gene effects for yield. **Canadian Journal Plant Science**, v. 42: 339-348, Apr. 1962a.
- GAMBLE, E. E. Gene effects in corn: (*Zea mays* L.) II. Relative importance of gene effects for plant height and certain component attributes of yield. **Canadian Journal Plant. Science**, v. 42: 349-358, Apr. 1962b.
- GARCIA Jr da SILVA, W. J.; MASSEI, M. A. An efficient method for screening maize inbreds for aluminum tolerance. **Maydica**, v. 24, n. 2, p. 75-82, 1979.

- GOEDERT, E.; LOBATO, E.; LORENÇO, S. Nutrient use efficiency in Brazilian acid soils: Nutrient management and plant efficiency. In: A. C. Moniz et al. (Ed.). **Plant Soil Interactions of low pH**. Brazil: Brazilian Soil Science society, 1997. p. 97-104.
- GRANADOS, G.; PANDEY, S.; CEBALLOS, H. Response to Selection for Tolerance to Acid Soils in a Tropical Maize Population. **Crop Science**, v. 33, n. 5, p. 936-940, Sep/Oct. 1993.
- GRAUER, V. E.; HORST, W.T. Modeling cation amelioration of aluminum phytotoxicity. **Soil Science Society American Journal**, v. 56, p. 166-172, 1992.
- HAYMAN, B. I. The separation of epistatic from additive and dominance variation in generation means **Heredity**, v 12, p. 371-390, 1958.
- HAYMAN, B. I. The separation of epistatic from additive and dominance variation in generation means II. **Genetica**, v 31, p. 133-146, 1960.
- HALLAUER, A. R.; MIRANDA FILHO, J. B. **Quantitative genetics in maize breeding**. Iowa: State University Press, 1988. 468 p.
- IVANOVIC, M.; QUARRIE, S. A.; DJORDJEVIC, J.; PEKIC, S. Inheritance of abscisic acid production in maize (*Zea mays* L.) leaves in response to rapid drought stress and in the field. **Maydica**, v. 37, n. 4, p. 313-318, 1992.
- JINKS, J. L.; JONES, R. M. Estimation of the components of heterosis. **Genetics**, v. 43, p. 223-234, 1958.

- JUNG, M.; WELDEKIDAN, T.; SCHAFF, D.; PATERSON, A.; TINGEY, S.; HAWAK, J. Generation means analysis and quantitative trait locus mapping of anthracnose stalk rot genes in maize. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 89, n. 4, p. 413-418, 1994.
- KASSIM, F.; HAGG, W. L.; WASSON, C. E. Genotypic response of corn aluminum stress. II Field performance of corn varieties in acid soil and its relationship with performance at seedling stage. **Indones journal Crop Science**. v. 5, p. 53-65, 1990.
- KINRAIDE, T. B. Identity of the rizothoxic aluminum species **Plant and Soil**, v. 134, p. 167-178, 1991.
- KINRAIDE, T. B.; RYAN, P. R.; KOCHIAN, L. V. Interactive effects of Al^{+3} , H^{+} and other cation on root elongation considered in terms of cell-surface electrical potential. **Plant Physiology**, v. 99, p. 1461-1468, 1992.
- KOCHIAN, L. V. Cellular mechanisms of aluminum toxicity and resistance in plant. **Annual Reviews. Plant. Physiology. Plant. Molecular. Biology**. v. 46, p. 237-260, 1995.
- LIMA, M.; FURLANI, P. R.; MIRANDA FILHO, J. B. Divergent selection for aluminum tolerance in maize (*Zea mays* L.) population. **Maydica**, v. 37, p. 123-132, 1992.
- LIMA, M.; MIRANDA FILHO, J. B.; FURLANI, P. R. Diallel cross among inbred lines of maize differing in aluminum tolerance. **Brazilian Journal of Genetics**, v. 18, n. 4, p. 579-584, 1995.

- LOPES, M. A.; MAGNAVACA, R.; BAHIA FILHO, A. F. C.; GOMES-GAMA, E. E. Avaliação de populações de milho e seus cruzamentos para tolerância à toxidez de alumínio em solução nutritiva. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 22, n. 3, p. 257-263, Março 1987.
- LUTZ Jr., J. A.; HAWKINS, G. W.; GENTER, C. F. Differential response of corn inbred and single crosses to certain properties of an acid soil. **Agronomy Journal**, v. 63, Sept/Oct, 1971.
- MAGNAVACA, R. Genetic variability and the inheritance of aluminum tolerance in maize (*Zea mays* L). Lincon, 1982. 135p. These (PhD), University of Nebraska.
- MAGNAVACA, R.; GARDNER, C. O.; CLARK, R. B. Comparisons of maize populations for aluminum tolerance in nutrient solution. In: Gabelman, H. W.; Loughman, B. C. (Ed.) **Genetic aspects of plant mineral nutrition**. The Netherlands: Martinus Nijhoff Publ., Dordrecht, 1987a. p. 189-199.
- MAGNAVACA, R.; GARDNER, C. O.; CLARK, R. B. Inheritance of aluminum tolerance in maize. In: Gabelman, H. W.; Loughman, B. C. (Ed.) **Genetic aspects of plant mineral nutrition**. The Netherlands: Martinus Nijhoff Publ., Dordrecht, 1987b. p. 201-212.
- MAGNAVACA, R.; GARDNER, C. O.; CLARK, R. B. Evaluation of inbred lines for aluminum tolerance in nutrient solution. In: Gabelman, H. W.; Loughman, B. C. (Ed.) **Genetic aspects of plant mineral nutrition**. The Netherlands: Martinus Nijhoff Publ., Dordrecht, 1987c. p. 225-265.
- MAGNAVACA, R.; BAHIA FILHO, A.F.C. Seleção de milho para tolerância a alumínio. Simpósio Internacional Sobre Estresse Ambiental: O milho em perspectiva, Belo Horizonte, 8-13 de março. **Anais**. Belo Horizonte: EMBRAPA-CNPMS/CIMMYT/UNDP, 1995. p 399-394.

- MATHER, K.; JINKS, L. **Biometrical genetics**. New York: Cornell Univ. Press, Ithaca 1971. p. 382.
- McCONNELL, R. L.; GARDER, C. O. Inheritance of several cold tolerance traits in corn. *Crop Science*, v. 19, p. 847-852, Nov/Dec. 1979.
- MORENO-GONZALEZ, J.; DUDLEY, J. W. Epistasis in related and unrelated maize hybrids determined by three methods. **Crop Science**, v.121, p. 644-651, Sep/Oct. 1981.
- NANKAM, C.; PATAKY, J. K. Resistance to kernel infection by *Fusarium moniliforme* in the sweet corn inbred IL 25b. **Plant Disease**. v. 80, n. 5, p. 393-398, 1996.
- NASPOLINI FILHO, V.; BAHÍA FILHO, A.F.C.; VIANNA, R.T.; GAMA, E.E.G.; VASCONCELOS, C.A.; MAGNAVACA, R. Comportamento de linhagens e de híbridos simples de milho (*Zea mays* L.) em solos sob vegetação do Cerrado. **Ciencia e Cultura**, v. 33, p. 722-727, 1981.
- OLATINWO, R.; CARDWELL, K.; MENKIR, A.; DEADMAN, M.; JULIAN, A. Inheritance of resistance to *Stenocarpella macrospora* (Earle) ear rot of maize in the mid-altitude zone of Nigeria. **European Journal of Plant Pathology**. V. 105, p. 535-543, 1999.
- PANDEY, S.; GARDNER, C. O. Recurrent selections for population, variety and hybrid improvement in tropical maize. **Advances in Agronomy**, v. 48, p. 1-87, 1992.

- PANDEY, S.; CEBALLOS, H.; MAGNAVACA, R.; BAHÍA FILHO, A.F.C.; DUQUE-VARGAS, J.; VINASCO, L.E. Genetics of tolerance to soil acidity in tropical maize. **Crop Science**, v. 34, p. 1511-1514, 1994.
- PARKER, D. R.; BERTSCH, P. M. Formation of the "Al₁₃" tridecameric polycation under diverse synthesis conditions. **Environ Science Technology**. v.26, p. 914-921, 1992.
- PAVAN, M. A. Alumínio em solos ácidos do Paraná: relação entre o alumínio não troçável, troçável e solúvel, com o pH, CTC, percentagem de saturação de alumínio e matéria orgânica. **Revista Brasileira de Ciência do Solo**, v. 7, p. 39-46, Jan/Abr., 1983.
- PEREIRA, A. P.; BALMER, E.; MIRANDA FILHO, J. B. Inheritance of resistance to stalk rot caused by *Colletotrichum graminicola* (CES) Wils, in maize. (*Zea mays* L.). **Revista Brasileira de Genética**, v.12, n.1, p.53-65, 1989.
- PIMENTEL-GOMEZ, F. **Curso de Estatística Experimental**. 7.ed. Piracicaba-SP: Livraria Nobel, 1977. 430p.
- RESENDE, M.D. V. Seleção de genótipos de milho (*Zea Mays* L.) em solos contrastantes. Piracicaba, 1989. 212p. Dissertação (Mestrado) - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz " Universidade de São Paulo.
- RHUE, R. D.; GROGAN, C. O. Screening corn for Al tolerance using different Ca and Mg concentrations. **Agronomy Journal**, v. 69, p. 755-760, Sept/Oct, 1977.
- RHUE, R. D.; GROGAN, C. O.; STOCKMEYER, E. W.; EVERETT, H. L. Genetics control of aluminum tolerance in corn. **Crop Science**, v. 18, p. 1063-1067, Nov-Dec1978.

- ROY, A. K.; SHARMA, A.; TALUKDER, G. Some aspects of aluminum toxicity in plants. **The Botanical Review**, v. 54, n. 2, p. 145-178, Apr-Jun 1988.
- ROWE, K. E., ALEXANDER, W. L. Computations for estimating the genetic parameters in joint-scaling tests. **Crop Science**, v.20, p. 109-110, Jan/feb 1980.
- SALAZAR, F.; PANDEY, S.; NARRO, L.; PÉREZ, J. C.; CEBALLOS, H.; PARENTONI, S. N.; BAHIA FILHO, A. F. C. Diaallel analysis of acid soil tolerant and intolerant tropical maize populations. **Crop Science**, v. 37, p. 1457-1462, Sep-Oct 1997.
- SÁNCHEZ, P.A. Advances in management of oxisols and ultisols in tropical South America. In: Kawaguchi, K. (Ed) **Int. Seminar on soil, enviroment, end fertility management in intensive agriculture**. Tokyo: Tokyo Soc. of Soil Sci and Manure, Tokio, Japan, 1977. p: 535-566.
- SANGUINETI, M. C.; CONTI, S.; LANDI, P.; TUBEROSA, R. Absciscic acid concentration in maize leaves: genetic control and response to divergent selection in two populations . **Maydica**, v. 41, n. 3, p. 193-203, 1996.
- SAWAZAKI, E.; FURLANI, P. R. Genética da tolerância ao alumínio em milho cateto. **Bragantia**, Campinas, v. 46, n. 2, p. 269-278, 1987.
- SILVA, J. W. Seleção de milho tolerante e alumínio. In: REUNIÃO BRASILEIRA DE GENÉTICA REGIONAL DE SÃO PAULO, 13., Joboticabal, 1979. **Anais**. Joboticabal: UNESP, 1979. P.107-113.
- SOUZA JUNIOR., C. L.; ZINSLY, J. R. Relative genetic potencial of brachytic maize (*Zea Mays* L.) varieties as breeding populations. **Revista Brasileira de Genética**, v. 8, p. 523-533, 1985.

STEEL, R. G. D.; TORRIE, J. H. Principles and procedures of statistics. New York: Mc Grow-Hill, 1960. 481p.

STOCKMEYER, E. W.; EVERETT, H. L.; RHUE, D. R. Aluminum tolerance in maize seedlings as measured by primary root length in nutrient solutions. **Maize Genetic Cooperation New Letter**, v. 52, p. 15-16, mar., 1978.

THOMPSON, D. L.; HANSON, W. D.; SHAW, A. W. Ear height inheritance estimates and linkage bias among generations means of corn. *Crop Science*, v. 11, p. 328-331, may/jun. 1971.

URREA-GÓMEZ, R.; CEBALLOS, H.; PANDEY, S.; BAHÍA F., A. F. C.; LEÓN, L. A. A greenhouse Screening Technique for Acid Soil Tolerance in Maize. **Agronomy Journal**, v. 88, p. 806-812, Sept/Oct 1996.

VON UEXKULL, H. R.; MUTERT, E. Global extent development and economic impact of acid soil. **Plant and Soil**, v. 171, n. 1, p. 1-15, 1995.

WOLF, D. P.; HALLAUER, A. R. Triple testcross analysis to detect epistasis in maize. **Crop Science** , v. 37, p. 763-770, 1997.

ZEIGLER, R. S.; PANDEY, S.; MILES, J.; GOURLEY, L. M.; SARKARUNG, S. Advances in the selection and breeding of acid-tolerant plants: Rice, maize, sorghum and tropical forages. In: Date, R. A.; et al. (Ed.) **Plant Soil Interactions at Low pH**. The Netherlands: Kluwer Academic Publishers, 1995, p. 391- 406.