ESTIMATIVAS DOS EFEITOS DA SELEÇÃO
RECORRENTE INTRA E INTERPOPULACIONAL EM
LINHAGENS DE MILHO (*Zea mays* L.)

CLAUDÍO TAKEDA

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 de Doutor em
Agronomia. Área de Concentração:
Genética e Melhoramento de Plantas

PIRACICABA
Estado de São Paulo - Brasil
Janeiro - 1997

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

Takeda, Claudio

Estimativas dos efeitos da seleção recorrente intra e interpopulacional em
linhagens de milho (*Zea mays* L.) / Claudio Takeda. -- Piracicaba, 1997.
133 p.

Tese (doutorado) - Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, 1997.
- Bibliografia.

1. Linhagem 2. Melhoramento 3. Milho 4. Seleção recorrente I. Título

CDD 633.15
631.522

ESTIMATIVAS DOS EFEITOS DA SELEÇÃO
RECORRENTE INTRA E INTERPOPULACIONAL EM
LINHAGENS DE MILHO (*Zea mays* L.)

CLAUDIO TAKEDA

Aprovada em 09.05.97

Comissão julgadora:

Prof. Dr. Cláudio Lopes de Souza Júnior	ESALQ/USP
Prof. Dr. Geraldo Antonio Tosello	ESALQ/USP
Prof. Dr. Isaías Olívio Geraldi	ESALQ/USP
Prof. Dr. José Sebastião Cunha Fernandes	UFPR
Prof. Dr. Magno Antonio Patto Ramalho	UFLA

Prof. Dr. Cláudio Lopes de Souza Júnior
Orientador

AGRADECIMENTOS

- Aos professores pelos conhecimentos transmitidos.
- Em especial ao Professor Dr. Cláudio Lopes de Souza Júnior, pela orientação, disponibilidade e confiança demonstradas.
- À ESALQ, pelo ambiente e oportunidade concedida.
- Ao CNPq pela bolsa de estudos.
- Aos colegas de curso pelo convívio e amizade.
- Ao amigo Carlos Alberto Arrabal Arias pela amizade e incentivo durante todo o curso.
- Ao funcionário Antonio Juscelino Desidério, do Departamento de Genética da ESALQ/USP, pela assistência prestada na instalação, condução e tomada de dados dos experimentos.
- À funcionária da Biblioteca da Genética, Silvana Gregório, pela revisão das referências bibliográficas.
- Aos meus pais e irmãos pela força e estímulo.
- À Ângela pelo estímulo e amor.

SUMÁRIO

RESUMO	v
SUMMARY	vii
1. INTRODUÇÃO	1
2. REVISÃO DE LITERATURA	3
2.1. Componentes de variância genética e covariância entre parentes	3
2.2. Melhoramento de populações e linhagens.....	10
3. MATERIAL E MÉTODOS	21
3.1. Populações.....	21
3.2. Obtenção das progênes	22
3.3. Avaliação das progênes.....	22
3.4. Análises estatísticas	24
3.5. Estimativas das variâncias genéticas e fenotípicas.....	29
3.6. Estimativas das contribuições dos locos em heterozigose.....	30
3.7. Estimativas dos componentes da variância e covariância genética	31
3.8. Respostas esperadas com a seleção	33
3.9. Depressão por endogamia.....	35
4. RESULTADOS	37
4.1. Avaliação das progênes	37
4.2. Estimativas das médias, depressão por endogamia e da heterose	39
4.3. Estimativas das variâncias genéticas e fenotípicas.....	40
4.4. Estimativas dos componentes da variância e covariância genética	42
4.5. Estimativas dos ganhos com a seleção e alteração na depressão por endogamia.....	43

5. DISCUSSÃO	45
5.1. Avaliação dos genótipos.....	45
5.2. Avaliação das progênies	46
5.3. Estimativas das médias, depressão por endogamia e da heterose	48
5.4. Estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos.....	53
5.5. Estimativas dos componentes da variância e covariância genética	56
5.6. Estimativas dos efeitos da seleção recorrente intra e interpopulacional.....	60
6. CONCLUSÕES	66
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	68
FIGURAS.....	76
TABELAS.....	86

ESTIMATIVAS DOS EFEITOS DA SELEÇÃO RECORRENTE INTRA E INTERPOPULACIONAL EM LINHAGENS DE MILHO (*Zea mays* L.)

Autor: CLAUDIO TAKEDA.

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

RESUMO

Com o objetivo de estimar os efeitos da seleção recorrente intra e interpopulacional nas linhagens *per se* de milho, foram obtidos três tipos de progênes, S_1 , meios irmãos intra e interpopulacional, de 100 plantas da população BR-105 e de igual número da BR-106. Totalizando seis grupos de progênes que foram avaliadas em dois locais da região de Piracicaba-SP, nos anos agrícolas de 1991/92 e 1992/93. Utilizou para esta avaliação o látice simples 10 x 10, dispostos segundo um delineamento em faixas. Foram avaliados os caracteres produção de espigas despalhadas, altura de planta, altura de espiga, quociente da altura de espiga por altura de planta, comprimento de espiga, diâmetro de espigas, número de fileiras por espiga, número de sementes por fileira por espiga e o índice de espigas.

As avaliações das progênes S_1 , meios irmãos intra e interpopulacional das duas populações, permitiram a obtenção de parâmetros que estimam os efeitos da seleção recorrente nas linhagens. Os esquemas de seleção estudados são aqueles cujas unidades de seleção são baseadas em progênes S_1 , meios irmãos intra e interpopulacional.

As estimativas das variâncias aditivas intra (σ_A^2) e interpopulacional ($\sigma_{A_{12}}^2$) demonstram o potencial das populações para o melhoramento. No entanto, as estimativas da covariância genética entre os efeitos médios dos genes e os efeitos de dominância dos homozigotos (D_1), e a covariância entre os efeitos médios dos genes intrapopulacional com os efeitos de dominância dos homozigotos a nível interpopulacional (D_{12}), expõem o quanto estes componentes interferem no ganho das linhagens, obtidas de populações submetidas a seleção, fazendo com que os ganhos obtidos para as populações e repassados às linhagens sejam apenas parcial ou negativos.

Os esquemas que reduzem a base genética da população, como os baseados em progênies S_1 , somente trarão progresso às linhagens se as populações já possuírem um bom nível de melhoramento. Caso contrário a sua utilização implicará numa redução drástica na média das mesmas, como ocorreu com a produção de espigas despalhadas de BR-105.

Os esquemas de seleção recorrente interpopulacional, apesar de proporcionarem menores ganhos às populações, em relação a seleção recorrente intrapopulacional, foram mais efetivos em repassar os ganhos às linhagens. Devendo, portanto, possibilitar a obtenção de linhagens mais vigorosas e com boa capacidade de combinação, que resultará em elevada heterose do híbrido produzido.

ESTIMATES OF THE EFFECTS OF INTRA AND INTERPOPULATION RECURRENT SELECTION IN MAIZE (*Zea mays* L.) INBRED LINES

Author: CLAUDIO TAKEDA.

Adviser: Prof. Dr. CLÁUDIO LOPES DE SOUZA JÚNIOR.

SUMMARY

The objective of this research was to evaluate the effects of intra and interpopulations selection in maize inbred lines. Three different types of progeny, S_1 , intra, and interpopulation half-sibs were obtained from 100 genotypes from populations BR-105 and BR-106. A total of six progeny groups were evaluated at two sites near Piracicaba, São Paulo, Brazil, in the growing seasons of 1991/92 and 1992/93. The progenies were evaluated in 10 x 10 lattices arranged in split-blocks with two replications. The following characteristics were evaluated: ear weight; plant and ear height; the ratio of ear height/plant height; ear length and diameter; number of rows of kernels per ear; number of kernels per row per ear; and number of ears per plant.

The evaluation of the progeny produced parameters that allow the study of the effect of recurrent selection in inbreds. The selection methods evaluated were based upon S_1 , intra, and interpopulation progenies.

The estimates of additive intra (σ_A^2) and inter-populations genetic variance ($\sigma_{A_{12}}^2$) demonstrate the potential of these populations to

be used in crop improvement programs. However, the analysis of the genetic covariance between the average effects of genes and the dominance effects of homozygous (D_1), and the covariance between the average effects of intrapopulation genes and the effects of homozygous dominance at an interpopulation level (D_{12}) showed that these genetic factors interfere with the improvement of the lines. This indicates that the gain in the mean of the studied characteristics in a population are transmitted to inbred lines either partially or negatively.

The procedures capable reducing the genetic base of a population, such as those based on S_1 progeny, will only provide positive results to the subsequent lines if the initial population already has a good level of genetic improvement. Otherwise, the use of these procedures will result in a drastic reduction in the mean of the population. This negative effect was observed in the ear weight obtained from the S_1 progeny of BR-105.

While interpopulation selections are less efficient in improving population when compared to intrapopulation, the transmission of these gains to inbred lines are more effective. Therefore, interpopulation selection should yield inbred lines with high vigor and with high crossing capacity, which should result in hybrids with greater heterosis.

1. INTRODUÇÃO

O principal objetivo dos programas de melhoramento de diversas espécies alógamas é a obtenção de híbridos via endogamia-hibridação. Esta metodologia foi descrita no início do século, mas somente após o advento do híbrido duplo, obtido mediante o cruzamento entre dois híbridos simples, é que a produção comercial tornou-se possível.

Após 1940, os novos híbridos obtidos não eram muito superiores aos já existentes. Apesar da existência de variabilidade genética aditiva suficiente para se obter progressos com a seleção. Foi então que se reconheceu, que para a obtenção de híbridos superiores aos já existentes era preciso melhorar as populações. Portanto, aumentando-se a frequência de alelos favoráveis nas populações, conseqüentemente as linhagens originadas destas teriam maiores frequências de alelos favoráveis em relação àquelas originadas de populações não melhoradas (COMSTOCK, 1964).

A partir desta época, então, visando aumentar a frequência de alelos favoráveis nas populações e, com isto possibilitar a obtenção de híbridos mais produtivos, grande ênfase foi dada aos processos de seleção recorrente, e várias metodologias foram sugeridas.

Após COMSTOCK et al. (1949) sugerirem a seleção recorrente recíproca, onde a seleção de uma população é baseada na

capacidade de combinação com outra e vice-versa, é que se iniciou o melhoramento a nível interpopulacional.

O objetivo principal dos programas de melhoramento de milho é a obtenção de populações melhoradas, que possibilitem a obtenção de linhagens superiores para sintetizar os híbridos. Para ser comercialmente útil uma linhagem deve ter uma boa capacidade de combinação e também uma boa performance "per se". Esta última característica é de fundamental importância quando se deseja obter híbridos simples ao invés de duplos ou triplos (SOUZA JÚNIOR, 1988).

Apesar de existirem vários relatos na literatura das estimativas dos ganhos com os diferentes esquemas de seleção, tanto a nível intra como a nível interpopulacional, não tem sido estimado o efeito destes nas linhagens oriundas das populações a elas submetidas.

Em função das considerações anteriores, os objetivos do deste trabalho foram:

- Estimar o progresso genético em linhagens, quando a seleção é feita nas populações de onde estas se originaram, a nível intra e interpopulacional.
- Estimar a depressão por endogamia por ciclo de seleção, a nível intra e interpopulacional.

2. REVISÃO DE LITERATURA

Os métodos de seleção recorrente tem como objetivo a obtenção de genótipos superiores *per se* (seleção intrapopulacional) e/ou a obtenção de combinações híbridas (seleção interpopulacional). Com a extensa gama de metodologias de esquemas de seleção, surgiu a necessidade de se poder quantificar as vantagens que cada método oferece e, deste modo poder fazer comparações sobre os mesmos, tornando possível determinar a metodologia mais correta a ser seguida, conseguindo assim um melhor retorno do investimento empregado. A genética quantitativa é de grande valia, já que ela permite estimar previamente os efeitos que a seleção ocasiona nas populações, como por exemplo o ganho com a seleção, a depressão por endogamia, a heterose, etc.

2.1. Componentes de variância genética e covariância entre parentes

FISHER (1918) foi o primeiro autor a decompor a variância genética de uma população panmítica em três componentes: variância genética aditiva, que é devida aos efeitos médios dos genes; variância genética dominante, devida aos efeitos das interações entre os alelos de um mesmo loco; e variância genética epistática, associada aos efeitos das interações entre alelos de diferentes locos. Foi demonstrado

por este autor que estes componentes podem ser obtidos através da covariância entre parentes com diferentes graus de parentesco.

Posteriormente, uma série de trabalhos ampliaram os estudos de Fischer, incluindo os efeitos de endogamia (WRIGHT, 1921), epistasia (COCKERHAM, 1954; KEMPTHORNE, 1955a; 1955b e 1957), ligação (COCKERHAM, 1956 e SCHNELL, 1963). Uma teoria geral para a covariância entre parentes e para a partição da variância genética da população em qualquer nível de endogamia foi apresentada por HARRIS (1964).

Considerando um esquema de autofecundações sucessivas em um modelo aditivo dominante COCKERHAM (1983) apresentou expressões que permite a partição da variância genética e covariância entre parentes para qualquer número de alelos, bem como qualquer frequência alélica. Para a situação envolvendo apenas dois alelos com frequência igual a 0,5 já haviam sido desenvolvidas por HORNER & WEBER (1956), KEMPTHORNE (1957) e COCKERHAM (1963). Uma série de trabalhos posteriores incrementaram o trabalho de COCKERHAM (1983), como o de WRIGHT (1987) que incluiu os efeitos epistáticos; COCKERHAM & WEIR (1984) para as espécies com sistemas mistos de reprodução.

A decomposição da variância e covariância genética em populações com qualquer nível de endogamia foi apresentada por SOUZA JÚNIOR (1989), com exemplos de aplicação no melhoramento.

Desconsiderando os efeitos epistáticos, utilizando a notação de SOUZA JÚNIOR (1989), para um loco k qualquer, o modelo utilizado para determinar o valor genotípico de um indivíduo é:

$$G_{ij}^k = \mu^k + \alpha_i^k + \alpha_j^k + \delta_{ij}^k, \text{ onde:}$$

G_{ij}^k : valor genotípico de um indivíduo formado pelos alelos i e j do loco k ;

μ^k : média do loco k ;

α_i^k e α_j^k : são os efeitos aditivos dos alelos i e j , respectivamente, do loco k ;

δ_{ij}^k : é o efeito da interação entre os alelos i e j do loco k .

Considerando p_i^k e p_j^k as frequências dos alelos i e j , respectivamente, do loco k , os seguintes parâmetros de variância genética são definidos:

$\sigma_A^{2k} = 2 \sum_i p_i^k (\alpha_i^k)^2$, que é a variância genética aditiva associada aos efeitos médios dos genes;

$\sigma_D^{2k} = 2 \sum_{\substack{i,j \\ i \neq j}} p_i^k p_j^k (\delta_{ij}^k)^2$, que é a variância genética dominante associada aos efeitos

das interações intra-alélicas

$D_1^k = \sum_i p_i^k \alpha_i^k \delta_{ii}^k$, que é a covariância entre os efeitos médios dos alelos e os efeitos de dominância dos homozigotos.

$D_2^k = \sum_i p_i^k (\delta_{ii}^k)^2 - (\sum_i p_i^k \delta_{ii}^k)^2$, que é a variância dos efeitos de dominância dos homozigotos e

$H^k = (\sum_i p_i^k \delta_{ii}^k)^2$, que é a depressão por endogamia ao quadrado.

Então, para uma população em equilíbrio de Hardy-Weinberg e de ligação, e desconsiderando os efeitos epistáticos, a variância genética para qualquer geração de endogamia é:

$$\sigma_G^{2^k} = (1+F)\sigma_A^{2^k} + (1-F)\sigma_D^{2^k} + 4FD_1^k + FD_2^k + F(1-F)\tilde{H}^k$$

sendo F o coeficiente de endogamia da população.

Generalizando para qualquer número de locos, temos:

$$\begin{aligned} \sigma_G^2 &= \sum_k \sigma_G^{2^K}; & \sigma_A^2 &= \sum_k \sigma_A^{2^K}; & \sigma_D^2 &= \sum_k \sigma_D^{2^K} \\ D_1 &= \sum_k D_1^K; & D_2 &= \sum_k D_2^K; & \tilde{H} &= \sum_k \tilde{H}^K \end{aligned}$$

E a expressão da variância genética na presença de endogamia torna-se:

$$\sigma_G^2 = (1+F)\sigma_A^2 + (1-F)\sigma_D^2 + 4FD_1 + FD_2 + F(1-F)\tilde{H},$$

(HARRIS, 1964 e COCKERHAM, 1983).

Observa-se que para $F = 0$ e $F = 1$, as variâncias genéticas tornam-se $\sigma_G^2 = \sigma_A^2 + \sigma_D^2$ e $\sigma_G^2 = 2\sigma_A^2 + 4D_1 + D_2$, respectivamente.

A expressão da Covariância entre parentes (x, y) é:

$$\text{Cov}(x, y) = 2r_{xy}\sigma_A^2 + \mu_{xy}\sigma_D^2 + 2(s_{xy} + s_{yx})D_1 + t_{xy}D_2 + (v_{xy} - F_x F_y)\tilde{H}$$

onde:

$$r_{xy} = \left(\frac{1}{4}\right) \left[P(x_i = y_i) + P(x_j = y_j) + P(x_i = y_j) + P(x_j = y_i) \right], \text{ (MALÉCOT, 1948);}$$

$$\mu_{xy} = \left[P(x_i = y_i; x_j = y_j) + P(x_i = y_j; x_j = y_i) \right], \text{ (KEMPTHORNE, 1957)}$$

$$s_{xy} = \left(\frac{1}{2}\right) \left[P(x_i = x_j = y_i) + P(x_i = x_j = y_j) \right], \text{ (HARRIS, 1964)}$$

$$s_{yx} = \left(\frac{1}{2}\right) \left[P(y_i = y_j = x_i) + P(y_i = y_j = x_j) \right], \text{ (HARRIS, 1964)}$$

$$t_{xy} = P(x_i = x_j = y_i = y_j), \text{ (HARRIS, 1964)}$$

$$v_{xy} = P(x_i = x_j \neq y_i = y_j), \text{ (HARRIS, 1964)}$$

F_x e F_y são os coeficientes de endogamia dos indivíduos x e y respectivamente.

Observa-se que quando $F_x = F_y = 0$, então:

$$\text{Cov}(x, y) = 2r_{xy}\sigma_A^2 + \mu_{xy}\sigma_D^2$$

COCKERHAM (1963 e 1983), mostrou que em um esquema de autofecundações sucessivas a covariância entre parentes pode ser expressa por:

$$\begin{aligned} \text{COV}(x, y) = C_{tgg'} = (1 + F_t)\sigma_A^2 + \left[\frac{(1 + F_g)(1 - F_{g'})}{(1 - F_t)} \right] \sigma_D^2 + (F_g + F_{g'} + 2F_g)D_1 + \\ + \left[F_t + \frac{(F_g - F_t)(F_{g'} - F_t)}{2(1 - F_t)} \right] D_2 + \left[\frac{F_t(1 - F_g)(1 - F_{g'})}{2(1 - F_t)} \right] \frac{V}{H} \end{aligned}$$

onde:

$C_{tgg'}$: corresponde à covariância entre os indivíduos nas gerações g e g' com o último ancestral comum na geração t .

Se $F_t = F_g = F_{g'} = 0$, então: $\text{Cov}(x, y) = \sigma_A^2 + \sigma_D^2$

Para $F_t = F_g = F_{g'} = 1$, $\text{Cov}(x, y) = 2\sigma_A^2 + 4D_1 + D_2$

O estudo que decompõe a variância genética e caracteriza a covariância entre parentes a nível interpopulacional foi introduzido por STUBER & COCKERHAM (1966), já que o objetivo da seleção recorrente recíproca, proposto por COMSTOCK et al. (1949), é a geração F_1 do cruzamento entre duas populações (híbrido interpopulacional) e não a população *per se*. Utilizando um modelo com dois alelos por loco e definindo os efeitos dos genes de acordo com as propriedades genéticas das populações de origem, STUBER & COCKERHAM (1966) mostraram que a variância genética do híbrido interpopulacional é:

$$\sigma_{G(12)}^2 = \sigma_{A_1}^2 + \sigma_{A_2}^2 + \sigma_D^2 + \sigma_{A_1A_1}^2 + \sigma_{A_2A_2}^2 + \sigma_{A_1A_2}^2 + \sigma_{A_1D}^2 + \sigma_{A_2D}^2 + \sigma_{DD}^2 + \dots$$

e a covariância genética entre parentes (x, y) é:

$$\text{Cov}(x, y) = a_1\sigma_{A_1}^2 + a_2\sigma_{A_2}^2 + a_1a_2\sigma_D^2 + a_1\sigma_{A_1A_1}^2 + a_2\sigma_{A_2A_2}^2 + a_1a_2\sigma_{A_1A_2}^2 + \dots,$$

onde a_1 e a_2 é a probabilidade dos alelos da população 1 e 2, respectivamente, serem idênticos por descendência. Desta forma, os autores definiram $a_1 = (1 + F_1) / 2$ e $a_2 = 0$ para o caso de meios irmãos interpopulacionais relacionados pela população 1, e $a_1 = (1 + F_1) / 2$ e $a_2 = (1 + F_2) / 2$ para irmãos germanos interpopulacionais.

Alguns autores como OBILANA et al. (1979) e HALLAUER & MIRANDA FILHO (1988) desconsideraram os efeitos epistáticos e apresentaram a decomposição da variância genética interpopulacional da seguinte forma:

$$\sigma_{G(12)}^2 = (1/2)(\sigma_{A_{12}}^2 + \sigma_{A_{21}}^2) + \sigma_{D(12)}^2 \text{ ou}$$

$$\sigma_{G(12)}^2 = \sigma_{A(12)}^2 + \sigma_{D(12)}^2, \text{ onde } \sigma_{A(12)}^2 = (1/2)(\sigma_{A_{12}}^2 + \sigma_{A_{21}}^2)$$

Para a obtenção da Covariância entre parentes a nível interpopulacional considera-se dois indivíduos, $x_{ij(12)}$ e $y_{ij(12)}$ do híbrido interpopulacional. Então, tem-se os seguintes modelos para $x_{ij(12)}$ e $y_{ij(12)}$:

$$x_{ij(12)} = \mu_{12} + \alpha_{i_{12x}} + \alpha_{j_{21x}} + \delta_{ij(12)x},$$

$$y_{ij(12)} = \mu_{12} + \alpha_{i_{12y}} + \alpha_{j_{21y}} + \delta_{ij(12)y}.$$

A covariância genética entre x e y será (SOUZA JÚNIOR, 1988):

$$\text{Cov}(x_{ij(12)}, y_{ij(12)}) = a_1\sigma_{A_{12}}^2 + a_2\sigma_{A_{21}}^2 + d\sigma_{D(12)}^2$$

Onde:

$a_1 = (1/2)P(x_i^1 = y_i^1)$, sendo que $P(x_i^1 = y_i^1)$ é a probabilidade de um alelo tomado ao acaso em x seja idêntico por descendência a um alelo tomado ao acaso em y , oriundo da população 1;

$a_2 = (1/2)P(x_j^2 = y_j^2)$, $P(x_j^2 = y_j^2)$ é a probabilidade de um alelo tomado ao acaso em y seja idêntico por descendência a um alelo tomado ao acaso em x , oriundo da população 2;

$d = P(x_i^1 = y_i^1; x_j^2 = y_j^2)$, é a probabilidade de os dois alelos de x , um oriundo da população 1 e o outro oriundo da população 2 serem idênticos por descendência aos dois alelos de y , ou seja é a probabilidade de x e y possuírem genótipos idênticos por descendência.

Posteriormente, foi caracterizada a covariância entre os indivíduos da interpopulação com os da população que os originaram, o que permitiu estimar os efeitos da seleção interpopulacional nas populações *per se*. Desta forma MIRANDA FILHO (1982) definiu os termos $\sigma_{A_1A_2}$ e $\sigma_{A_2A_1}$ como a covariância entre os efeitos aditivos do indivíduo interpopulacional e os efeitos aditivos no indivíduo da população 1 e da população 2, respectivamente.

Posteriormente, FERNANDES (1990) apresentou uma expressão geral para estimar a covariância genética entre indivíduos da interpopulação e os indivíduos que a originaram, que são as seguintes:

$$\text{Cov}(x, y_1) = a_1\sigma_{A_1A_2} + s_{y_1x}D_{112}, \text{ e } \text{Cov}(x, y_2) = a_2\sigma_{A_2A_1} + s_{y_2x}D_{121},$$

para o indivíduo interpopulacional 1x2 e o indivíduo intrapopulacional da população 1 e 2, respectivamente, onde:

$$a_1 = \left(\frac{1}{2}\right)[P(x_i^1 = y_i^1) + P(x_i^1 = y_j^1)] \text{ e } a_2 = \left(\frac{1}{2}\right)[P(x_i^2 = y_i^2) + P(x_i^2 = y_j^2)] \text{ são as } \\ \text{probabilidades de um alelo tomado ao acaso no indivíduo interpopulacional 1x2}$$

ser idêntico por descendência ao alelo tomado ao acaso no indivíduo intrapopulacional da população 1 e 2, respectivamente;

$s_{y_1x} = \left[P(x_i^1 = y_i^1 = y_j^1) \right]$ e $s_{y_2x} = \left[P(x_i^2 = y_i^2 = y_j^2) \right]$ são as probabilidades de os dois alelos no indivíduo intrapopulacional da população 1 e 2, respectivamente; serem idênticos por descendência ao alelo tomado ao acaso no indivíduo interpopulacional **1x2**;

$\sigma_{A_1A_2}$ e $\sigma_{A_2A_1}$ são as covariâncias entre os efeitos aditivos do indivíduo interpopulacional **1x2** e os efeitos aditivos no indivíduo da população 1 e da população 2, respectivamente.

D_{121} e D_{112} são as covariâncias entre os efeitos aditivos no indivíduo interpopulacional **1x2** e os efeitos de dominância dos homozigotos nos indivíduos da população 1 e 2, respectivamente.

2.2. Melhoramento de populações e linhagens

A descrição dos métodos utilizados para obtenção de híbridos via endogamia-hibridação foi descrita por SHULL (1908, 1909). A variabilidade dentro de uma população de milho nada mais é do que um arranjo de genótipos heterogêneos, os quais sob endogamia podem ser reduzidos a uma série de linhas puras (SHULL, 1908). A perda do vigor causada pela endogamia é restaurada através de cruzamentos simples entre as linhagens (SHULL, 1909). Baseado nestes estudos foi sugerido a autofecundação das plantas de uma população heterogênea para a obtenção das linhas puras, sendo então efetuado o cruzamento entre as linhas puras e, posteriormente a avaliação dos cruzamentos para determinar a combinação mais produtiva (SHULL, 1909).

Devido a forte depressão causada pela endogamia, a fraca produção das linhagens dificultava a obtenção de sementes híbridas, provocando o questionamento se a metodologia da endogamia-hibridação era adequada para a produção de sementes, a um custo aceitável, para os produtores.

A sugestão dos híbridos duplos, obtidos mediante o cruzamento entre dois híbridos simples (JONES, 1918), tornou comercialmente possível a utilização da metodologia, já que reduzia em parte o custo da produção, pelo maior volume de sementes híbridas produzidas. Após esta época, os trabalhos de melhoramento de milho se voltaram basicamente para a extração de linhagens e obtenção de híbridos duplos.

Após esta época grande ênfase foi dada a esta metodologia e os trabalhos se voltaram basicamente a extração de linhagens e produção de híbridos. Diversas técnicas para a obtenção e melhoramento de linhagens foram sugeridas, as quais estão descritas por MIRANDA FILHO & VIEGAS (1987) e HALLAUER & MIRANDA FILHO (1988).

O valor de uma linhagem depende de sua capacidade de produzir híbridos superiores em combinação com outras linhagens. Então, uma das dificuldades que ocorre é como avaliar as linhagens em combinações híbridas, já que com n linhagens são possíveis de serem obtidos $n(n-1)/2$ híbridos simples. A utilização de uma variedade, com a qual as linhagens fossem cruzadas e avaliadas, em função de seu desempenho em cruzamento foi sugerida por Davis em 1927 (ALLARD, 1971). Esta metodologia tornou possível eliminar linhagens inadequadas, sem o risco de perder materiais de valor (JENKINS & BRUNSON, 1932).

Com n linhagens são possíveis de serem obtidos $n(n-1)(n-2)(n-3)/8$ híbridos duplos, o que torna quase impossível a tarefa

dos melhoristas de avaliar todas estas combinações. A metodologia em que a média do híbrido duplo é baseada na média dos quatro híbridos simples não parentais (JENKINS, 1934), se mostrou capaz de prever com certa confiabilidade a produção do híbrido duplo.

O teste precoce, onde a avaliação da capacidade de combinação das linhagens ocorre no início do processo de endogamia, tem por finalidade reduzir o número de materiais a serem testados no final do programa (JENKINS, 1934 e SPRAGUE, 1946). Resultados experimentais permitiram concluir que a capacidade de combinação das linhagens é determinada no início do processo de autofecundação (SPRAGUE, 1946 e 1952), desta forma a utilização do teste precoce permite a concentração de trabalho somente em linhagens previamente selecionadas.

A etapa para a realização do testecross é variável entre os melhoristas (HALLAUER, 1990), sendo que 18% dos melhoristas a realizam em linhagens S_1 , 33% em S_2 , 27% em S_3 e 22% realizam após esta geração (BAUMAN, 1981).

BERNARDO (1991) demonstrou que a correlação do testecross de linhagens S_1 com o de linhagens S_∞ já é de valor considerável (0,71), não alterando substancialmente após S_3 . Estas observações coincidem com as de JENKINS (1935), de que a capacidade de combinação das linhagens é estabelecida em gerações iniciais de endogamia, sendo estável em gerações posteriores. O autor concluiu também que a efetividade do teste precoce é limitada principalmente pelos efeitos não genéticos, já que para baixa herdabilidade as correlações entre os testecrosses são reduzidas drasticamente.

A obtenção de híbridos superiores aos já existentes, se deve ao processo contínuo de extração de linhagens das populações,

também superiores às já existentes. Portanto, a probabilidade de extrair linhagens superiores de populações é extremamente baixa, quando estas não passam por algum processo que aumente a frequência de alelos favoráveis (COMSTOCK, 1964). Então grande ênfase foi dada ao melhoramento de populações, já que estimativas de variâncias relatadas por ROBINSON et al. (1955) mostravam que as populações possuíam variabilidade genética suficiente para progressos, mesmo com esquemas simples de seleção. Sendo então sugeridos vários esquemas de seleção, tanto a nível intra como a nível interpopulacional.

Os sistemas de seleção recorrente tem mostrado ser eficiente no melhoramento do milho (SPRAGUE & EBERHART, 1977 e GARDNER, 1978) A escolha de qual sistema e quais populações serão usadas depende dos objetivos como por exemplo a obtenção de variedades ou de híbridos.

Os vários esquemas de seleção recorrente tanto a nível intra bem como a nível interpopulacional diferem basicamente nos tipos de progênies avaliadas (unidade de seleção) e nos tipos de progênies recombinadas (unidade de recombinação).

O conceito de capacidade geral de combinação (CGC) e capacidade específica de combinação (CEC), tornou-se usual para caracterizar linhagens endógamas em cruzamentos e, freqüentemente, são incluídas nas descrições das linhagens. A caracterização da variância genética e o tipo de ação gênica operando nos cruzamentos das linhagens, também são freqüentemente interpretadas com relação a CGC e CEC.

Os esquemas de seleção recorrente foram considerados no contexto da CGC e CEC e do tipo de ação gênica contribuindo para a expressão da heterose nos cruzamentos (HALLAUER & MIRANDA FILHO, 1988). Se os efeitos aditivos com parcial ou total dominância são

importantes os métodos de seleção que enfatizam a CGC devem ser utilizados (JENKINS, 1940). Por outro lado, se a sobredominância é de principal importância os métodos de seleção recorrente que enfatizam a CEC devem ser apropriados (HULL, 1945)

Devido a divergência entre os melhoristas dos fatores envolvidos na heterose, diversos esquemas foram sugeridos com o objetivo de explorar diferentes tipos de ação gênica. Assim, JENKINS, (1940) sugeriu um esquema de seleção recorrente, que explora os efeitos aditivos dos genes, onde a avaliação da capacidade geral de combinação é realizada com o uso de um testador de base genética ampla.

O termo seleção recorrente foi introduzido por HULL (1945), quando sugeriu a utilização de um testador de base genética restrita, admitindo que os genes de ação sobredominante são os grandes responsáveis pelo vigor híbrido, assim o método oferece a possibilidade de se concentrar numa população heterogênea, genes que dão a máxima heterose em relação a um testador particular. Tese esta rebatida por estudos posteriores, que esclareceram que as evidências anteriores de sobredominância em populações F_2 foram devidos a genes em fase de repulsão (GARDNER, 1963). Os genes dominantes ou parcialmente dominantes, são os mais importantes para a heterose, e os efeitos epistáticos podem ser importantes na expressão da heterose em híbridos simples de linhagens endógamas, ou seja é restrito a combinação de duas linhagens (HALLAUER & MIRANDA FILHO, 1988)

Baseado em fundamentos teóricos COMSTOCK (1964) concluiu que na ausência de sobredominância na população, testar S_1 fornece um progresso mais rápido do que testar meios irmãos. Havendo evidências que mostram que a seleção baseada em meios irmãos é menos efetiva para aumentar a produção do que S_1 (BURTON et al., 1971;

GENTER, 1971 e CARANGALL et al., 1971). É esperado que o desempenho de S_1 reflita, principalmente, os efeitos aditivos enquanto que o desempenho de meios irmãos pode refletir alguns efeitos não aditivos bem como de dominância ou a relação epistática entre o parente avaliado e o testador (DUCLOS & CRANE, 1968 e LONQUIST & LINDSEY, 1964).

Como num programa de melhoramento visando a obtenção de híbridos um dos fatos que mais interessa é a resposta heterótica do cruzamento entre duas populações, foi então sugerida por COMSTOCK et al. (1949) a seleção recorrente recíproca, onde duas populações básicas são usadas e, em cada ciclo os genótipos de cada população que apresentam maior vigor, em cruzamento com outra população, são recombinados entre si, dando origem a nova população. Como consequência, são selecionados de cada população os genótipos que apresentam a melhor capacidade de combinação com a outra população. Este método utiliza os vários tipos de ação gênica, tais como a aditiva, a dominância parcial ou completa e a sobredominância.

Devido as implicações práticas do método original proposto por COMSTOCK et al. (1949), outras sugestões foram feitas, como a utilização de meios irmãos (PATERNIANI & VENCOVSKY, 1977), meios irmãos obtidos de plantas prolíficas (PATERNIANI & VENCOVSKY, 1978), irmãos germanos (HALLAUER & EBERHART, 1970), meios irmãos obtidos alternadamente de plantas não endógamas (S_0) e endógamas (S_1) (SOUZA JÚNIOR, 1987).

Os métodos de seleção existentes, apresentam vantagens e desvantagens. Como por exemplo, a seleção recorrente recíproca utilizando progênes de irmãos germanos (HALLAUER & EBERHART, 1970) é baseada em pares de plantas e não em plantas simples, tornando necessário muitas anotações, e a perda de uma espiga autofecundada causa

a perda do par de cruzamento, diminuindo a quantidade de material avaliado. O uso de testecross de meios irmãos usados na avaliação e de meios irmãos para recombinação (PATERNIANI & VENCOVSKY, 1977), faz com que os ganhos com a seleção sejam muito baixo, além de ser um processo complexo, já que exige o plantio de progênies de meios irmãos intrapopulacional e o despendoamento. O uso de plantas prolíficas para a obtenção de meios irmãos (PATERNIANI & VENCOVSKY, 1978), é um processo relativamente fácil, pois as progênies podem ser obtidas de forma simples e existe a possibilidade de completar um ciclo por ano, contudo o ganho é baixo, já que aqui também são utilizadas as progênies de meios irmãos na recombinação. Contudo, esquemas que utilizam meios irmãos como unidade de recombinação possuem a vantagem de manterem maior o tamanho efetivo das populações, quando comparados a outros esquemas, na mesma intensidade de seleção (HALLAUER & MIRANDA FILHO, 1988).

Os métodos de seleção recorrente intra e interpopulacional não tem conseguido melhorar a taxas razoáveis os híbridos interpopulacionais e as populações *per se* simultaneamente (SOUZA JÚNIOR, 1993). Um esquema de seleção onde a população menos produtiva é utilizada como testadora dela mesma (meios irmãos) e da outra população (testecross), foi sugerido por SOUZA JÚNIOR (1993). Através de estudos teóricos, o autor verificou que este esquema é mais eficiente em aumentar a heterose que a seleção intrapopulacional, e menos que a interpopulacional. Apresentando maior eficiência que os dois tipos de seleção para o melhoramento do híbrido interpopulacional. Para população menos produtiva, a eficiência é maior do que a seleção interpopulacional e igualmente eficiente quanto a seleção intrapopulacional.

A seleção baseada no desempenho de meios irmãos atua principalmente para alelos desejáveis de efeitos aditivos e dominantes, mas não seleciona efetivamente contra alelos deletérios, visto que eles podem ser mascarados pelo testador. Já a seleção baseada no desempenho de S_1 é efetiva para a seleção de alelos de efeitos aditivos e fornece a oportunidade de selecionar contra alelos recessivos que em homozigose se expressam. Portanto, se a seleção é efetiva contra os alelos deletérios e igualmente a alelos favoráveis, então a produtividade de populações avançadas pode ser aumentada por esquemas que utilizam progênes S_1 .

Os processos de seleção recorrente recíproca que utilizam progênes endógamas (S_1) devem ser considerados por permitirem uma boa integração com os programas de linhagens e híbridos (SOUZA JÚNIOR, 1987). A avaliação das progênes interpopulacionais são utilizadas simultaneamente para o processo de seleção recorrente, e como teste precoce para avaliação da capacidade de combinação das linhagens. Nas progênes selecionadas, uma parte das sementes S_1 , das duas populações, é utilizada para a recombinação e a outra para o programa de obtenção de linhagens. A recombinação de progênes S_1 , permite também uma seleção intensa, nessa fase, contra os alelos deletérios, diminuindo as cargas genéticas das populações com o decorrer das gerações de melhoramento, facilitando o processo de extração de linhagens (SOUZA JÚNIOR, 1987).

O híbrido simples de linhagens homozigotas representa um único genótipo do híbrido interpopulacional, isto permite fixar o melhor genótipo do híbrido interpopulacional. Este tipo de híbrido aumenta ainda mais a necessidade de obter linhagens mais vigorosas e produtivas, para a obtenção de sementes híbridas (SOUZA JÚNIOR, 1988). A depressão por endogamia pode ser observada nas gerações iniciais de endogamia (S_1 e

S_2), permitindo com isso a eliminação de materiais fracos antes da fase dos testecrosses (HALLAUER, 1990).

Esquemas de seleção recorrente intrapopulacional tem demonstrado aumento no desempenho *per se* das linhagens oriundas das populações submetidas a ciclos de seleção. Isto tem sido verificado em esquemas de seleção massal (HARRIS et al., 1972), seleção recorrente com avaliação de meios irmãos e S_1 (GENTER, 1971)

Linhagens de populações de ciclos avançados de seleção recorrente tem demonstrado desempenho superior em combinações híbridas, quando comparadas com linhagens oriundas de populações originais (HARRIS et al., 1972 e RUSSEL, 1985)

A endogamia também tem demonstrado ser menos drásticas em linhagens obtidas de populações de avançados ciclos de seleção. Como exemplo GENTER (1971) relatou que a seleção recorrente com avaliação de progênes de Meios Irmãos e S_1 , com recombinação de S_1 , proporcionaram menor depressão por endogamia nas linhagens S_1 originárias das populações submetidas à seleção dos que nas linhagens S_1 oriundas das populações originais (C_0), o ganho de produção nas linhagens S_1 após 7 ciclos de seleção recorrente baseado em famílias de Meios Irmãos foi de 9,3% quando comparado com as linhagens S_1 do ciclo 0 (zero) e de 27,2% após 4 ciclos de seleção quando a seleção foi baseada no desempenho de S_1 .

Estudos envolvendo a seleção recorrente interpopulacional também tem relatado aumento de produção por ciclo de seleção em linhagens S_1 de populações submetidas a seleção, diminuição da depressão por endogamia, um aumento da heterose com os ciclos de seleção e um

ganho na produção do híbrido bem como nas populações (EYHERABIDE & HALLAUER, 1991).

Um delineamento genético-estatístico e expressões que permitem estimar o progresso em linhagens S_1 ou S_6 via seleção recorrente, foi apresentado por SOUZA JÚNIOR (1985). As estimativas obtidas por este autor, indicam que o progresso obtido nas populações via seleção recorrente são quase que integralmente transmitidos às linhagens, e a depressão por endogamia tende a diminuir com os aumentos das frequências dos alelos favoráveis na população via seleção recorrente.

Expressões que permitem estimar os progressos em linhagens, oriundas de populações sob seleção tanto a nível intra- como interpoblacional, bem como a alteração da depressão por endogamia, foram apresentadas por FERNANDES (1990), para diversos esquemas de seleção.

Através de simulações, FERNANDES (1990) verificou que o progresso esperado nas linhagens depende da frequência de alelos favoráveis (p) na população, sendo menor que nas populações para $p \cong 0,3$, praticamente igual para $p \cong 0,5$, e maior para $p \cong 0,7$. Conseqüentemente, a depressão por endogamia aumenta para $p \cong 0,3$, quase não altera para $p \cong 0,5$ e diminui para $p \cong 0,7$. Para as seleções interpoblacionais o progresso depende da frequência de alelos das duas populações, sendo que o progresso nas linhagens é igual ao progresso nas respectivas populações quando a frequência de alelos favoráveis das duas populações são iguais a $0,5$, e a população com maior frequência de alelos favoráveis ($p > 0,5$) apresenta maior progresso nas linhagens em detrimento às linhagens oriundas da outra população cuja frequência é menor ($p < 0,5$).

Quando a depressão por endogamia for fator limitante à produção de híbridos de linhagens homozigotas, outros tipos de híbridos podem ser utilizados, como os híbridos de linhagens com endogamia parcial (SPRAGUE & MILLER, 1952), híbridos de linhagens modificadas (SOUZA JÚNIOR, 1988) e híbridos de progênes de meios irmãos (MOTA, 1984 e VASAL, 1986) e de irmãos germanos (CORDOVA, 1986). Os híbridos de linhagens modificadas devem ser preferidos aos híbridos de linhagem com endogamia parcial, já que permitem associar o maior vigor das linhagens modificadas com o maior progresso com a seleção, e os híbridos de progênes somente devem ser considerados quando a depressão por endogamia for demasiadamente acentuada (SOUZA JÚNIOR, 1988).

3. MATERIAL E MÉTODOS

3.1. Populações

As populações utilizadas para a obtenção das progênies S_1 , Meios Irmãos intra e interpopulacional foram BR-105 e BR-106. Estas populações apresentam elevada capacidade geral de combinação (NASPOLINI FILHO et al., 1981) e, o híbrido intervarietal é muito produtivo, possuindo heterose elevada tanto em relação a média dos pais quanto em relação ao pai superior e, as populações *per se* são muito produtivas.

A população BR-105 foi denominada inicialmente de Suwan DMR, tendo sido derivada na Tailândia a partir de seleção entre progênies S_1 . Este material foi introduzido no Brasil em 1976, pela EMBRAPA, e já foi submetida a cinco ciclos de seleção com progênies de irmãos germanos. Apresenta porte baixo, ciclo precoce, grãos duros de coloração alaranjada e baixa depressão por endogamia (SOUZA JÚNIOR et al., 1993).

A população BR-106 foi obtido pelo intercruzamento do composto formado de variedades tardias de porte alto (Centralmex, Compostos Dentados e Maya) com o BR-108 (Tuxpeño-1) de ciclo

precoce e porte baixo. Após duas gerações de recombinação, seguiram-se três ciclos de seleção recorrente intrapopulacional para redução da altura da planta e espiga. Apresenta ciclo precoce e porte mediano, e grãos dentados de coloração amarela (SOUZA JÚNIOR et al., 1993).

3.2. Obtenção das progênes

Inicialmente, foram obtidas as progênes S_1 , através da auto-fecundação de 100 plantas da população BR-105, e de igual número da BR-106. Das sementes obtidas, que deram origem às progênes S_1 , uma parte foi armazenada e outra foi utilizada para a obtenção de 100 progênes de meios irmãos (MI) intra e 100 de MI interpopulacional. Para a obtenção das progênes de MI intra tomou-se uma mistura de pólen das progênes S_1 da própria população excluindo-se as próprias progênes e, polinizaram-se as progênes S_1 , em lotes isolados de despendoamento. No caso das progênes de MI interpopulacional foi tomado uma mistura de pólen das progênes S_1 da outra população, em lote isolado de despendoamento. De tal modo que os três tipos de progênes, de cada população, são provenientes de uma mesma planta da população original. Foram obtidas, portanto 300 progênes de cada população, totalizando 600 progênes.

3.3. Avaliação das progênes

As progênes das duas populações foram avaliadas no município de Piracicaba-SP, nas Fazendas Areião e Caterpillar, nos anos agrícolas 91/92 e 92/93, quanto aos seguintes caracteres:

- **PE**, peso das espigas (gramas/planta), corrigido para o teor de umidade e para o estande inicial de 20 plantas na parcela pelo método da covariância;
- **AP**, altura da planta (cm/planta), medida nas cinco primeiras plantas competitivas dentro da parcela;
- **AE**, altura da espiga (cm/planta), medida nas cinco primeiras plantas competitivas dentro da parcela;
- **AE/AP**, quociente da altura da espiga pela altura da planta;
- **CE**, comprimento da espiga (cm/espiga), amostrado na parcela;
- **DE**, diâmetro da espiga (cm/espiga) , amostrado na parcela;
- **FE**, número de fileiras por espiga (fileiras por espiga) , amostrado na parcela;
- **SFE**, número de sementes por fileira por espiga (sementes/fileira/espiga) , amostrado na parcela;
- **NE**, índice de prolificidade (espigas/planta), que é a relação entre o número de espigas total da parcela pelo estande da parcela.

Nos quatro experimentos, de cada população, o delineamento utilizado foi em faixa (STEEL & TORRIE, 1980), para evitar o problema de competição, devido à depressão por endogamia e diferença na expressão da heterose entre os tipos de progênes. De tal forma que nas parcelas havia o genótipo que originou os três tipos de progênes, que estavam dispostas nas sub-parcelas, formando uma faixa de cada tipo de progênie. Devido ao grande número de tratamentos a distribuição das progênes dentro de cada faixa seguiu o delineamento em látice 10 x 10. Foram utilizadas duas repetições por experimento. A unidade experimental foi constituída de uma linha de quatro metros, com um metro de espaçamento entre si, com espaçamento entre plantas de 20 cm, totalizando 20 plantas.

3.4. Análises estatísticas

Inicialmente, foram realizadas as análises por experimento para cada tipo de progênie, seguindo o delineamento em látice simples 10 x 10, com a recuperação da informação interblocos (COCHRAN & COX, 1957). Posteriormente, através das médias ajustadas, foram realizadas as análises conjuntas para todos os caracteres.

A análise conjunta envolvendo os três tipos de progênies de cada população, foi realizada com o objetivo de verificar a existência da interação entre os tipos de progênies e o genótipo que a originou (Tabela 1). Nesta análise foi utilizado o seguinte modelo estatístico (STEEL & TORRIE, 1980):

$$y_{ijkl} = \mu + a_i + b_{j(i)} + g_l + ga_{il} + e_{jl(i)} + \\ + t_k + ta_{ik} + e_{jk(i)} + tg_{kl} + tga_{ikl} + e_{jkl(i)}$$

onde:

y_{ijkl} : observação no ambiente i , no bloco j , no tipo de progênie k , no genótipo l ;

com : $i = 1, 2, 3 \text{ e } 4$; $j = 1 \text{ e } 2$; $k = 1, 2 \text{ e } 3$; $l = 1, 2, \dots, 100$;

μ : é uma constante inerente a média, fixa com $E(\mu) = 0$ e $E(\mu^2) = \mu^2$;

a_i : efeito do ambiente i suposto aleatório Normal Independentemente Distribuído (NID) com média zero e variância σ_a^2 , logo $E(a_i) = 0$ e $E(a_i^2) = \sigma_a^2$;

$b_{j(i)}$: efeito do bloco j no ambiente i , aleatório NID $(0, \sigma_{b(a)}^2)$;

- g_l : efeito do genótipo l , aleatório NID $(0, \sigma_g^2)$;
 ga_{il} : efeito da interação do genótipo l com o ambiente i , aleatório NID $(0, \sigma_{ga}^2)$;
 $e_{jl(i)}$: efeito da interação do genótipo l com o bloco j no ambiente i , aleatório NID $(0, \sigma_{e_1}^2)$;
 t_k : efeito do tipo de progênie k , aleatório NID $(0, \sigma_t^2)$;
 ta_{ik} : efeito da interação do tipo de progênie k com o ambiente i , aleatório NID $(0, \sigma_{ta}^2)$;
 $e_{jk(i)}$: efeito da interação do tipo de progênie k com o bloco j no ambiente i , aleatório NID $(0, \sigma_{e_2}^2)$;
 tg_{kl} : efeito da interação do genótipo l com o tipo de progênie k , aleatório NID $(0, \sigma_{tg}^2)$;
 tga_{ikl} : efeito da interação do genótipo l com o tipo de progênie k com o ambiente i , aleatório NID $(0, \sigma_{tga}^2)$;
 $e_{jkl(i)}$: efeito do erro ambiental, aleatório NID $(0, \sigma_{e_3}^2)$.

Posteriormente, foram realizadas, para cada população, as análises conjuntas envolvendo apenas um tipo de progênie, a fim de se obter as estimativas dos parâmetros genéticos e fenotípicos sem a influência dos diferentes erros devido aos tipos distintos de progênies (Tabela 2). Estas análises seguiram o seguinte modelo estatístico (STEEL & TORRIE, 1980):

$$y_{ijl} = \mu + a_i + b_{j(i)} + p_l + pa_{il} + e_{jl(i)}$$

onde:

y_{ijl} : observação na progênie l , no bloco j e no ambiente i ;

com : $i = 1, 2, \dots, 4$; $j = 1$ e 2 ; $l = 1, 2, \dots, 100$; $m = 1, 2, \dots, 5$;

μ : constante inerente a média, fixa com $E(\mu) = 0$ e $E(\mu^2) = \mu^2$;

a_i : efeito do ambiente i , suposto aleatório Normal Independentemente Distribuído (NID) com média zero e variância σ_a^2 , logo $E(a_i) = 0$ e $E(a_i^2) = \sigma_a^2$;

$b_{j(i)}$: efeito do bloco j no ambiente i , aleatório NID $(0, \sigma_{b(a)}^2)$;

p_l : efeito da progênie l , aleatório NID $(0, \sigma_p^2)$;

pa_{il} : efeito da interação da progênie l com o ambiente i , aleatório NID $(0, \sigma_{pa}^2)$

$e_{jl(i)}$: efeito do resíduo experimental entre parcelas, aleatório NID $(0, \sigma_e^2)$;

A análise de covariância conjunta (Tabela 3), duas a duas, entre os três tipos de progênies, para cada população, foi realizada conforme a expressão apresentada por KEMPTHORNE (1957):

$$PM = \frac{(1/2) [SQ_{(X+Y)} - SQ_{(X)} + SQ_{(Y)}]}{GL},$$

onde:

PM : produto médio do caráter em questão;

$SQ_{(X+Y)}$: soma de quadrados da soma do caráter nas progênies **X** e **Y**;

$SQ_{(X)}$: soma de quadrados do caráter na progênie **X**;

$SQ_{(Y)}$: soma de quadrados do caráter na progênie **Y**;

GL : graus de liberdade da fonte de covariação.

Tabela 1 - Resumo da análise de variância envolvendo os três tipos de progênie de cada população, segundo um esquema em faixa.

F.V.	GL	Q.M.	F
Ambiente (A)	GL1	Q1	$(Q1+Q5+Q8+Q10)/(Q2+Q4+Q7+Q11)$
Bloco/A	GL2	Q2	$(Q2+Q11)/(Q5+Q8)$
Genótipo (G)	GL3	Q3	$(Q3+Q10)/(Q4+Q9)$
G x A	GL4	Q4	$(Q4+Q11)/(Q5+Q10)$
Erro(1)	GL5	Q5	_____
Tipo (T)	GL6	Q6	$(Q6+Q10)/(Q7+Q9)$
T x A	GL7	Q7	$(Q7+Q11)/(Q8+Q10)$
Erro(2)	GL8	Q8	_____
T x G	GL9	Q9	$Q9/Q10$
T x G x A	GL10	Q10	$Q10/Q11$
Erro(3)	GL11	Q11	_____

Tabela 2 - Esquema da análise de variância conjunta para cada tipo de progênie de cada população, ao nível de média de plantas, com as esperanças dos quadrados médios.

F.V.	G.L.	Q.M.	E(Q.M.)
Ambiente (A)	(I-1)	Q12	$\sigma_e^2 + J\sigma_{pa}^2 + L\sigma_{b(a)}^2 + JL\sigma_a^2$
Bloco/A	I(J-1)	Q13	$\sigma_e^2 + L\sigma_{b(a)}^2$
Progênie (P)	(L-1)	Q14	$\sigma_e^2 + J\sigma_{pa}^2 + IJ\sigma_p^2$
P x A	(I-1)(L-1)	Q15	$\sigma_e^2 + J\sigma_{pa}^2$
Resíduo Médio	I(J-1)(L-1)	Q16	σ_e^2

onde:

I, J e L são o número de ambientes, de blocos e de progênes;

σ_a^2 : variância entre ambientes;

$\sigma_{b(a)}^2$: variância de blocos dentro de ambiente;

σ_p^2 : variância genética entre progênes;

σ_{pa}^2 : variância da interação de progênes por ambientes;

σ_e^2 : variância ambiental entre parcelas;

Tabela 3 - Esquema da Análise de Covariância conjunta, ao nível de média de plantas, com as esperanças dos produtos médios.

F.C.	G.L.	P.M.	E(P.M.)
Ambiente (A)	(I-1)	P1	$Cov_e + JCov_{pa} + LCov_{b(a)} + JLCov_a$
Bloco/A	I(J-1)	P2	$Cov_e + LCov_{b(a)}$
Progênie (P)	(L-1)	P3	$Cov_e + JCov_{pa} + IJCov_p$
P x A	(I-1)(L-1)	P4	$Cov_e + JCov_{pa}$
Resíduo Médio	I(J-1)(L-1)	P5	Cov_e

onde:

Cov_a : Covariância ambiental;

$Cov_{b(a)}$: Covariância de bloco dentro do ambiente;

Cov_p : Covariância genética entre progênes;

Cov_{pa} : Covariância da interação de progênes por ambiente;

Cov_e : Covariância ambiental entre parcelas;

3.5. Estimativas das variâncias genéticas e fenotípicas

A partir dos quadrados médios (Tabela 2) e dos produtos médios (Tabela 3) foram estimados os parâmetros genéticos e fenotípicos para cada tipo de progênie de cada população, utilizando as seguintes expressões:

$$\sigma_p^2 = (Q14-Q15)/IJ$$

$$\sigma_{pa}^2 = (Q15-Q16)/J$$

$$\sigma_e^2 = Q16$$

$$\sigma_{\frac{2}{F}}^2 = Q14/IJ$$

$$Cov_p = (P3-P4)/IJ$$

$$Cov_{pa} = (P4-P5)/J$$

$$Cov_e = P5.$$

Onde:

σ_p^2 , σ_{pa}^2 , σ_e^2 , $\sigma_{\frac{2}{F}}^2$, Cov_p , Cov_{pa} , Cov_e , I e J definidos anteriormente

Através da distribuição χ^2 foram obtidos os intervalos de confiança com 95% de probabilidade para os parâmetros estimados (BARBIN, 1993).

A herdabilidade ao nível de média de progênies foi estimada através da expressão:

$$\hat{h}_a^2 = \frac{\hat{\sigma}_p^2}{\hat{\sigma}_{\frac{2}{F}}^2}$$

O intervalo de confiança ao nível de 95% de probabilidade desta estimativa foi obtido através da distribuição **F** (KNAPP et al., 1985).

3.6. Estimativas da contribuição dos locos em heterozigose.

Para a obtenção da contribuição dos locos em heterozigose foi considerado um modelo aditivo dominante, com dois alelos (HALLAUER & MIRANDA FILHO, 1988). Desta forma, as médias da população, das progênes S_1 e das progênes totalmente endogâmicas são:

$$\mu_{S_0} = \mu + (p-q)a + 2pqd ,$$

$$\mu_{S_1} = \mu + (p-q)a + pqd , \text{ e}$$

$$\mu_{S_\infty} = \mu + (p-q)a$$

onde:

μ_{S_0} é a média de uma população S_0 , sendo igual a média das progênes de meios irmãos,

μ_{S_1} é a média das progênes S_1 ,

μ_{S_∞} é a média das progênes com endogamia total,

p e **q** são as freqüência dos alelos favoráveis e desfavoráveis na população,

a é o valor genotípico do loco em homozigose

d é o valor genotípico do loco em heterozigose

A média das linhagens totalmente endogâmicas, corresponde a média (μ) e a contribuição dos locos em homozigose na população (α), sendo obtida através da seguinte expressão:

$$\mu + \alpha = \mu_{S_{\infty}} = 2\mu_{S_1} - \mu_{S_0} = \mu + (p-q)a$$

A contribuição dos locos em heterozigose (δ) na população foi obtida através da seguinte expressão:

$$\delta = 2(\mu_{S_0} - \mu_{S_1}) = 2pqd$$

3.7. Estimativas dos componentes da variância e covariância genética

Os componentes da variância e covariância genética foram estimados através das estimativas de variâncias de progênes de meios irmãos intra e interpopulacional, e das covariâncias de progênes S_1 com MI intra, S_1 com MI inter e MI intra com MI inter. A variância de progênes S_1 foi desconsiderada, pois a sua utilização implicaria na inclusão de dois novos componentes, a variância de dominância (σ_D^2) e a variância dos efeitos de dominância dos homozigotos (D_2), tornando o sistema de equações indeterminado, havendo então a necessidade de restrições, que super-estimaria os componentes. Desta forma, os componentes estimados e as expressões utilizadas, foram:

$$\sigma_A^2 = 4\sigma_{P(MI\ Intra)}^2,$$

$$D_1 = 4(Cov_{P(S_1, MI\ Intra)} - 2\sigma_{P(MI\ Intra)}^2),$$

$$\sigma_{A_{12}}^2 = 4 \sigma_{P(MI \text{ Inter})}^2,$$

$$\sigma_{A_1 A_2} = 4 \text{Cov}_P(MI \text{ Intra}, MI \text{ Inter}),$$

$$D_{112} = 4(\text{Cov}_P(S_1, MI \text{ Inter}) - 2 \text{Cov}_P(MI \text{ Intra}, MI \text{ Inter})),$$

$$\sigma_{A_{xa}}^2 = 4 \sigma_{P(MI \text{ Intra}) \times a}^2,$$

$$D_{1xa} = 4(\text{Cov}_P(S_1, MI \text{ Intra}) \times a - 2 \sigma_{P(MI \text{ Intra}) \times a}^2),$$

$$\sigma_{A_{12xa}}^2 = 4 \sigma_{P(MI \text{ Inter}) \times a}^2,$$

$$\sigma_{A_1 A_{2xa}} = 4 \text{Cov}_P(MI \text{ Intra}, MI \text{ Inter}) \times a,$$

$$D_{112xa} = 4(\text{Cov}_P(S_1, MI \text{ Inter}) \times a - 2 \text{Cov}_P(MI \text{ Intra}, MI \text{ Inter}) \times a),$$

onde:

σ_A^2 : variância genética aditiva;

D_1 : covariância genética entre os efeitos médios dos alelos e os efeitos de dominância dos homozigotos;

$\sigma_{A_{12}}^2$: variância genética aditiva interpopulacional utilizando a população 1 como referência;

$\sigma_{A_1 A_2}$: covariância entre os efeitos médios dos genes intrapopulacional e o efeito médio destes genes a nível interpopulacional;

D_{112} : covariância entre os efeitos médios dos genes intrapopulacional e os efeitos de dominância dos homozigotos a nível interpopulacional.

$\sigma_{A_{xa}}^2$: variância da interação dos efeitos aditivos com o ambiente;

D_{1xa} : covariância da interação dos efeitos médios dos alelos e os efeitos de dominância dos homozigotos com o ambiente;

$\sigma_{A_{12} \times a}^2$: variância da interação dos efeitos aditivos interpopulacional, utilizando a população 1 como referência, com o ambiente;

$\sigma_{A_1 A_2 \times a}$: covariância da interação dos efeitos médios dos genes intrapopulacional e o efeito médio destes genes a nível interpopulacional com o ambiente;

$D_{1_{12} \times a}$: covariância da interação dos efeitos médios dos genes intrapopulacional com os efeitos de dominância dos homozigotos a nível interpopulacional com o ambiente.

Os intervalos de confiança, para os parâmetros estimados, foram obtidos utilizando a distribuição de χ^2 (BARBIN, 1993) com 95% de probabilidade.

3.8. Respostas esperadas com a seleção

Foram considerados quatro esquemas de seleção:

- E1.** Seleção Recorrente Intrapopulacional, com Unidade de Seleção S_1 e Unidade de Recombinação S_1 .
- E2.** Seleção Recorrente Intrapopulacional, com Unidade de Seleção MI Intrapopulacional e Recombinação MI Intrapopulacional.
- E3.** Seleção Recorrente Intrapopulacional, com Unidade de Seleção MI Intrapopulacional e Recombinação S_1 .
- E4.** Seleção Recorrente Interpopulacional, com Unidade de Seleção MI Interpopulacional e Recombinação MI Intrapopulacional.
- E5.** Seleção Recorrente Interpopulacional, com Unidade de Seleção MI Interpopulacional e Recombinação S_1 .

Para cada esquema foi estimado o ganho nas populações, nas linhagens e a alteração na depressão por endogamia, considerando somente a seleção realizada entre famílias, através das seguintes expressões (FERNANDES, 1990):

Para o ganho com a seleção nas populações, as expressões utilizadas foram:

$$\text{E1: } R_s = k \left[\frac{\sigma_A^2 + (1/2)D_1}{\sigma_F} \right];$$

$$\text{E2: } R_s = k \left[\frac{(1/4)\sigma_A^2}{\sigma_F} \right];$$

$$\text{E3: } R_s = k \left[\frac{(1/2)\sigma_A^2}{\sigma_F} \right];$$

$$\text{E4: } R_s = k \left[\frac{(1/4)\sigma_{A_1A_2}}{\sigma_{F12}} \right];$$

$$\text{E5: } R_s = k \left[\frac{(1/2)\sigma_{A_1A_2}}{\sigma_{F12}} \right];$$

para os ganhos nas linhagens com endogamia F_y :

$$\text{E1: } R_s = k \left[\frac{\sigma_A^2 + (1/2 + F_y)D_1}{\sigma_F} \right];$$

$$\text{E2: } R_s = k \left[\frac{(1/4)(\sigma_A^2 + F_y D_1)}{\sigma_F} \right];$$

$$\text{E3: } R_s = k \left[\frac{(1/2)(\sigma_A^2 + F_y D_1)}{\sigma_F} \right];$$

$$\text{E4: } R_s = k \left[\frac{(1/4) (\sigma_{A_1 A_2} + F_y D_{112})}{\sigma_{F12}} \right];$$

$$\text{E5: } R_s = k \left[\frac{(1/2) (\sigma_{A_1 A_2} + F_y D_{112})}{\sigma_{F12}} \right].$$

3.9. Depressão por endogamia

A depressão por endogamia na população original foi calculada através da expressão (FERNANDES, 1990):

$$DE_o = (\bar{x}_o - \bar{x}_{Lo})$$

onde:

DE_o : depressão por endogamia na população original;

$\bar{x}_o$: média da população original;

$\bar{x}_{Lo}$: média das linhagens originadas da população original.

A alteração da depressão por endogamia provocada pela seleção, foi estimada através da expressão (FERNANDES, 1990):

$$\Delta DE = G_{sP} - G_{sL}$$

onde:

ΔDE : Alteração na depressão por endogamia;

G_{sP} : ganho com a seleção na população;

G_{sL} : ganho com a seleção nas linhagens.

Sendo que esta expressão é válida tanto para a seleção a nível intrapopulacional como a nível interpopulacional. Portanto, para

calcular a alteração na depressão por endogamia (ΔDE) foram utilizadas as seguintes expressões (FERNANDES, 1990):

$$\text{E1:} \quad \Delta DE = -k \left[\frac{F_y D_1}{\sigma_F} \right];$$

$$\text{E2:} \quad \Delta DE = -k \left[\frac{(1/4) F_y D_1}{\sigma_F} \right];$$

$$\text{E3:} \quad \Delta DE = -k \left[\frac{(1/2) F_y D_1}{\sigma_F} \right];$$

$$\text{E4:} \quad \Delta DE = -k \left[\frac{(1/4) F_y D_{112}}{\sigma_{F12}} \right];$$

$$\text{E5:} \quad \Delta DE = -k \left[\frac{(1/2) F_y D_{112}}{\sigma_{F12}} \right].$$

onde:

k : diferencial de seleção estandardizado para 10% de intensidade de seleção;

F_y : coeficiente de endogamia das linhagens;

σ_F : desvio padrão fenotípico da unidade de seleção, para seleção intrapopulacional;

σ_{F12} : desvio padrão fenotípico da unidade de seleção, para seleção interpopulacional;

σ_A^2 , D_1 , $\sigma_{A_1 A_2}$ e D_{112} : definidos anteriormente.

4. RESULTADOS

4.1. Avaliação das progênies

As análises conjuntas de variâncias (Tabelas 4, 5 e 6) evidenciaram uma precisão experimental aceitável, avaliada pelo coeficiente de variação (**CV**), visto que apresentaram valores entre **3,14** (**DE** de BR-105) a **13,86%** (**PE** de BR-106) para o **CV(a)** (parcelas, Genótipos), **0,13** (**SFE** de BR-105) a **3,70%** (**AE** de BR-106) para o **CV(b)** (sub-parcelas, Tipos) e de **3,84** (**DE** de BR-106) a **15,66%** (**NE** de BR-105) para o **CV(c)** (interação da parcela com a sub-parcela, **T x G**).

Os genótipos apresentaram diferenças entre si, ressaltada pelas análises conjuntas de variâncias, já que tal fonte de variação foi altamente significativa para todos os caracteres avaliados, nas duas populações. Para todos os caracteres verificou-se um comportamento concordante dos genótipos frente aos ambientes, devido a não significância da interação de genótipos por ambientes (**G x A**).

Os tipos de progênies (S_1 , MI intra e interpopulacional) diferiram entre si para todos os caracteres, a exceção de **AE/AP**, cuja análise de variância não detectou diferença significativa para tal fonte de variação. A inconsistência do comportamento dos tipos de progênies nos

ambientes (**T x A**) foi verificada para a maioria dos caracteres, a exceção de **DE** (BR-105 e BR-106), **CE** (BR-105) e **AE/AP** (BR-105). A ocorrência da interação genótipos por tipo de progênie (**T x G**) só não foi observada para **AE/AP** na população BR-106. A interação tripla (**T x G x A**) foi verificada para o **PE** (BR-105 e BR-106), **AE** (BR-106), **CE** (BR-106) e **DE** (BR-106).

As análises conjuntas envolvendo apenas um tipo de progênie estão apresentadas nas Tabelas 7 a 15. Todas as análises mostraram aceitável precisão experimental, avaliada pelo **CV**, sendo que os valores oscilaram de **3,84%** (**DE**, MI interpopulacional de BR-106) a **20,96%** (**NE**, S_1 de BR-106). As menores precisões de avaliação foram observadas para as progênies S_1 , que apresentaram menores médias em relação aos outros dois tipos de progênies, e quase sempre valores de resíduos semelhantes ou superiores. A precisão experimental entre as duas populações para os mesmos tipos de progênie foram semelhantes, com valores similares de **CV**. A análise do **PE** teve precisão semelhante ao **NE**, os caracteres **AP**, **AE** e **AE/AP** tiveram precisão próximas, o **CE** e **DE** apresentaram melhor precisão de avaliação do que **SFE** e **FE**, respectivamente.

Nas duas populações e nos três tipos de progênies diferiram entre si, para todos os caracteres avaliados, com um amplo intervalo de variação dos valores médios das progênies (Figura 1 a 9). A consistência do comportamento das progênies sobre os ambientes, avaliada pela interação **P x A**, foi mais uniforme na BR-105, do que na BR-106. Pois, na BR-105 foi detectado interação apenas para os caracteres **PE**, **FE** (S_1) e **AE/AP** (MI interpopulacional). Por outro lado, as progênies da população BR-106 apresentaram, em geral, menor consistência de

comportamento sobre os ambientes, à exceção do caráter **AP** onde não foi detectada interação com os ambientes, para os três tipos de progênes.

Os ambientes se mostraram diferentes entre si para todos os caracteres avaliados, e para os três tipos de progênes das duas populações, confirmando as diferentes características dos locais onde foram implantados os ensaios. As análises conjuntas da covariância (Tabelas 16 a 24) foram realizadas com o propósito de se obter as estimativas de covariâncias entre os tipos de progênes.

4.2. Estimativas das médias, depressão por endogamia e da heterose

As estimativas da média, amplitude, depressão por endogamia e heterose estão apresentadas nas Tabelas 25, 26 e 27. As médias foram estimadas com boa precisão, apresentando desvios padrões com valores inferiores a 1%. Os intervalos de variação (IV), foram de maiores magnitudes para as progênes S_1 , que apresentaram médias menores que os meios irmãos intra e interpopulacional.

Para o **PE** (Tabela 25), a média das populações (meios irmãos intrapopulacional) foram de **136,71** (BR-105) e de **148,10** g/planta (BR-106), o que equívale respectivamente a **6,84** e **7,41** t/ha. A contribuição dos locos em heterozigose foram de **67,56** e **71,25%**, para as populações BR-105 e BR-106, respectivamente. A depressão por endogamia nestas populações foi acentuada (**33,78** e **35,88%** para BR-105 e BR-106, respectivamente), e as progênes S_1 de BR-105 e BR-106, tiveram, respectivamente, uma média de **90,53** e **94,97** g/planta, equivalentes a **4,53** e **4,75** t/ha

O híbrido interpopulacional apresentou uma média de **151,63 g/planta**, equivalente a **7,58 t/ha**, o que proporcionou uma heterose de **6,48%**, em relação a média das populações, e de **2,39%** quando considerada em relação a população com maior produtividade.

Para os caracteres **AP**, **AE** e **AE/AP** (Tabelas 25 e 26), os locos em heterozigose contribuíram com uma menor porção da média, e a depressão por endogamia para os três caracteres foram de menores magnitudes que para a o **PE**. A heterose foi de pequena magnitude para os três caracteres, sendo negativa quando comparada à população com maior média, proporcionando ao híbrido uma média semelhante a das populações.

Os valores médios para os caracteres relacionados à espiga (**CE**, **DE**, **FE**, **SFE** e **NE**) foram muito semelhantes nas duas populações (Tabelas 26 e 27). A depressão por endogamia não foi tão acentuada como para o **PE**. A heterose em relação a média foi negativa apenas para **FE** e em relação a população com maior média sendo positiva apenas para **SFE** e **NE**.

4.3. Estimativas das variâncias genéticas e fenotípicas

As estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos estão apresentadas nas Tabelas 28 a 45. Observa-se boa precisão das estimativas, já que as amplitudes dos intervalos de confiança dos mesmos foram de pequena magnitude. As variâncias da interação de progênies por ambientes ($\hat{\sigma}_{pa}^2$), apresentaram estimativas negativas na população BR-105, para **AP** (todos os tipos de progênies), **AE** (todos os tipos de progênies), **AE/AP** (S_1), **CE** (MI intra) **DE** (S_1), **FE** (MI inter) e **SFE** (MI

intra), e altas amplitudes dos intervalos de confiança. Também foi verificado altas magnitudes das amplitudes do intervalo de confiança para algumas covariâncias da interação de progênes por ambientes ($C\hat{ov}_{pa}$).

As estimativas das variâncias de progênes ($\hat{\sigma}_p^2$) S_1 , MI Intra e interpopulacional da população BR-105 foram superiores na população BR-105 em relação à BR-106, a exceção do caráter **FE** cuja estimativa foi ligeiramente superior na BR-106 para S_1 . Na população BR-106, as estimativas de $\hat{\sigma}_p^2$ das progênes S_1 foram superiores a de MI intra e interpopulacional. As estimativas das variâncias de progênes ($\hat{\sigma}_p^2$) S_1 da população BR-105 só não foram superiores as de MI intrapopulacional para **AE/AP**.

As estimativas da herdabilidade ao nível de média de indivíduos ($\hat{h}^2$) foram maiores na população BR-105, com exceção das progênes S_1 que apresentaram valores iguais nas duas populações para **FE**. Também, todas as estimativas para as progênes S_1 foram superiores as de MI intra e interpopulacional, exceto para **AE/AP** da população BR-106, onde a herdabilidade das progênes S_1 possui menor valor em relação aos de MI.

A estimativa de $C\hat{ov}_p$ somente foi negativa para o **DE** da população BR-105 entre as progênes S_1 e MI intrapopulacional, sendo nos demais casos superiores a zero. Na população BR-106 estas estimativas foram próximas e em alguns casos superiores às estimativas de $\hat{\sigma}_p^2$ dos MI intra e interpopulacional.

4.4. Estimativas dos componentes da variância e covariância genética

As estimativas dos componentes da variância e covariância genética de progênes estão apresentadas nas Tabelas 46 a 54. A precisão das estimativas pode ser considerada razoável, visto que a amplitude dos intervalos de confiança são de magnitudes relativamente elevadas, principalmente para $\hat{D}_1$ e $\hat{D}_{12}$, cujas amplitudes superam as próprias estimativas. As amplitudes dos intervalos de confiança das estimativas das variâncias da interação dos componentes genéticos por ambientes foram superiores aos obtidos para os componentes genéticos.

Os componentes a nível intrapopulacional, $\hat{\sigma}_A^2$ e $\hat{D}_1$ foram em valores absolutos superiores na população BR-105 em relação a BR-106, sendo que $\hat{D}_1$ foi sempre negativo. Para os componentes ao nível interpopulacional, $\hat{\sigma}_{A_{12}}^2$ foi sempre superior na população BR-105 em relação a BR-106. Já $\hat{\sigma}_{A_1A_2}$ foi superior na população BR-105 em relação a BR-106 para os caracteres AP, AE, DE e NE e inferior para PE, AE/AP, CE, FE e SFE, e $\hat{D}_{12}$ foi positivo apenas para NE na população BR-106 e, em valores absolutos, de maior magnitude na população BR-105 para PE, AP, CE, DE, FE e SFE, e menor para AE, AE/AP e NE.

A maior interação com os ambientes das progênes da população BR-106 também pode ser verificada pelas magnitudes das interações dos componentes da variância genética com os ambientes, sendo que, em geral apresentaram maiores estimativas em relação a população BR-105.

As estimativas de $\hat{D}_1$, em valores absolutos, foram inferiores as de $\hat{\sigma}_A^2$, apenas para os caracteres **AP**, **CE**, **DE**, **FE** e **NE**, na população BR-106. O componente $\hat{D}_{1,2}$ comparado com $\hat{\sigma}_{A_1A_2}$, foi em módulo superior na BR-105 e inferior na BR-106, para **PE**, **AP**, **CE** e **AE**, inferior na BR-105 e superior na BR-106, para **AE** e **AE/AP**. Para **FE** foi inferior e para **SFE** e **NE** foi superior nas duas populações.

4.5. Estimativas dos ganhos com a seleção e alteração na depressão por endogamia

Os ganhos com a seleção (**Gs**) na população (**F = 0**) e nas linhagens (**F = 1/2** e **1**), bem como a alteração na depressão por endogamia (**ΔDE**) foram estimados para os esquemas de seleção recorrente (**SR**) intrapopulacional, baseado na seleção de S_1 e recombinação de S_1 (**E1**), seleção e recombinação de meios irmãos (**E2**) e seleção de MI e recombinação de S_1 (**E3**); e **SR** interpopulacional com recombinação de MI (**E4**) e de S_1 (**E5**). Sendo que neste caso as populações BR-105 e BR-106 foram testadoras uma de outra (tabelas 55 a 63). Os valores apresentados entre parênteses se referem a porcentagem de **Gs** e de **ΔDE** , tendo como referência a média da população base.

Os esquemas com unidade de seleção de MI intra e interpopulacional com recombinação de S_1 (**E3** e **E5**), proporcionaram o dobro de **Gs** e **ΔDE** , em relação aos esquemas que recombinam meios irmãos (**E2** e **E4**).

A seleção baseada em MI intra com recombinação de S_1 , proporcionou maiores ganhos à população, em relação aos demais esquemas, exceto para os caracteres **AE/AP**, **CE** e **SFE** na BR-106. Para estes três caracteres nesta população, a seleção interpopulacional com recombinação de S_1 foi mais eficiente em promover ganhos à população.

Para os caracteres **PE**, **AE**, **AE/AP** e **DE**, na BR-106, e **AP** e **CE**, nas duas populações, a seleção baseada em meios irmãos intra proporcionou maiores ganhos às linhagens ($F=1/2$), em relação aos demais esquemas. A seleção inter, em relação a intrapopulacional, foi mais eficiente às linhagens ($F=1/2$) na BR-105, para os caracteres **PE**, **AE**, **AE/AP** e **DE**, e nas duas populações para **FE**, **SFE** e **NE**.

A seleção baseada em meios irmãos inter com recombinação de S_1 foi a que proporcionou nas duas populações, para os caracteres **PE**, **AP**, **AE**, **DE**, **FE** e **SFE**, e na BR-105 para **AE/AP**, **CE**, **DE** e **NE**, menores alterações na depressão por endogamia

A seleção baseada em S_1 , com recombinação das mesmas (**E1**), proporcionaram aumentos na depressão por endogamia para todos os caracteres avaliados, nas duas populações, promovendo ganhos positivos às linhagens da BR-106, apenas para **AP**, **CE**, **DE**, **FE** e **NE**.

5. DISCUSSÃO

5.1. Avaliação dos genótipos

Para que haja sucesso na seleção de genótipos é primordial uma boa precisão experimental, proporcionando desta forma uma confiabilidade aos resultados obtidos. Isto ocorre principalmente para os caracteres muito influenciados pelo ambiente, como por exemplo a produtividade. Os coeficientes de variação das avaliações dos experimentos em faixa (Tabelas 4, 5 e 6), para os caracteres avaliados nas duas populações podem ser considerados razoáveis, visto que apresentaram valores semelhantes aos relatados na literatura.

Os ambientes em que foram efetuadas as avaliações apresentaram diferenças entre si, a exceção para os caracteres **AP** e **FE** na população BR-105, mostrando que os genótipos foram avaliados em condições ambientais distintas. Fato já esperado devido a diferenças de solo e fertilidade dos dois locais em que foram realizadas as avaliações (Fazenda Areião e Caterpillar)

Os Genótipos das populações BR-105 e BR-106 apresentaram, para todos os caracteres avaliados, diferenças entre si, e um comportamento concordante nos ambientes onde ocorreram as avaliações

(Tabelas 4, 5 e 6). Esta concordância pode ser devido ao fato do genótipo ser representado por três tipos de progênes (S₁, MI intra e MI interpopulacional), o que, provavelmente, proporcionou um efeito tampão às médias (ALLARD & HANSHE, 1964).

Os tipos de progênes, por apresentarem diferenças na depressão por endogamia (entre S₁ e MI intrapopulacional) e expressão da heterose (entre os MI intra e interpopulacional), diferiram entre si para todos os caracteres avaliados, a exceção de AE/AP.

A avaliação dos três tipos de progênes, oriundos da mesma planta permite avaliar o comportamento do genótipo em diferentes combinações. Assim é possível verificar se há concordância na seleção efetuada com base em diferentes tipos de progênes. Desta forma, as interações envolvendo o tipo de progênie, mostram a inconsistência do comportamento dos tipos de progênes obtidos de um mesmo genótipo (**T x G**) (para todos os caracteres, exceto AE/AP na população BR-106), nos ambientes (**T x A**) (**PE**, **AE** e **NE** para BR-105 e **PE**, **AE/AP**, **CE**, **FE**, **SFE** e **NE** para BR-106) e em conjunto com estes dois fatores (**T x G x A**) (**PE** para BR-105 e **PE**, **AE**, **CE**, **FE**, **SFE** e **NE** para BR-106). Isto implica que nem sempre o melhor genótipo selecionado com base em um tipo de progênie será o melhor baseado em outro tipo, dependendo também do ambiente em que ocorre a avaliação e destes dois fatores em conjunto.

5.2. Avaliação das progênes

As análises de variâncias conjuntas, realizadas isoladamente para cada tipo de progênes (Tabelas 7 a 15), possibilitou

verificar diferenças entre os quatro ambientes em que foram efetuadas as avaliações. Esta diferença de ambientes foi observada nas avaliações das progênies S_1 (exceto para **AP** e **FE**), MI intra (exceto para **FE** e **NE**) e MI interpopulacional (exceto para **AP**, **AE/AP** e **FE**) da população BR-105; e das progênies S_1 (todos os caracteres avaliados), MI intra (exceto para **AE/AP**, **DE**, **FE** e **NE**) e MI interpopulacional (todos os caracteres avaliados) da população BR-106.

Estas análises mostram que as progênies S_1 , MI intra e interpopulacional, apresentam diferenças entre si para todos os caracteres avaliados nas duas populações. A diferença entre as progênies de MI intra e interpopulacional indicam a existência de variabilidade genética aditiva intra e interpopulacional, já que a variância entre estas progênies é de $1/4$ das variâncias aditiva intra e interpopulacional, respectivamente. Para S_1 , além da variabilidade aditiva (σ_A^2) tem-se também a dominante (σ_D^2) e os devidos a endogamia, D_1 e D_2 .

As progênies da população BR-105 foram mais estáveis às diferenças de ambientes em relação à BR-106. Isto é explicado pelas interações de progênies por ambientes, observada na população BR-105, para as progênies S_1 (**PE** e **FE**) e MI interpopulacional (**FE**), e principalmente na população BR-106 para as progênies S_1 (**PE**, **AE**, **AE/AP**, **CE**, **DE**, **FE** e **SFE**), MI intra (**CE**, **FE** e **SFE**) e MI interpopulacional (**PE**, **AE**, **AE/AP**, **CE**, **SFE** e **NE**). Observa-se também, que as progênies de MI intrapopulacional foram estáveis para um maior número de caracteres, quando comparadas com as progênies S_1 e MI interpopulacional.

5.3. Estimativas das médias, depressão por endogamia e da heterose

As médias das populações BR-105 e BR-106, de suas progênes S_1 e MI interpopulacional e do híbrido interpopulacional para o PE foram de **6,84, 7,41, 4,53, 4,75, 7,71, 7,45 e 7,58 t/ha**, respectivamente (Tabela 25). Observa-se que a população BR-106 e as suas linhagens ($F = 1/2$) apresentaram médias ligeiramente superior a BR-105. O híbrido interpopulacional superou as duas populações, apresentando heterose de **6,48% e 2,34%**, em relação a média e a população superior.

Para este caráter, a contribuição dos locos heterozigotos são os principais responsáveis pela média, desta forma a depressão por endogamia observada nas linhagens da população BR-105 e BR-106 foram inferiores aos relatados na literatura que são de **57,58 gramas/planta** para um nível de **50%** de endogamia (HALLAUER & MIRANDA FILHO, 1988)

Para os caracteres **AP, AE e AE/AP** (Tabelas 25 e 26), foram distintos os casos. Ou seja, a população BR-105 teve maior **AP**, maior contribuição dos locos heterozigotos e menor depressão por endogamia do que na população BR-106. A média de **AP**, do híbrido interpopulacional foi superior a média das populações, no entanto mais baixo que a população mais alta. Os valores médios das progênes das populações BR-105 e BR-106, a depressão por endogamia e a contribuição dos locos em heterozigose, para **AE**, praticamente não diferiram entre si. Assim, o híbrido interpopulacional apresentou média muito próxima das duas populações.

Para o quociente da **AE/AP** os locos heterozigotos contribuíram muito pouco com a média da população BR-105 e BR-106.

Proporcionando uma depressão por endogamia inferior ao observado para **AP** e **AE**. O híbrido interpopulacional apresentou heterose negativa, tanto em relação à média das populações, bem como em relação à população com maior **AE/AP**.

Os caracteres relacionados com a espiga apresentaram tendências semelhantes de **CE** com **FE** e de **DE** com **SFE** (Tabelas 26 e 27). Ou seja, a população BR-105 e suas linhagens tiveram maior **CE** e **FE** do que BR-106. A menor contribuição dos locos heterozigotos à média, e a menor depressão por endogamia, para estes caracteres, foram verificados na população BR-105.

A heterose do híbrido interpopulacional foi positiva em relação a média das populações e negativa em relação a população com maior **CE**. A heterose para **FE** foi negativa tanto em relação a média, como para a população com maior número de **FE**, indicando, neste caso, uma ausência de divergência entre as populações para este caráter.

A população BR-106 e suas linhagens, apresentaram maiores médias para o **DE** e **SFE**, apesar da maior depressão por endogamia desta população. As progênes interpopulacional do BR-106 foram relativamente inferiores as do BR-105, e a heterose foi positiva para **DE**, em relação a média das populações, mas negativa em relação a população com maior **DE**. A heterose para **SFE** foi positiva tanto em relação a média como a população superior.

O **NE** para a população BR-105 e BR-106 foram praticamente idênticos (Tabela 27). Na população BR-106, as linhagens apresentaram média ligeiramente superior, a depressão por endogamia foi menor, e participação dos locos heterozigotos na composição da média foi menor, em relação a BR-105. Os **MI** interpopulacional da população

BR-105 e BR-106 apresentaram médias semelhantes, sendo que o híbrido apresentou heterose ligeiramente superior a zero em relação à média das populações, bem como da população com maior NE.

As mesmas populações foram avaliadas no ano agrícola de 1985/86 em Sete Lagoas (MG), Goiânia (GO) e Londrina (PR) (SOUZA JÚNIOR et al., 1993) e suas médias para a produção de espigas foram de **139,97, 143,26, 168,47, 169,21 e 168,84** gramas/planta, respectivamente, para a população BR-105, BR-106, suas progênes interpopulacional e para o híbrido, sendo que estes valores equivalem respectivamente a **7,00, 7,16, 8,42, 8,46 e 8,44** t/ha.

Nas avaliações realizadas em Piracicaba a população BR-105 foi **2,38%** menos produtiva e BR-106 foi **3,27%** superior, e as progênes interpopulacional e o híbrido foram, respectivamente **9,19 e 13,59 e 11,35%** menos produtivos. As estimativas de heterose observadas por SOUZA JÚNIOR et al. (1993) foram de **19,23%** em relação a média e de **17,86%** em relação a população mais produtiva. Estes valores são bem superiores aos obtidos no presente trabalho, mostrando que nas condições de Piracicaba a divergência genética entre as populações não foi tão evidente. Esta divergência é uma das condições para a escolha de populações para programas de melhoramento de seleção recorrente recíproca, uma vez que além do melhoramento das populações *per se*, espera-se um aumento da heterose com os ciclos de seleção (MIRANDA FILHO & PATERNIANI, 1983, SOUZA JÚNIOR, 1983).

Nas avaliações realizadas por SOUZA JÚNIOR et al. (1993) a altura de planta da população BR-105, BR-106, suas progênes interpopulacional e o híbrido foram de **192,71, 204,46, 201,50, 208,08 e 204,79** cm/planta, respectivamente. A exceção da altura de planta da

população BR-105, todas as outras médias foram superiores às relatadas neste trabalho. Assim como a heterose, que foi positiva tanto em relação à média como em relação à população com maior altura de planta.

Para altura de espiga as diferenças entre as observadas neste trabalho e as relatadas por SOUZA JÚNIOR et al. (1993) foram de maior magnitude, sendo que as médias para a população BR-105, BR-106, suas progênes interpopulacional e o híbrido foram, respectivamente de **114,86, 114,46, 121,64, 127,48 e 124,56** cm/planta. As heteroses foram também superiores aos relatados no presente trabalho, sendo de **5,15%** em relação à média e de **2,06%** em relação à população com maior altura de espiga.

As avaliações efetuadas por SOUZA JÚNIOR et al. (1993) permitem verificar que as populações BR-105 e BR-106 constituem excelente fonte para programas de seleção recorrente, pois os híbridos apresentaram heterose positiva para a produção de espigas, em relação à população mais produtiva e altura de planta próxima da população mais alta, e uma certa tendência da altura de espiga ser superior à população com maior média. Para estes dois últimos caracteres não é interessante que os híbridos apresentem heteroses elevadas e positivas, pois o objetivo do melhoramento é reduzir o porte e a altura de espiga ou mante-las, de forma a permitir plantios mais adensados e diminuir problemas com acamamento.

A heterose só pode ser utilizada comercialmente se for positiva em relação à população parental superior. Já que a heterose em relação ao pai superior (**hps**) é expressa por (SOUZA JÚNIOR et al., 1993):

$$hps = \sum_i (r_i - p_i) \alpha_i$$

Onde r_i e p_i são as frequências dos alelos favoráveis na população inferior e superior, respectivamente, e α_i é o efeito de uma substituição gênica na população superior. Portanto, para que o híbrido seja superior à população com maior média, deve haver uma complementação por parte da população inferior dos alelos favoráveis que estiverem em baixa frequência na população superior.

A presença do híbrido interpopulacional produtivo, é indicativo da possibilidade de serem obtidos híbridos de linhagens endógamas que superem em muito a produtividade deste híbrido interpopulacional, que foi de **7,58 t/ha**, no presente trabalho. Pois, o desempenho do híbrido interpopulacional representa a média de todos os híbridos possíveis (simples, duplos ou triplos) provenientes de linhagens endógamas das populações parentais (COMSTOCK, 1964).

Uma linhagem para ser comercialmente útil, deve ter uma boa capacidade de combinação e também uma boa performance *per se*. Esta última característica é de fundamental importância quando se deseja obter híbridos simples ao invés de duplos ou triplos (SOUZA JÚNIOR, 1988). As populações BR-105 e BR-106 apresentaram depressão por endogamia menor que a relatada por HALLAUER & MIRANDA FILHO (1988), e assumindo a relação linear relatada pelos mesmos é de se esperar que as linhagens com completa homozigose apresentem produtividades de **2,22 e 2,09 t/ha**, respectivamente para as linhagens do BR-105 e BR-106. Contudo, este seria o valor médio, devendo haver linhagens que superem em muito esta média, pois entre as linhagens S_1 temos médias de **7,23 e 7,97 t/ha** (Figura 1), respectivamente para BR-105 e BR-106.

As altas produtividades observadas para algumas linhagens S_1 , tanto da população BR-105 como da BR-106 são indicativos da performance *per se* destes materiais, além de constituírem fontes de linhagens para obtenção de outros tipos de híbridos, como os de linhagens modificadas e de endogamia parcial (SOUZA JÚNIOR, 1988).

5.4. Estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos

Para o PE as estimativas de $\hat{\sigma}_p^2$ e $\hat{h}^2$ foram superiores nas progênes da população BR-105 em relação a BR-106 (Tabelas 28 e 37). Este fato é creditado a maior interação das progênes da população BR-106 com o ambiente ($\hat{\sigma}_{pa}^2$), sendo que esta estimativa para as progênes interpopulacional superaram $\hat{\sigma}_p^2$. Entre as progênes as maiores estimativas foram verificadas para S_1 , principalmente na população BR-106. Já entre os meios irmãos, a maior estimativa foi para os MI interpopulacional na população BR-105, e o inverso na BR-106. Contudo, a variância genética comum entre as progênes de diferente tipo ($\hat{Cov}_p$) foram superiores na população BR-106, indicando uma maior concordância no comportamento destas, quando obtidas de diferentes maneiras, para esta população.

As altas estimativas de $\hat{h}^2$ superam em muito as verificadas na literatura, que apontam para valores menores que 30% (HALLAUER & MIRANDA FILHO, 1988), sendo que SOUZA JÚNIOR et al. (1993) observou valores de 29,08 e 32,83% para as populações BR-105

e BR-106, respectivamente, que ficaram muito aquém dos observados no presente trabalho.

As estimativas $\hat{\sigma}_{pa}^2$ para **AP** e **AE**, nas progênes da população BR-105 foram negativas, e $\hat{\sigma}_p^2$ e $\hat{h}^2$ foi superior nesta população em relação a BR-106 (Tabelas 29, 30, 38 e 39), para os três tipos de progênes. A maior variação foi observada para as progênes S_1 , e conseqüentemente a maior herdabilidade também. Já as estimativas de $Côv_p$ possuem valores relativamente maiores na população BR-106, indicando uma maior correlação genética entre os tipos de progênes desta população. As estimativas de $\hat{h}^2$ para estes dois caracteres foram elevadas, para as progênes da população BR-105, contudo as estimativas obtidas para as progênes da BR-106 situam na faixa observada na literatura (HALLAUER & MIRANDA FILHO, 1988).

Na população BR-106, para **AE/AP**, a estimativa de $\hat{\sigma}_p^2$ do MI intrapopulacional foi superior a de S_1 (Tabela e 40), contrariando a maior variação, normalmente observada e esperada entre as linhagens S_1 . As diferenças das estimativas de $\hat{\sigma}_p^2$ e $\hat{h}^2$ entre as progênes das duas populações, observadas para **AP** e **AE** se mantiveram, ou seja foram maiores na BR-105 (Tabela 31).

Para os caracteres **CE**, **DE** e **SFE** as progênes da população BR-105 tiveram estimativas de $\hat{\sigma}_p^2$ e $\hat{h}^2$ superiores em relação a BR-106 (Tabelas 32, 33, 35, 41, 42 e 44). Já para **FE** as progênes S_1 de

BR-106 tiveram estimativas de $\hat{\sigma}_p^2$ ligeiramente superior a BR-105 e igualdade de valores para $\hat{h}^2$ (Tabelas 34 e 43).

As menores estimativas de $\hat{h}^2$ para as progênes da população BR-105 foram observadas para o **NE**, cujos valores ainda foram superiores aos verificados na população BR-106. Estas estimativas mostram a dificuldade de selecionar para este caráter (Tabelas 38 e 47).

Um fato observado nas variâncias de progênes ($\hat{\sigma}_p^2$) foi a inferioridade destas estimativas para a população BR-106 em relação à BR-105, com exceção do caráter **FE** nas progênes S_1 (Tabelas 30 a 47). Isto pode ser creditado ao fato de suas progênes terem interagido mais com os ambientes. O mesmo ocorreu com as herdabilidades que tiveram maiores estimativas para as progênes da população BR-105, e novamente a exceção ocorreu no caráter **FE** cujas herdabilidades foram de mesma magnitude nas duas populações.

Entre os tipos de progênes as estimativas de $\hat{\sigma}_p^2$ para S_1 foram bem superiores aos meios irmãos intra e interpopulacional, a exceção de **AE/AP**, na população BR-106, cuja estimativa de meios irmão intra foi superior a de S_1 .

A superioridade das estimativa de $\hat{Cov}_p$ em relação a de $\hat{\sigma}_p^2$ ocorreram principalmente na população BR-106, e entre os meios irmãos. Isto indica que a maior interação **T x G** observada para a população BR-106, pode ser atribuída, principalmente pela diferença de magnitude das variâncias de progênes S_1 com a de meios irmãos. Sendo esperado para esta população, uma correlação genética relativamente alta

entre os tipos de progênies, principalmente entre os meios irmãos intra e interpopulacional.

5.5. Estimativas dos componentes da variância e covariância genética

As estimativas da $\hat{\sigma}_A^2$ para o **PE** foram superiores à média reportada na literatura por VENCOVSKY et al. (1988) [309 (gramas/planta)²] e inferiores a relatada por HALLAUER & MIRANDA FILHO (1988) [469,1 (gramas/planta)²]. Avaliando as mesmas populações, SOUZA JÚNIOR et al. (1993) obteve valores inferiores aos observados neste trabalho [136,61 e 145,64 (gramas/planta)² respectivamente para BR-105 e BR-106]. Estes resultados, mostram que estas populações apresentam grande variabilidade genética, que permitem ganhos expressivos na produtividade com os sucessivos ciclos seletivos.

O componente $\hat{D}_1$ apresentou valores negativos nas duas populações, e em valores absolutos superiores a $\hat{\sigma}_A^2$. Como a expressão para um loco com dois alelos é:

$$\hat{D}_1 = -2pq(q-p)[a+(q-p)d]d, \text{ ou}$$

$$\hat{D}_1 = -2pq(1-2p)[a+(1-2p)d]d \text{ (SOUZA JÚNIOR, 1989),}$$

portanto, para $d > 0$, temos que $\hat{D}_1$ será nulo para $p = 0,5$, positivo para $p > 0,5$ e negativo para $p < 0,5$. Isto indica que a frequência dos alelos favoráveis, nas duas populações estão abaixo de 0,5. No entanto, as

estimativas de $\hat{D}_1$ foram as que apresentaram maiores amplitudes de intervalo de confiança, ocasionado pelo alto erro de sua estimativa.

As estimativas de $\hat{\sigma}_{A_{12}}^2$ foram relativamente altas em comparação com as relatadas na literatura (PATERNIANI & VENCOVSKY, 1978; MIRANDA FILHO & PATERNIANI, 1983; SOUZA JÚNIOR E MIRANDA FILHO, 1989 e SOUZA JÚNIOR et al. 1993). A população mais produtiva, apresentou menor estimativa da $\hat{\sigma}_{A_{12}}^2$, sendo que normalmente a população superior apresenta maior variância aditiva intra e interpopulacional.

A covariância dos efeitos médios dos genes no híbrido interpopulacional e na população ($\hat{\sigma}_{A_1A_2}$) foi 11% superior na BR-106 em relação BR-105. Mostrando que BR-105 é melhor testador que BR-106, pois proporciona maior variabilidade às progênes interpopulacional (ALLISON & CURNOW, 1966). O ganho nas populações e em suas linhagens, em esquemas de seleção recorrente recíproca, é função direta de $\hat{\sigma}_{A_1A_2}$, assim espera-se maior progresso na BR-106 do que na BR-105, considerando que as variâncias fenotípicas tenham a mesma magnitude.

O componente $\hat{D}_{1,12}$, assim como $\hat{D}_1$ que é função da endogamia, foi negativo nas duas populações. Estas estimativas mostram que este componente contribuirá negativamente para os ganhos nas linhagens e aumentará a depressão por endogamia nos esquemas de seleção interpopulacional. No entanto, $\hat{D}_{1,12}$ apresentou altas amplitudes do intervalo de confiança, normalmente superiores ao seu próprio valor, devido aos altos erros contido nesta estimativa.

As estimativas de $\hat{\sigma}_A^2$ para AP e AE (Tabelas 47 e 48) estiveram abaixo da média reportada na literatura por HALLAUER & MIRANDA FILHO (1988). Para estes dois caracteres temos que a população, BR-105, com maior média apresentou também maior estimativa de variância aditiva intra e interpopulacional, como comumente é observado na literatura. Já, para a relação entre estes dois caracteres (AE/AP), a população superior, BR-106, apresentou menor estimativa de variância aditiva intra e interpopulacional (Tabela 49).

As duas populações tiveram estimativas negativas de $\hat{D}_1$ para AP, AE e AE/AP. Assim, nestas situações, este parâmetro contribuirá negativamente nos ganhos das seleções baseados em progênies endógamas. Este parâmetro também contribuirá para aumentar a depressão por endogamia e diminuir os ganhos com a seleção nas linhagens, nos esquema de seleção intrapopulacional. Sendo que, para estes caracteres o desejável é a obtenção de plantas com menor porte e altura da espiga, que possibilitem plantios mais adensados e menos problemas de quebramento e acamamento.

As estimativas da $\hat{\sigma}_{A_{12}}^2$ foram inferiores as de $\hat{\sigma}_A^2$ nas duas populações para AP e AE e na BR-106 para AE/AP. O componente $\hat{\sigma}_{A_1A_2}$ apresentou estimativas semelhantes entre as duas populações para AP, AE e AE/AP. $\hat{D}_{12}$ foi negativo para estes três caracteres nas duas populações, sendo em módulo superior as estimativas de $\hat{\sigma}_{A_1A_2}$, reduzindo os ganhos nas linhagens e aumentando a depressão por endogamia nos esquemas de seleção interpopulacional.

Para os caracteres **CE**, **DE**, **FE** e **SFE** (Tabelas 50 a 53), a população BR-105 teve estimativas de $\hat{\sigma}_A^2$ superiores a de BR-106, no entanto as estimativas de $\hat{D}_1$ foram negativas e em módulo superiores a de $\hat{\sigma}_A^2$. Para os caracteres **CE** e **SFE**, houve concordância na comparação dos parâmetros entre as duas populações, ou seja BR-105, em relação a BR-106, teve maiores estimativas de $\hat{\sigma}_A^2$ e $\hat{\sigma}_{A_{12}}^2$ e menores de $\hat{D}_1$, $\hat{\sigma}_{A_1A_2}$ e $\hat{D}_{12}$ para estes dois caracteres. Para os caracteres **DE** e **FE**, ocorreu a mesma semelhança verificada para **CE** e **SFE**. Desta forma, a seleção deve proporcionar ganhos semelhantes dos caracteres **CE** com **SFE** e de **DE** com **FE**.

Para o **NE**, as estimativas dos componentes diferiram muito de uma população para outra, principalmente $\hat{D}_{12}$, que na BR-106 foi positivo e superior a $\hat{\sigma}_{A_1A_2}$, e na BR-105 foi negativo. As maiores estimativas de $\hat{\sigma}_A^2$ e $\hat{\sigma}_{A_1A_2}$ da BR-105 não necessariamente implicam em maiores ganhos, pois as estimativas negativas $\hat{D}_1$ e $\hat{D}_{12}$, foram em módulos superiores.

Com relação às comparações entre estimativas obtidas em diferentes condições, é necessário salientar que nem sempre são válidas, uma vez que podem ser utilizados diferentes tamanhos de parcela, número de repetições e densidades de semeadura (RAMALHO, 1977). No entanto, as comparações entre as estimativas obtidas neste trabalho com as de outros, possibilitam verificar a validade de tais estimativas que mesmo diferindo permitem avaliar o comportamento das populações quando

submetidas a diferentes esquemas de seleções, bem como das linhagens oriundas destas populações.

5.6. Estimativas dos efeitos da seleção recorrente intra e interpopulacional

A partir dos parâmetros relacionados com o progresso da seleção, ao nível intra e interpopulacional, foram estimados os ganhos nas populações e os efeitos nas linhagens endogâmicas, considerando alguns esquemas de seleção (Tabelas 58 a 66). No entanto, convém ressaltar que estes componentes apresentaram estimativas apenas razoáveis, já que as amplitudes dos intervalos de confiança foram elevadas, principalmente para $\hat{D}_1$ e $\hat{D}_{12}$.

Os esquemas de seleção considerados foram aqueles possíveis de serem efetuados com os tipos de progênies avaliados. Os progressos esperados foram obtidos por ciclo de seleção e não por ano. Portanto, as diferenças dos progressos esperados entre os esquemas, não implica necessariamente em diferença de eficiência. Pois, para comparar os esquemas de seleção, o progresso deverá ser em função do tempo considerado e também de outros aspectos, como o tamanho efetivo, trabalho envolvido, etc. (RAMALHO, 1977; VENCovsky, 1987). O progresso esperado foi estimado apenas para a seleção entre as progênies e não dentro de progênies, para uma intensidade de seleção de 10% ($k = 1,75$), sendo a sua porcentagem apresentada em função da média da população original.

A seleção baseada em progênies S_1 é recomendada para caracteres com baixa herdabilidade, pois a variabilidade entre progênies

aumenta com a endogamia (HALLAUER & MIRANDA FILHO, 1988). No entanto, este fato nem sempre é acompanhado de maiores ganhos com a seleção, pois apesar do aumento da variância aditiva, há também a contribuição de $\hat{D}_1$ que é proporcional ao nível de endogamia das progênes selecionadas e da população base (SOUZA JÚNIOR, 1988).

As estimativas negativas de $\hat{D}_1$ obtidas nas duas populações, diminuíram a eficiência da seleção baseada em progênes S_1 , fazendo com que os ganhos obtidos nas populações fossem menores que o de outros esquemas de seleção. Estas estimativas de $\hat{D}_1$, provocaram um aumento na alteração da depressão por endogamia, e portanto os ganhos obtidos nas populações foram apenas parcialmente repassados as suas linhagens ou até mesmo negativos.

Assim, por exemplo, a população BR-105, apresentou maior variabilidade aditiva para o PE, no entanto o maior progresso foi estimado para a população BR-106, que possui $\hat{D}_1$ maior que na BR-105. Para os caracteres AP, CE, DE, FE e NE, na BR-106, as estimativas de $\hat{D}_1$ foram em módulo inferiores a de $\hat{\sigma}_A^2$, o que proporcionou nestes casos menores alterações na depressão por endogamia e ganhos positivos às linhagens.

O progresso esperado com a seleção baseada em testecross intrapopulacional, é função da $\hat{\sigma}_A^2$ para o ganho nas populações, da $\hat{\sigma}_A^2$ e $\hat{D}_1$ para os ganhos nas linhagens, e de $\hat{D}_1$ para a alteração na depressão por endogamia. Com as estimativas negativas de $\hat{D}_1$, há um aumento na depressão por endogamia, e o progresso obtido para as populações não são integralmente repassados para as suas linhagens. Os maiores

progressos obtidos na população BR-105, em relação a BR-106, foram devido a superioridade das estimativas de $\hat{\sigma}_A^2$. No entanto, as estimativas negativas e acentuadas de $\hat{D}_1$, na BR-105, proporcionaram maior alteração na depressão por endogamia e menor ganho às linhagens desta população, quando comparado com a BR-106.

Nos esquemas interpopulacionais, o progresso da população é função da $\hat{\sigma}_{A_1A_2}$, como na maioria dos caracteres, nas duas populações, a estimativa da $\hat{\sigma}_A^2$ superou a de $\hat{\sigma}_{A_1A_2}$, os esquemas interpopulacionais foram menos eficientes em promover ganhos às populações, que os baseados em MI intra. O ganho nas linhagens é função de $\hat{\sigma}_{A_1A_2}$ e $\hat{D}_{112}$, e a depressão por endogamia unicamente de $\hat{D}_{112}$. Com $\hat{D}_{112}$ negativo para a maioria dos casos, mas em módulo de proporções menores que $\hat{D}_1$, os esquemas baseados em testecross interpopulacional proporcionaram menores alterações na depressão por endogamia e maiores ganhos às linhagens do que os esquemas baseados em MI intra.

Os componentes $\hat{D}_1$ e $\hat{D}_{112}$ interferiram grandemente nas estimativas dos efeitos da seleção intra e interpopulacional, respectivamente. Quando a estimativa de $\hat{D}_1$, em módulo, superou a de $\hat{\sigma}_A^2$, como ocorreu por exemplo para o PE, na BR-105 e BR-106, o E1 proporcionou elevada alteração na depressão por endogamia e ganhos negativos às linhagens. Neste mesmo caso, os esquemas E2 e E3 foram menos drásticos, proporcionando maiores ganhos a população, mas ainda com acentuada depressão por endogamia e ganhos relativamente baixos para as linhagens.

Para os casos em que $\hat{D}_1$ em valor absoluto foi inferior a estimativa de $\hat{\sigma}_A^2$, como para **AP**, **CE**, **DE**, **FE** e **NE**, na BR-106, o **E1**, **E2** e **E3**, proporcionaram alterações na depressão por endogamia superiores a zero, e ganhos positivos às linhagens, ou seja a seleção foi efetiva para aumentar as médias das linhagens, mesmo não diminuindo a depressão por endogamia.

As estimativas negativas de $\hat{D}_{1,2}$ e sua superioridade, em valores absolutos a estimativa de $\hat{\sigma}_{A_1A_2}$, ocorreram na BR-105, para **PE**, **AP**, **CE**, **DE** e **NE**, na BR-106 para **AE**, **AE/AP** e nas duas populações para **SFE**, proporcionaram alterações positivas na depressão por endogamia, e ganhos menores do que os obtidos nas populações para as linhagens, contudo ainda positivos. Para os casos em que $\hat{D}_{1,2}$ foi negativo, e em módulo inferior a $\hat{\sigma}_{A_1A_2}$ (**AE** e **AE/AP** na BR-105, **PE**, **AP**, **CE** e **DE** na BR-105 e **FE** nas duas populações); as alterações na depressão por endogamia foram menos drásticas, com ganhos positivos às linhagens com endogamia total. Quando $\hat{D}_{1,2}$ é positivo (**NE** na BR-106), a depressão por endogamia é reduzida e as linhagens tem ganho superior ao obtido para a população.

Os caracteres relacionados com a espiga, **CE**, **DE**, **FE**, **SFE** e **NE**, tiveram respostas similares frente aos esquemas de seleção. Caracteres de difícil mensuração como **FE** e **SFE**, raramente são avaliados, contudo apresentaram similaridade na tendência de respostas nas populações, linhagens e alteração na depressão por endogamia, frente aos mesmos esquemas de seleção com **DE** e **CE**, respectivamente. Os caracteres **DE** e **CE**, de fácil avaliação, podem ser utilizados como parâmetros para **FE** e **SFE**, respectivamente. Os caracteres relacionados

com a espiga, apresentaram também a mesma tendência de **PE**, ou seja o método que proporciona maior ganho a população, a linhagem ou na alteração da depressão por endogamia, para um determinado caráter numa determinada população, também proporciona para os demais.

A menor eficácia da seleção baseada em progênes S_1 em relação aos testecross tem sido relatada na literatura (LONQUIST & LINDSEY, 1964 e HORNER et al., 1973), sendo a sua eficácia menor do que o esperado (HALLAUER & MIRANDA FILHO, 1988). Este fato deve estar relacionado ao componente $\hat{D}_1$, que participa do progresso, sendo que pode assumir valores positivos e negativos. Com $\hat{D}_1$ negativo o progresso será menor e a população terá um aumento na depressão por endogamia.

O aumento na depressão por endogamia, contraria a hipótese de que o melhoramento de populações implica na sua redução (GENTER, 1971; BURTON et al., 1971; HARRIS et al., 1972; GOULAS & LONQUIST, 1976). No entanto, SOUZA JÚNIOR (1985) utilizando um modelo de um loco com dois alelos com dominância completa, demonstrou que a depressão por endogamia só diminui com a seleção quando a frequência de alelos favoráveis for superior a 0,5. Nos casos em que esta frequência for inferior a 0,5, a depressão por endogamia torna mais intensa a medida que se pratica a seleção. No entanto, a acentuada ΔDE no esquema baseado em S_1 , principalmente para BR-105, provavelmente se deve ao aumento de endogamia pela perda de alelos por deriva genética.

As unidades de recombinação nem sempre podem ser consideradas como população de tamanho infinito, havendo uma possibilidade de haver endogamia nas populações melhoradas. A estimativa

aproximada da endogamia devido ao tamanho finito de uma população é $F \cong (1/2Ne)$ (FALCONER, 1960), onde Ne se refere ao tamanho efetivo populacional. Como $Ne \cong 1S$ para progênies autofecundadas e $Ne \cong 4S$ para progênies de meios irmãos, sendo S o número de progênies selecionadas, portanto com a recombinação de S_1 a endogamia é 4 vezes superior a população com recombinação de meios irmãos, restringindo desta forma a base genética das populações. Este fato será ainda mais negativo quando a população original possui estimativas de $\hat{D}_1$ e $\hat{D}_{1,2}$ negativas e em módulo superiores, respectivamente a $\hat{\sigma}_A^2$ e $\hat{\sigma}_{A_1A_2}$.

As linhagens com endogamia parcial ($F = 0,5$), apresentaram ganhos positivos para a seleção baseada em testecross intra e interpopulacional, sendo este fato interessante, haja vista a possibilidade de utilização de híbridos de linhagens com endogamia parcial e/ou de linhagens modificadas, já que estas últimas terão o coeficiente de endogamia da geração em que as linhagens irmãs forem isoladas, apresentando o vigor desta geração (SOUZA JÚNIOR, 1988). Desta forma populações que apresentam alta depressão por endogamia como no presente trabalho seria interessante, a curto prazo, a utilização de linhagens modificadas, que possuem maior vigor e híbrido simples e triplos que se aproximam em muito ao comportamento dos híbrido de linhagens homozigotas (SOUZA JÚNIOR, 1988).

6. CONCLUSÕES

Diante às condições em que foi efetuado o presente trabalho, pode se concluir que:

- a) O esquema de seleção baseado em progênies S_1 , somente deve ser utilizado quando o nível de melhoramento da população for alto, repassando desta forma o ganho da seleção, obtido na população, às linhagens. Pois, quando este nível for baixo, a depressão por endogamia aumentará e as linhagens terão ganhos negativos.
- b) O esquema de seleção recorrente intrapopulacional, baseado em meios irmãos com recombinação dos mesmos e de S_1 , proporcionaram maiores estimativas de ganhos às populações, em relação a interpopulacional. No entanto, maiores estimativas de ganhos nas linhagens foram obtidos com os esquemas interpopulacionais.
- c) As estimativas de D_1 e $\hat{D}_{12}$, influenciam grandemente nos ganhos das linhagens, respectivamente para os esquemas de seleção intra e interpopulacional. Proporcionando estimativas de negativas de ganhos nas linhagens. quando $|D_1| > \hat{\sigma}_A^2$ e $|\hat{D}_{12}| > \hat{\sigma}_{A_1A_2}$, e positivos quando $|D_1| < \hat{\sigma}_A^2$ e $|\hat{D}_{12}| < \hat{\sigma}_{A_1A_2}$

- d) Para a obtenção imediata de linhagens das populações BR-105 e BR-106 deve-se dar preferência para linhagens com endogamia parcial e/ou de linhagens modificadas, já que os ganhos obtidos pelas populações com a seleção são parcialmente repassados às linhagens com $F = 1/2$. Neste caso, deve-se também dar preferência aos esquemas interpopulacionais que repassam parcialmente os ganhos às linhagens, mas certamente propiciam maiores capacidades de combinação entre as linhagens das duas populações, do que os esquemas intrapopulacionais que em alguns casos repassou maiores ganhos às linhagens com $F = 1/2$.
- e) Ganhos positivos e superiores aos obtidos pela população somente foram observados para o caráter índice de espigas das linhagens da população BR-106 para os esquemas de seleção interpopulacional (E4 e E5), onde D_{12} foi positivo.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- ALLARD, R.W. **Princípios de melhoramento genético das plantas.** São Paulo, Edgard Blücher, 1971. 381p.
- ALLARD, R.W. & HANSCHKE, P.E. Some parameters of population variability and their implications in plant breeding. **Advances in Agronomy**, **16**:281-325, 1964.
- ALLISON, J.C.S. & CURNOW, R.N. On the choice of tester parent for the breeding of synthetic varieties of maize (*Zea mays* L.). **Crop Science**, **6**:541-4, 1966.
- BARBIN, D. **Componentes de variância,** Piracicaba, ESALQ/USP, 1993, 109p. (Publicação Didática).
- BAUMAN, L.F. Review of methods used by breeders to develop superior inbreds. **Corn and Sorghum Industry Research Conference**, **36**:199-208, 1981.
- BERNARDO, R. Correlation between testcross performance of lines at early and late selfing generations. **Theoretical and Applied Genetics**, **82**:17-21, 1991.
- BURTON, J.W.; PENNY, L.H.; HALLAUER, A.R.; EBERHART, S.A. Evaluation of synthetic populations developed from a maize variety (BSK) by two methods of recurrent selection. **Crop Science**, **11**:361-5, 1971.
- CARANGAL, V.R.; ALI, S.M.; KOBLE, A.F.; RINKE, E.H.; SENTZ, J.C. Comparison of S_1 with testcross evaluation for recurrent selection in maize. **Crop Science**, **11**:658-61, 1971.

- COCHRAN, W.G. & COX, G.M. **Experimental designs**. New York, John Wiley and Sons, 1957. 611p.
- COCKERHAM, C.C. An extension of the concept of partitioning hereditary variance for analysis of covariance among relatives when epistasis is present. **Genetics**, **39**:859-82, 1954.
- COCKERHAM, C.C. Effects of linkage on the covariances between relatives. **Genetics**, **41**:138-41, 1956.
- COCKERHAM, C.C. Estimation of genetic variances. In: HANSON, W.D. & ROBINSON, H.G., ed., **Statistical genetics and plant breeding**. Washington, National Academy of Sciences, 1963, p.53-94.
- COCKERHAM, C.C. Covariances of relatives from self-fertilization. **Crop Science**, **23**:1177-80, 1983.
- COCKERHAM, C.C. & WEIR, B.S. Covariances of relatives stemming from a population undergoing mixed self and random mating. **Biometrics**, **40**:157-64, 1984.
- COMSTOCK, R.E. Selection procedures in corn improvement. In: ANNUAL HYBRID CORN INDUSTRY RESEARCH CONFERENCE, 19, Chicago, 1964. **Proceedings**. Washington, American Seed Trade Association, 1964. p.87-94.
- COMSTOCK, R.E.; ROBINSON, R.E.; HARVEY, P.H. A breeding procedure designed to make maximum use of both general and specific combining ability. **Agronomy Journal**, **41**:360-7, 1949.
- CORDOVA, H.S. Formacion de hibridos de maiz en base a familias de hermanos completos y sus implicaciones en la produccion de semilla comercial. In: CONGRESSO NACIONAL DE MILHO E SORGO, 15., Maceió, 1984. **Anais**. EMBRAPA-DDT/EPEAL, 1986. p.377-404.

- DUCLOS, L.A. & CRANE, P.L. Comparative performance of top crosses and S_1 progeny for improved populations of corn (*Zea mays* L.). **Crop Science**, **8**:191-4, 1968.
- EYHERABIDE, G.H. & HALLAUER, A.R. Reciprocal full-sib recurrent selection in maize: I. Direct and indirect responses. **Crop Science**, **31**:952-9, 1991.
- FALCONER, D.S. **Introduction to quantitative genetics**. 8.ed. New York, Ronald Press, 1960. 365p.
- FERNANDES, J.S.C. Progressos esperados em linhagens de milho (*Zea mays* L.) via seleção recorrente intra e interpopulacional. Piracicaba, 1980. 235p. (Doutorado - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz"/USP)
- FISHER, R.A. The correlations between relatives on the supposition of mendelian inheritance. **Transation Royal Society**, **52**:399-433, 1918.
- GARDNER, C.O. Estimates of genetic parameters in cross fertilizing plants and their implication in plant breeding. In: HANSON, W.D. & ROBINSON, H.G., ed., **Statistical genetics and plant breeding**. Washington, National Academy of Sciences, 1963. p.225-52.
- GARDNER, C.O. Population improvement in maize. In: WALDEN, D.B., ed., **Maize breeding and genetics**. New York, John Wiley and Sons, 1978. p.207-28
- GENTER, C.F. Yields of S_1 lines from original and advanced synthetic varieties of maize. **Crop Science**, **11**:821-4, 1971.
- GOULAS, C.K. & LONQUIST, J.H. Combined half-sib and S_1 family selection in a maize composite population. **Crop Science**, **16**:461-4, 1976.
- HALLAUER, A.R. Methods used in developing maize inbreds. **Maydica**, **35**:1-16, 1990.

- HALLAUER, A.R. & EBERHART, S.A. Reciprocal full sib selection. **Crop Science**, **10**:316-6, 1970.
- HALLAUER, A.R. & MIRANDA FILHO, J.B. **Quantitative genetics in mayze breeding**. Ames, Iowa State University, 1988. 468p.
- HARRIS, D.L. Genotypic covariances between inbred relatives. **Genetics**, **50**:1319-48, 1964.
- HARRIS, R.E.; GARDNER, C.O.; COMPTON, W.A. Effects of mass selection and irradiation in corn measured by random S₁ lines and their testcrosses. **Crop Science**, **12**:594-8, 1972.
- HORNER, T.W. & WEBER, C.R. Theoretical and experimental study of self fertilized populations. **Biometrics**, **12**:404-14, 1956.
- HORNER, E.S.; LUNDY, H.W.; LUTRICK, M.C.; CHAPMAN, W.H. Comparison of three methods of recurrent selection in maize. **Crop Science**, **13**:485-9, 1973.
- HULL, F.H. Recurrent selection for specific combining ability in corn. **Journal of the American Society of Agronomy**, **37**:134-45, 1945.
- JENKINS, M.T. Methods of estimating the performance of double crosses in corn. **Journal of the American Society of Agronomy**, **26**:199-204, 1934.
- JENKINS, M.T. The effect of inbreeding and selections within inbred lines of maize upon the hybrids made after successive generations of selfing. **Journal Science**, **9**:429-50, 1935.
- JENKINS, M.T. Segregation of genes affecting yield of grain in maize. **Journal of the American Society of Agronomy**, **32**:55-63, 1940.
- JENKINS, M.T. & BRUNSON, A.M. Methods of testing inbred lines of maize in crossbred combinations. **Journal of the American Society of Agronomy**, **24**:523-30, 1932.

- JONES, D.F. The effects of inbreeding and crossbreeding upon development. **Connecticut Agriculture Experimentation Station Bulletin**, 207:5-100, 1918.
- KEMPTHORNE, O. The theoretical values of correlations between relatives in random mating populations. **Genetics**, 40:153-67, 1955a;
- KEMPTHORNE, O. The correlations between relatives in inbred populations. **Genetics**, 40:681-91, 1955b.
- KEMPTHORNE, O. **An introduction to genetics statistics**. New York, John Wiley and Sons, 1957. 545p.
- KNAPP, S.J.; STROUP, W.W.; ROSS, W.M. Exact confidence intervals for heritability on a progeny means basis. **Crop Science**, 25:192-4, 1985.
- LONQUIST, J.H. & LINDSEY, M.F. Topcross versus S_1 line performance in corn. **Crop Science**, 4:580-4, 1964.
- MALÉCOT, G. **Les mathématiques de l'hérédité**. Paris, Masson, 1948, 80p.
- MIRANDA FILHO, J.B. Mating schemes to predict gain on heterosis in reciprocal recurrent selection. **Revista Brasileira de Genética**, 5:745-60, 1982.
- MIRANDA FILHO, J.B. & PATERNIANI, E. Intra- and interpopulation parameter estimates and implications in selections. **Revista Brasileira de Genética**, 6:15-27, 1983.
- MIRANDA FILHO, J.B. & VIÉGAS, G.P. Milho Híbrido. In: PATERNIANI, E. & VIÉGAS, G.P., ed., **Melhoramento e produção de milho**. 2.ed. Campinas, Fundação Cargill, 1987. p.275-340.
- MOTA, M.G.C. Comportamento de progênes de meios irmãos e S_1 na variedade de milho (*Zea mays* L.) Centralmex. Piracicaba, 1974. 73p. (Mestrado - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz"/USP).

- NASPOLINI FILHO, V.; GAMA, E.E.G.; VIANNA, R.T.; MORO, J.R. General and specific combining ability for yield in a diallel cross among 18 maize populations (*Zea mays* L.). **Revista Brasileira de Genética**, 4:571-7, 1981.
- OBILANA, A.T.; HALLAUER, A.R.; SMITH, O.S. Estimated genetic variability in a maize interpopulation. **The Journal of Heredity**, 70:127-32, 1979.
- PATERNIANI, E. & VENCOVSKY, R. Reciprocal selection in maize (*Zea mays* L.) based on testcrosses of half sib families. **Maydica**, 22:141-52, 1977.
- PATERNIANI, E. & VENCOVSKY, R. Reciprocal selection based on half sib progenies and prolific plants in maize (*Zea mays* L.). **Maydica**, 23:209-19, 1978.
- RAMALHO, M.A.P. Eficiência relativa de alguns processos de seleção intrapopulacional no milho baseados em famílias não endógamas. Piracicaba, 1977. 122p. (Doutorado - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz"/USP)
- ROBINSON, H.F.; COMSTOCK, R.E.; HARVEY, P.H. Genetic variances in open pollinated varieties of corn. **Genetics**, 40:45-60, 1955.
- RUSSEL, W.A. Comparison of the hybrid performance of maize lines developed from the original and improved cycles of BSSS. **Maydica**, 30:407-19, 1985.
- SCHNELL, F.W. The covariance between relatives in the presence of linkage. In: HANSON, W.D. & ROBINSON, H.G. **Statistical genetics and plant breeding**. Washington, National Academy of Sciences, 1963. p.468-83.
- SHULL, G.H. The composition of a field of maize. **American Breeder's Association Report**, 4:296-301, 1908.
- SHULL, G.H. A pure line method of corn breeding. **American Breeder's Association Report**, 5:51-9, 1909.

- SOUZA JÚNIOR, C.L. Variabilidade genética em milho (*Zea mays* L.) e relações com a seleção recorrente intra e interpopulacional. Piracicaba, 1983. 151p. (Doutorado - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz"/USP).
- SOUZA JÚNIOR, C.L. Procedures for estimating expected genetic progress in inbred lines via recurrent intrapopulational selection. **Revista Brasileira de Genética**, 8:329-42, 1985.
- SOUZA JÚNIOR, C.L. Reciprocal recurrent selection with half-sib progenies obtained alternately from non-inbred (S_0) and inbred (S_1) plants in maize. **Maydica**, 32:19-31, 1987.
- SOUZA JÚNIOR, C.L. Variâncias genéticas interpopulacionais e suas relações com a obtenção e seleção de híbridos. Piracicaba, 1988. 140p. (Livre-Docente - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz"/USP)
- SOUZA JÚNIOR, C.L. **Componentes da variância genética e suas implicações no melhoramento vegetal**. Piracicaba, FEALQ, 1989. 134 p.
- SOUZA JÚNIOR, C.L. Comparisons of intra-, interpopulation, and modified recurrent selection methods. **Revista Brasileira de Genética**, 16:91-105, 1993.
- SOUZA JÚNIOR, C.L. & MIRANDA FILHO, J.B. Genetic variability in two maize (*Zea mays* L.) populations and its relationship with intra- and interpopulational recurrent selection. **Revista Brasileira de Genética**, 12:271-85, 1989.
- SOUZA JÚNIOR, C.L.; SANTOS, M.X.; MAGNAVACA, R.; GSMS, E.E.G. Estimativas de parâmetros genéticos na interpopulação de milho BR-105 x BR-106 e suas implicações no melhoramento. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, 28:473-9, 1993.
- SPRAGUE, G.F. An estimation of the number of top-crossed plants required for adequate representation of a corn variety. **Agronomy Journal**, 31:11-6, 1946.

- SPRAGUE, G.F. Early testing and recurrent selections. In: GOWEN, J.W., ed., **Heterosis**. Ames, Iowa State College Press, 1952. p .400-7.
- SPRAGUE, G.F. & EBERHART, S.A. Corn breeding. In: SPRAGUE, G.F. ed., **Corn and corn improvement**. New York, Academic Press, 1977. p.305-62.
- SPRAGUE, G.F. & MILLER, P.A. A sugestion for evaluating current concepts of the genetic mechanism of heterosis in corn. **Agronomy Journal**, **42**:161-2, 1952.
- STEEL, R.G.D. & TORRIE, J.H. **Principles and procedures of statistics**. New York, McGraw-Hill, 1980. 633p.
- STUBER, C.W. & COCKERHAM, C.C. Gene effects and variances in hybrid populations. **Genetics**, **54**:1279-86, 1966.
- VASAL, S.K. Approaches and methodology in the development of QPM hybrids. In: CONGRESSO NACIONAL DE MILHO E SORGO, 15., Maceió, 1984. **Anais**. EMBRAPA-DDT/EPEAL, 1986. p.419-30.
- VENCOVSKY, R. Herança quantitativa. In: PATERNIANI, E. & VIÉGAS, G.P., ed., **Melhoramento e produção de milho**. 2.ed. Campinas, Fundação Cargill, 1987. v.1, cap. 5, p.135-214.
- VENCOVSKY, R.; MIRANDA FILHO, J.B. & SOUZA JÚNIOR, C.L. Quantitative genetics and corn breeding in Brazil. In: INTERNATIONAL CONFERENCE ON QUANTITATIVE GENETICS, 2., Raleigh, 1987. **Proceedings**. Sinauer, Associates Sunderland, 1988. p.465-77.
- WRIGHT, A.J. Covariance of inbred relatives with special references to selfing. **Genetics**, **115**:545-52, 1987.
- WRIGHT, S. System of mating. **Genetics**, **6**:111-78, 1921.

FIGURAS

Figura 1 - Distribuição de Frequência das médias do Peso de Espigas (gramas/planta), das progênies S1, Meios Irmãos Intra e Interpopulacional, das populações BR-105 (A, C e E, respectivamente) e BR-106 (B, D e F, respectivamente).

Figura 2 - Distribuição de Frequência das médias da Altura de Planta (cm/planta), das progênies S1, Meios Irmãos Intra e Interpopulacional, das populações BR-105 (A, C e E, respectivamente) e BR-106 (B, D e F, respectivamente).

Figura 3 - Distribuição de Frequência das médias da Altura de Espiga (cm/planta), das progênies S1, Meios Irmãos Intra e Interpopulacional, das populações BR-105 (A, C e E, respectivamente) e BR-106 (B, D e F, respectivamente).

Figura 4 - Distribuição de Frequência das médias do quociente Altura de Espiga por Altura de Planta, das progênies S1, Meios Irmãos Intra e Interpopulacional, das populações BR-105 (A, C e E, respectivamente) e BR-106 (B, D e F, respectivamente).

Figura 5 - Distribuição de Frequência das médias do Comprimento de Espiga (cm/espiga), das progênies S1, Meios Irmãos Intra e Interpopulacional, das populações BR-105 (A, C e E, respectivamente) e BR-106 (B, D e F, respectivamente).

Figura 6 - Distribuição de Frequência das médias da Diâmetro de Espiga (cm/espiga), das progênes S1, Meios Irmãos Intra e Interpopulacional, das populações BR-105 (A, C e E, respectivamente) e BR-106 (B, D e F, respectivamente).

Figura 7 - Distribuição de Frequência das médias de Fileiras por Espiga (fileiras/espiga), das progênes S1, Meios Irmãos Intra e Interpopulacional, das populações BR-105 (A, C e E, respectivamente) e BR-106 (B, D e F, respectivamente).

Figura 8 - Distribuição de Frequência das médias de sementes por fileira por espiga (sementes/fileira/espiga), das progênies S1, Meios Irmãos Intra e Interpopulacional, das populações BR-105 (A, C e E, respectivamente) e BR-106 (B, D e F, respectivamente).

Figura 9 - Distribuição de Frequência das médias do Índice de Prolicidade (espigas/planta), das progênes S1, Meios Irmãos Intra e Interpopulacional, das populações BR-105 (A, C e E, respectivamente) e BR-106 (B, D e F, respectivamente).

TABELAS

Tabela 4 - Resumo das Análises Conjuntas da Variância, ao nível de média de plantas, do Peso de Espigas (gramas/planta), Altura da Planta (cm/planta) e Altura da Espiga (cm/planta), nas populações BR-105 e BR-106.

Q.M.									
F.V.	GL	Peso de Espigas		Altura da Planta		Altura da Espiga			
		BR-105	BR-106	BR-105	BR-106	BR-105	BR-106		
Ambiente (A)	3	293,557,82**	295,339,11**	32,659,92 ^{ns}	179,644,93**	35,384,23**	127,038,86**		
Bloco/A	4	5,357,48**	332,06 ^{ns}	13,122,16*	1,050,16 ^{ns}	1,098,24 ^{ns}	934,12 ^{ns}		
Genótipo (G)	99	2,877,40**	3,328,74**	1,137,28**	1,033,77**	728,98**	486,26**		
G x A	297	639,99 ^{ns}	832,26 ^{ns}	132,74 ^{ns}	189,44 ^{ns}	76,55 ^{ns}	95,52 ^{ns}		
Erro (a)	396	843,35	983,89	276,64	333,84	148,08	159,20		
Tipo (T)	2	867,754,47**	765,436,95**	212,998,11**	110,267,74**	58,327,85**	74,532,25**		
T x A	6	1,522,32*	2,586,13**	5,400,00 ^{ns}	1,838,24 ^{ns}	2,541,94*	1,750,49 ^{ns}		
Erro (b)	8	320,07	465,90	2,181,30	2,310,71	556,85	1,260,29		
T x G	198	1,430,07**	976,29**	342,95**	207,77**	202,17**	104,55**		
T x G x A	594	325,22*	434,10**	86,77 ^{ns}	133,96 ^{ns}	52,13 ^{ns}	65,60*		
Erro (c)	792	279,81	319,46	96,48	140,54	54,70	55,06		
Média		127,18	130,68	191,77	188,17	96,49	95,84		
CV(a)(%)		13,18	13,86	5,01	5,61	7,28	7,60		
CV(b)(%)		1,41	1,65	2,44	2,55	2,45	3,70		
CV(c)(%)		13,15	13,68	5,12	6,30	7,66	7,74		

** p < 0,01; * p < 0,05; ^{ns} p > 0,05.

Tabela 5 - Resumo das Análises Conjuntas da Variância, ao nível de média de plantas, do quociente Altura da Espiga pela Altura da Planta, Comprimento da Espiga (cm/espiga) e Diâmetro da Espigas (cm/espiga), nas populações BR-105 e BR-106.

		Q.M.					
F.V.	GL	Altura da Espiga/Altura da Planta ⁽¹⁾		Comprimento da Espiga ⁽²⁾		Diâmetro da Espiga ⁽²⁾	
		BR-105	BR-106	BR-105	BR-106	BR-105	BR-106
Ambiente (A)	3	3.314,08*	5.975,37*	8.428,82**	31.584,76**	420,11**	882,48**
Bloco/A	4	296,85 ^{ns}	186,35 ^{ns}	531,17 ^{ns}	432,63 ^{ns}	23,15 ^{ns}	57,00*
Genótipo (G)	99	61,21**	50,29**	1.044,57**	1.069,01**	43,45**	59,55**
G x A	297	9,37 ^{ns}	13,27 ^{ns}	134,93 ^{ns}	141,53 ^{ns}	4,98 ^{ns}	6,07 ^{ns}
Erro (a)	396	14,45	11,77	155,98	131,00	5,83	7,16
Tipo (T)	2	48,29 ^{ns}	3.536,80 ^{ns}	70.383,56**	114.922,21**	6.174,15**	4.197,08**
T x A	6	297,44 ^{ns}	977,13*	381,80 ^{ns}	1.881,97**	11,42 ^{ns}	19,01 ^{ns}
Erro (b)	8	299,53	248,79	212,71	99,70	8,64	10,79
T x G	198	22,08**	11,95 ^{ns}	431,66**	248,90**	25,63**	12,69**
T x G x A	594	8,94 ^{ns}	10,77 ^{ns}	82,58 ^{ns}	104,58**	3,27 ^{ns}	4,13**
Erro (c)	792	8,84	9,62	80,36	70,12	3,05	3,09
Média		0,50	0,51	15,23	14,56	4,44	4,58
CV(a)(%)		4,37	3,91	4,73	4,54	3,14	3,37
CV(b)(%)		3,44	3,11	0,96	0,69	0,66	0,72
CV(c)(%)		5,92	6,12	5,88	5,75	3,93	3,84

⁽¹⁾ Q.M.(10⁴); ⁽²⁾ Q.M.(10²); ** p < 0,01; * p < 0,05; ^{ns} p > 0,05.

Tabela 6 - Resumo das Análises Conjuntas da Variância, ao nível de média de plantas, de Fileiras por Espiga (fileiras/espiga), Sementes por Fileira por Espiga (sementes/fileira/espiga) e Índice de Prolificidade (espigas/planta), nas populações BR-105 e BR-106.

Q.M.							
F.V.	GL	Fileiras por Espiga ⁽²⁾		Sementes por Fileira por Espiga ⁽²⁾		Índice de Prolificidade ⁽¹⁾	
		BR-105	BR-106	BR-105	BR-106	BR-105	BR-106
Ambiente (A)	3	644,52 ^{ns}	7.923,60**	27.044,43*	147.025,86**	38.921,17**	30.472,27*
Bloco/A	4	381,70 ^{ns}	306,19 ^{ns}	3.852,29 ^{ns}	1.645,87 ^{ns}	734,66 ^{ns}	2.462,38 ^{ns}
Genótipo (G)	99	1.220,42**	1.350,95**	5.904,71**	6.171,85**	960,29**	782,62**
G x A	297	83,03 ^{ns}	94,71 ^{ns}	902,64 ^{ns}	1.231,72 ^{ns}	316,33 ^{ns}	332,27 ^{ns}
Erro (a)	396	90,38	99,15	1.121,95	1.148,84	279,74	311,57
Tipo (T)	2	5.305,40**	12.016,77**	1.095.784,72**	1.135.961,51**	44.684,44**	28.147,25*
T x A	6	214,76 ^{ns}	709,36*	2.012,43 ^{ns}	7.355,98**	3.329,89**	3.050,63*
Erro (b)	8	136,02	165,47	1.343,91	1.043,48	326,39	801,19
T x G	198	331,60**	214,61**	2.981,63**	2.490,66**	504,44**	326,69*
T x G x A	594	71,37 ^{ns}	76,01**	599,59 ^{ns}	868,52**	226,63 ^{ns}	252,12*
Erro (c)	792	63,20	58,55	607,15	665,96	221,75	221,70
Média		14,23	13,44	32,35	32,54	0,95	0,96
CV(a)(%)		3,86	4,28	5,98	6,01	10,15	10,63
CV(b)(%)		0,82	0,96	0,13	0,99	1,90	2,95
CV(c)(%)		5,59	5,69	7,62	7,93	15,66	15,53

(1) Q.M.(10⁴); (2) Q.M.(10²); ** p < 0,01; * p < 0,05; ns p > 0,05.

Tabela 7 - Resumo das Análises Conjuntas da Variância, ao nível de média de plantas, do Peso de Espigas (gramas/plantas), das progêneses S₁, Meios Irmãos Intra e interpopulacional, das populações BR-105 e BR-106.

F.V.	GL	O.M.			
		BR-105		BR-106	
		S ₁	MI Intra	MI Inter	MI Inter
Ambiente (A)	3	86.279,94**	105.820,94**	104.501,57**	90.408,22**
Bloco/A	4	1.652,22**	1.930,66**	2.414,75**	652,70 ^{ns}
Progênie (P)	99	2.877,35**	1.270,12**	1.590,07**	2.776,80**
P x A	297	359,54*	385,50 ^{ns}	545,39 ^{ns}	510,88**
Resíduo médio	324	297,54	379,24	473,29	389,09
Média (gramas/planta)		90,53	136,71	154,29	94,97
CV (%)		19,05	14,24	14,10	20,77
** p < 0,01; * p < 0,05; ^{ns} p > 0,05.					
					148,97
					14,79
					14,01

Tabela 8 - Resumo das Análises Conjuntas da Variância, ao nível de média de plantas, da Altura da Planta (cm/planta), das progêneses S₁, Meios Irmãos Intra e interpopulacional, das populações BR-105 e BR-106.

F.V.	GL	O.M.			
		BR-105		BR-106	
		S ₁	MI Intra	MI Inter	MI Inter
Ambiente (A)	3	7.936,31 ^{ns}	9.022,70*	26.500,90 ^{ns}	52.756,73**
Bloco/A	4	9.306,72**	1.350,53**	6.827,51**	756,30**
Progênie (P)	99	922,32**	477,61**	423,25**	771,11**
P x A	297	119,55 ^{ns}	106,12 ^{ns}	80,61 ^{ns}	182,31 ^{ns}
Resíduo médio	324	130,07	108,69	99,40	164,35
Média (cm/planta)		172,95	200,38	201,99	174,69
CV(%)		6,59	5,20	4,94	7,34
** p < 0,01; * p < 0,05; ^{ns} p > 0,05.					
					193,62
					5,71
					5,79

Tabela 9 - Resumo das Análises Conjuntas da Variância, ao nível de média de plantas, da Altura da Espiga (cm/planta), das progêneses S₁, Meios Irmãos Intra e Interpopulacional, das populações BR-105 e BR-106.

F.V.	GL	Q.M.					
		BR-105			BR-106		
		S ₁	MI Intra	MI Inter	S ₁	MI Intra	MI Inter
Ambiente (A)	3	8.630,32*	14.162,65**	17.675,13**	49.742,62**	41.522,39*	39.274,84**
Bloco/A	4	1.066,36**	654,99**	490,59**	289,64**	2.435,04**	730,02**
Progênie (P)	99	538,71**	313,75**	280,85**	305,17**	221,09**	169,10**
P x A	297	60,27 ^{ns}	58,84 ^{ns}	61,69 ^{ns}	82,28*	73,01 ^{ns}	71,44*
Resíduo médio	324	69,02	63,57	61,89	64,43	66,55	57,72
Média (cm/planta)		86,63	101,37	101,47	84,73	100,57	102,21
CV(%)		9,59	7,86	7,75	9,47	8,11	7,43

** p < 0,01; * p < 0,05; ^{ns} p > 0,05.

Tabela 10 - Resumo das Análises Conjuntas da Variância, ao nível de média de plantas, do quociente da Altura da Espiga pela Altura da Planta, das progêneses S₁, Meios Irmãos Intra e Interpopulacional, das populações BR-105 e BR-106.

F.V.	GL	Q.M.(10 ⁴) ⁽¹⁾					
		BR-105			BR-106		
		S ₁	MI Intra	MI Inter	S ₁	MI Intra	MI Inter
Ambiente (A)	3	1.010,40 ^{ns}	1.576,02*	1.322,55 ^{ns}	4.112,14**	2.386,02 ^{ns}	1.431,47**
Bloco/A	4	557,97**	130,62**	207,32**	132,68**	515,64**	35,61**
Progênie (P)	99	54,15**	24,55**	26,66**	31,06**	25,67**	17,47**
P x A	297	10,41 ^{ns}	8,06 ^{ns}	8,77*	16,29**	10,00 ^{ns}	8,53**
Resíduo médio	324	12,96	8,04	7,12	10,10	8,36	6,47
Média		0,50	0,51	0,50	0,48	0,52	0,52
CV(%)		7,19	5,61	5,32	6,59	5,59	4,89

** p < 0,01; * p < 0,05; ^{ns} p > 0,05; ⁽¹⁾ os Q.M. estão multiplicados por (10⁴).

Tabela 11 - Resumo das Análises Conjuntas da Variância, ao nível de média de plantas, do Comprimento da Espiga (cm/espiga), das progêneses S₁, Meios Irmãos Intra e Interpopulacional, das populações BR-105 e BR-106.

F.V.	GL	Q.M.(10 ²) (1)			
		BR-105		BR-106	
		S ₁	MI Intra	MI Inter	MI Inter
Ambiente (A)	3	3.693,16**	2.406,65*	3.092,61*	14.257,23**
Bloco/A	4	204,57 ^{ns}	367,12**	384,90**	4.601,86**
Progênie (P)	99	1.228,16**	350,77**	328,97**	276,29**
P x A	297	114,27 ^{ns}	89,51 ^{ns}	96,32 ^{ns}	296,81**
Resíduo médio	324	106,88	95,75	96,12	109,41**
Média		14,15	15,77	15,78	83,64
CV(%)		7,31	6,20	6,21	13,18
					15,18
					5,70
					6,14

** p < 0,01; * p < 0,05; ^{ns} p > 0,05; (1) os Q.M. estão multiplicados por (10²).

Tabela 12 - Resumo das Análises Conjuntas da Variância, ao nível de média de plantas, do Diâmetro da Espiga (cm/espiga), das progêneses S₁, Meios Irmãos Intra e Interpopulacional, das populações BR-105 e BR-106.

F.V.	GL	Q.M.(10 ²) (1)			
		BR-105		BR-106	
		S ₁	MI Intra	MI Inter	MI Inter
Ambiente (A)	3	228,66*	92,08**	122,21**	424,98**
Bloco/A	4	26,80**	7,44 ^{ns}	6,18 ^{ns}	7,83 ^{ns}
Progênie (P)	99	53,57**	19,71**	21,42**	54,62**
P x A	297	4,12 ^{ns}	3,75 ^{ns}	3,65 ^{ns}	6,14**
Resíduo médio	324	4,28	3,73	3,26	3,99
Média (cm/espiga)		4,15	4,46	4,71	4,31
CV(%)		4,98	4,33	3,84	4,63
					3,96
					3,58
					4,69
					4,03

** p < 0,01; * p < 0,05; ^{ns} p > 0,05; (1) os Q.M. estão multiplicados por (10²).

Tabela 13 - Resumo das Análises Conjuntas da Variância, ao nível de média de plantas, de Fileiras por Espiga (fileiras/espiga), das progêneses S₁, Meios Irmãos Intra e Interpopulacional, das populações BR-105 e BR-106.

F.V.	GL	Q.M.(10 ²) (1)					
		BR-105			BR-106		
		S ₁	MI Intra	MI Inter	S ₁	MI Intra	MI Inter
Ambiente (A)	3	602,84 ^{ns}	48,34 ^{ns}	422,85 ^{ns}	2.661,92 ^{**}	1.004,59 ^{ns}	5.675,81 ^{**}
Bloco/A	4	319,16 ^{**}	233,10 [*]	101,48 ^{ns}	228,22 [*]	370,09 ^{**}	38,83 ^{ns}
Progénie (P)	99	1.044,44 ^{**}	423,18 ^{**}	415,99 ^{**}	1.069,73 ^{**}	357,74 ^{**}	352,71 ^{**}
P x A	297	91,25 [*]	73,42 ^{ns}	61,11 ^{ns}	97,25 ^{**}	76,13 [*]	73,34 ^{ns}
Resíduo médio	324	73,70	70,14	68,25	72,00	58,47	66,33
Média		13,95	14,46	14,30	12,99	13,65	13,68
CV(%)		6,15	5,79	5,78	6,53	5,60	5,96

** p < 0,01; * p < 0,05; ^{ns} p > 0,05; (1) os Q.M. estão multiplicados por (10²).

Tabela 14 - Resumo das Análises Conjuntas da Variância, ao nível de média de plantas, de Sementes por Fileira por Espiga (sementes/fileira/espiga), das progêneses S₁, Meios Irmãos Intra e Interpopulacional, das populações BR-105 e BR-106.

F.V.	GL	Q.M.(10 ²) (1)					
		BR-105			BR-106		
		S ₁	MI Intra	MI Inter	S ₁	MI Intra	MI Inter
Ambiente (A)	3	17.847,17 [*]	5.189,12	8.033,00 ^{**}	83.779,22 ^{**}	29.447,87 ^{**}	48.510,73 ^{**}
Bloco/A	4	2.856,25 ^{**}	2.908,66 ^{**}	775,20 ^{ns}	773,22 ^{ns}	1.472,65 ^{ns}	1.486,97 ^{ns}
Progénie (P)	99	7.702,01 ^{**}	1.984,49 ^{**}	2.181,47 ^{**}	7.656,77 ^{**}	1.793,08 ^{**}	1.703,33 ^{**}
P x A	297	818,74 ^{ns}	553,79 ^{ns}	729,29 ^{ns}	1.264,71 ^{**}	774,27 ^{**}	929,78 ^{**}
Resíduo médio	324	784,97	662,03	725,86	910,36	639,60	712,93
Média		28,20	33,55	35,30	28,19	34,71	34,73
CV(%)		9,94	7,67	7,63	10,70	7,29	7,69

** p < 0,01; * p < 0,05; ^{ns} p > 0,05; (1) os Q.M. estão multiplicados por (10²).

Tabela 17 - Resumo da Análise Conjunta da Covariância, ao nível de média de plantas, da Altura da Planta (cm/planta), entre três tipo de progênies (S₁, Meios Irmãos Intra e Interpopulacional) das populações BR-105 e BR-106.

F.C.	GL	P.M.					
		BR-105			BR-106		
		S ₁ ,MI-Intra	S ₁ ,MI-Inter	MI Intra, Inter	S ₁ ,MI-Intra	S ₁ ,MI-Inter	MI Intra, Inter
Ambiente (A)	3	7.507,97	13.092,94	11.362,31	56.274,70	5.957,27	62.014,54
Bloco/A	4	2.079,28	6.505,15	2.356,45	242,48	-1.057,92	-445,18
Progênie (P)	99	324,65	103,22	205,90	292,53	291,04	207,27
P x A	297	19,12	16,01	13,07	10,14	29,63	24,26
Resíduo médio	324	24,79	23,91	23,78	24,64	26,75	35,02

Tabela 18 - Resumo da Análise Conjunta da Covariância, ao nível de média de plantas, da Altura da Espiga (cm/planta), entre três tipo de progênies (S₁, Meios Irmãos Intra e Interpopulacional) das populações BR-105 e BR-106.

F.C.	GL	P.M.					
		BR-105			BR-106		
		S ₁ ,MI-Intra	S ₁ ,MI-Inter	MI Intra, Inter	S ₁ ,MI-Intra	S ₁ ,MI-Inter	MI Intra, Inter
Ambiente (A)	3	8.606,77	8.544,62	15.690,92	42.521,44	42.810,73	39.956,60
Bloco/A	4	430,49	-36,32	147,22	-573,16	-375,19	622,24
Progênie (P)	99	182,61	213,46	136,15	125,12	118,40	134,70
P x A	297	6,87	12,84	9,49	6,98	16,37	10,35
Resíduo médio	324	12,09	15,05	17,14	9,91	14,75	17,35

Tabela 19 - Resumo da Análise Conjunta da Covariância, ao nível de média de plantas, do quociente da Altura da Espiga pela Altura da Planta, entre três tipo de progênies (S_1 , Meios Irmãos Intra e Interpopulacional) das populações BR-105 e BR-106.

P.M.(10 ⁴) (1)											
		BR-105				BR-106					
F.C.	GL	S ₁	MI-Intra	S ₁	MI-Inter	MI Intra, Inter	S ₁	MI-Intra	S ₁	MI-Inter	MI Intra, Inter
Ambiente (A)	3	865,25		910,35		1.241,04	1.746,41		2.012,57		1.239,26
Bloco/A	4	-95,33		200,11		-107,47	-71,80		-42,04		51,39
Progénie (P)	99	13,27		15,83		9,87	13,33		10,35		14,48
P x A	297	0,32		-0,11		0,34	0,13		2,06		0,78
Resíduo médio	324	0,89		1,23		1,85	0,09		0,73		0,63

(1) Os P.M. estão multiplicados por (10⁴).

(1) Os P.M. estão multiplicados por (10⁴).

Tabela 20 - Resumo da Análise Conjunta da Covariância, ao nível de média de plantas, do Comprimento da Espiga (cm/espiga), entre três tipo de progênies (S_1 , Meios Irmãos Intra e Interpopulacional) das populações BR-105 e BR-106.

		P.M.(10 ²) (1)									
		BR-105					BR-106				
F.C.	GL	S _J ,MI-Intra	S _J ,MI-Inter	MI Intra, Inter	S _J ,MI-Intra	S _J ,MI-Inter	MI Intra, Inter	S _J ,MI-Intra	S _J ,MI-Inter	MI Intra, Inter	
Ambiente (A)	3	2.423,92	3.374,95	2.248,33	6.754,23	14.661,02	8.287,78				
Bloco/A	4	39,73	-59,02	337,66	94,90	34,10	203,87				
Progénie (P)	99	265,23	179,01	177,53	306,68	300,72	229,16				
P x A	297	19,69	22,47	7,28	14,40	19,29	5,25				
Resíduo médio	324	15,78	23,75	24,09	9,19	9,50	18,13				

(1) Os P.M. estão multiplicados por (10²).

(1) Os P.M. estão multiplicados por (10²).

Tabela 21 - Resumo da Análise Conjunta da Covariância, ao nível de média de plantas, do Diâmetro da Espiga (cm/espiga), entre três tipo de progênie (S₁, Meios Irmãos Intra e Interpopulacional) das populações BR-105 e BR-106.

F.C.	GL	P.M.(10 ²) (1)					
		BR-105			BR-106		
		S ₁ ,MI-Intra	S ₁ ,MI-Inter	MI Intra, Inter	S ₁ ,MI-Intra	S ₁ ,MI-Inter	MI Intra, Inter
Ambiente (A)	3	143,73	164,17	100,88	321,77	308,18	233,78
Bloco/A	4	3,05	9,33	2,15	12,34	5,47	28,34
Progênie (P)	99	0,00	7,33	11,61	18,50	16,27	11,01
P x A	297	0,38	0,34	1,03	1,20	0,38	0,56
Resíduo médio	324	0,93	0,60	0,34	0,55	0,62	0,64

(1) Os P.M. estão multiplicados por (10²).

Tabela 22 - Resumo da Análise Conjunta da Covariância, ao nível de média de plantas, de Fileiras por Espiga (fileiras/espiga), entre três tipo de progênie (S₁, Meios Irmãos Intra e Interpopulacional) das populações BR-105 e BR-106.

F.C.	GL	P.M.(10 ²) (1)					
		BR-105			BR-106		
		S ₁ ,MI-Intra	S ₁ ,MI-Inter	MI Intra, Inter	S ₁ ,MI-Intra	S ₁ ,MI-Inter	MI Intra, Inter
Ambiente (A)	3	39,80	308,59	81,37	1.357,14	3.559,38	2.297,71
Bloco/A	4	137,77	4,85	103,07	3,87	20,40	116,45
Progênie (P)	99	344,26	304,12	234,92	420,41	438,36	275,14
P x A	297	7,69	-0,96	3,31	6,02	8,44	1,79
Resíduo médio	324	9,93	4,25	8,13	5,36	6,11	6,24

(1) Os P.M. estão multiplicados por (10²).

Tabela 23 - Resumo da Análise Conjunta da Covariância, ao nível de média de plantas, de Sementes por Fileira por Espiga (sementes/fileira/espiga), entre três tipo de progênes (S₁, Meios Irmãos Intra e Interpopulacional) das populações BR-105 e BR-106.

F.C.	GL	P.M.(10 ²) (1)					
		BR-105			BR-106		
		S ₁ ,MI-Intra	S ₁ ,MI-Inter	MI Intra, Inter	S ₁ ,MI-Intra	S ₁ ,MI-Inter	MI Intra, Inter
Ambiente (A)	3	8.844,96	11.171,31	5.015,71	46.415,78	56.326,19	36.928,94
Bloco/A	4	900,67	172,45	1.435,27	-427,14	-406,18	1.435,63
Progênie (P)	99	680,05	980,89	1.144,94	1.148,73	1.303,79	1.311,27
P x A	297	62,38	189,48	51,11	135,12	136,95	96,60
Resíduo médio	324	128,46	98,29	183,33	35,77	87,86	101,43

(1) Os P.M. estão multiplicados por (10²).

Tabela 24 - Resumo da Análise Conjunta da Covariância, ao nível de média de plantas, do Índice de Prolifidade (espigas/planta), entre três tipo de progênes (S₁, Meios Irmãos Intra e Interpopulacional) das populações BR-105 e BR-106.

F.C.	GL	P.M.(10 ⁴) (1)					
		BR-105			BR-106		
		S ₁ ,MI-Intra	S ₁ ,MI-Inter	MI Intra, Inter	S ₁ ,MI-Intra	S ₁ ,MI-Inter	MI Intra, Inter
Ambiente (A)	3	18.388,94	10.272,07	6.930,25	11.527,30	10.569,11	5.325,26
Bloco/A	4	170,88	5,82	231,57	817,91	145,18	698,10
Progênie (P)	99	88,38	106,70	191,78	144,17	214,73	115,62
P x A	297	19,51	17,33	33,69	11,90	2,72	47,00
Resíduo médio	324	-3,70	33,28	12,74	32,29	28,22	22,53

(1) Os P.M. estão multiplicados por (10⁴).

Tabela 25 - Médias com seus Intervalos de Variação (IV), Depressão por Endogamia e Heterose, dos caracteres Peso de Espigas, Altura da Planta, Altura da Espiga, para as progênies S1, Meios Irmãos (MI) Intra e Interpopulacional das populações BR-105 e BR-106.

		Peso de Espigas (gramas/planta)	Altura da Planta (cm/planta)	Altura da Espiga (cm/planta)
BR-105	S1	39,20 – 144,68	143,98 – 207,40	65,82 – 108,36
	IV	90,53 (0,67%)	172,96 (0,23%)	86,64 (0,34%)
	Média			
	MI	105,53 – 168,45	176,39 – 222,25	83,13 – 118,96
	IV	136,71 (0,50%)	200,38 (0,18%)	101,37 (0,28%)
	Média			
	$\mu + \alpha$	44,34 (32,44%)	145,53 (72,63%)	71,90 (70,92%)
	δ	92,37 (67,56%)	54,84 (27,37%)	29,48 (29,08%)
	Depressão por Endogamia	46,18 (33,78%)	27,42 (13,69%)	14,74 (14,54%)
BR-106	S1	58,61 – 159,37	147,81 – 193,56	66,32 – 97,98
	IV	94,97 (0,73%)	174,69 (0,26%)	84,73 (0,33%)
	Média			
	MI	120,58 – 185,97	180,50 – 209,01	87,79 – 111,68
	IV	148,10 (0,52%)	193,62 (0,20%)	100,57 (0,29%)
	Média			
	$\mu + \alpha$	41,83 (28,25%)	155,76 (80,45%)	68,90 (68,51%)
	δ	106,26 (71,25%)	37,86 (19,55%)	31,67 (31,49%)
	Depressão por Endogamia	53,13 (35,88%)	18,93 (9,78%)	15,84 (15,75%)
BR-105xBR-106 (a)	IV	111,55 – 191,28	177,74 – 223,50	85,35 – 118,69
	Média	154,29 (0,50%)	201,99 (0,17%)	101,47 (0,27%)
BR-106xBR-105 (b)	IV	119,64 – 184,61	176,07 – 211,15	92,24 – 112,76
	Média	148,97 (0,50%)	196,19 (0,20%)	102,21 (0,26%)
(a + b)/2		151,63	199,09	101,84
Heterose	Média	9,23 (6,48%)	2,09 (1,06%)	0,87 (0,86%)
	Pai Superior	3,54 (2,39%)	-1,29 (-0,64%)	0,47 (0,46%)

Valores entre parênteses para as médias indicam desvio padrão percentual;

$\mu + \alpha$: média das linhagens totalmente endogâmicas; δ : contribuição dos locos em heterozigose na população;

(a) BR-105 utilizada como Fêmea; (b) BR-106 utilizada como Fêmea.

Tabela 26 - Médias com seus Intervalos de Variação, Depressão por Endogamia e Heterose, dos os caracteres Altura da Espiga pela Altura da Planta, Comprimento da Espiga e Diâmetro da Espiga, das progênes S1, Meios Irmãos (MI) Intra e Interpopulacional das populações BR-105 e BR-106.

		Altura da Espiga pela Altura da Planta ⁽¹⁾	Comprimento da Espiga (cm/espiga)	Diâmetro da Espiga (cm/espiga)
BR-105	S1	43,83 – 56,09	11,12 – 16,63	3,37 – 4,67
	IV	50,07 (0,25%)	14,15 (0,26%)	4,15 (0,18%)
	Média			
	MI	45,72 – 54,74	14,22 – 17,36	4,03 – 4,78
	IV	50,53 (0,20%)	15,77 (0,22%)	4,46 (0,15%)
	Média			
	$\mu + \alpha$	49,61 (98,18%)	12,53 (79,42%)	3,85 (86,35%)
	δ	0,92 (1,82%)	3,25 (20,58%)	0,61 (13,65%)
Depressão por Endogamia				
BR-106	S1	0,46 (0,91%)	1,62 (10,29%)	0,30 (6,83%)
	IV	42,15 – 52,97	9,74 – 15,55	3,68 – 5,14
	Média	48,23 (0,23%)	13,18 (0,25%)	4,31 (0,16%)
	MI	47,22 – 55,78	13,72 – 16,60	4,41 – 5,05
	IV	51,77 (0,20%)	15,18 (0,20%)	4,73 (0,14%)
	Média			
	$\mu + \alpha$	44,69 (86,23%)	11,18 (73,63%)	3,90 (82,52%)
	δ	7,08 (13,67%)	4,00 (26,37%)	0,83 (17,48%)
Depressão por Endogamia				
BR-105xBR-106 (a)	IV	3,54 (6,84%)	2,00 (13,18%)	0,41 (8,74%)
	Média	46,24 – 53,83	14,38 – 17,09	4,25 – 4,99
		50,15 (0,19%)	15,78 (0,22%)	4,71 (0,14%)
	IV	47,96 – 55,61	13,58 – 16,76	4,32 – 4,99
BR-106xBR-105 (b)	IV	51,97 (0,17%)	15,32 (0,22%)	4,69 (0,14%)
	Média	51,06	15,55	4,70
(a + b)/2				
Heterose	Média	-0,09 (-0,18%)	0,07 (0,47%)	0,11 (2,35%)
	Superior	-0,71 (-1,37%)	-0,22 (-1,42%)	-0,03 (-0,55%)

⁽¹⁾ Estimativas multiplicadas por 100;

Valores entre parênteses para as médias indicam desvio padrão percentual;

$\mu + \alpha$: média das linhagens totalmente endogâmicas; δ : contribuição dos locos em heterozigose na população;

(a) BR-105 utilizada como Fêmea; (b) BR-106 utilizada como Fêmea.

Tabela 27 - Médias com seus Intervalos de Variação, Depressão por Endogamia e Heterose, dos caracteres Fileiras por Espiga, Sementes por Fileiras por Espiga e Índice de Prolificidade, das progênes S1, Meios Irmãos (MI) Intra e Interpopulacional das populações BR-105 e BR-106.

		Fileiras por Espiga		Sementes por Fileira por Espiga		Índice de Prolificidade	
		(fileiras/espiga)		(sementes/fileira/espiga)		(espigas/planta) ⁽¹⁾	
BR-105	S1	IV		IV		IV	
		Média		Média		Média	
		10,85 – 16,83		21,57 – 35,14		47,62 – 109,70	
MI		13,95 (0,22%)		28,19 (0,35%)		86,48 (0,71%)	
	IV	12,98 – 16,46		29,71 – 37,67		75,91 – 125,08	
	Média	14,45 (0,20%)		33,55 (0,27%)		99,37 (0,53%)	
	$\mu + \alpha$	13,45 (93,04%)		22,84 (68,08%)		73,60 (74,06%)	
	δ	1,01 (6,96%)		10,71 (31,92%)		25,77 (25,94%)	
Depressão por Endogamia		0,50 (3,48%)		5,35 (15,96%)		12,89 (12,97%)	
BR-106	S1	IV		IV		IV	
		Média		Média		Média	
		10,90 – 17,55		19,12 – 36,11		64,37 – 112,57	
MI		12,99 (0,23%)		28,19 (0,38%)		89,05 (0,74%)	
	IV	12,33 – 15,50		29,13 – 38,04		86,17 – 118,18	
	Média	13,65 (0,20%)		34,71 (0,26%)		98,92 (0,49%)	
	$\mu + \alpha$	12,33 (90,34%)		21,68 (62,45%)		79,19 (80,06%)	
	δ	1,32 (9,66%)		13,03 (37,55%)		19,73 (19,94%)	
Depressão por Endogamia		0,66 (4,83%)		6,52 (18,77%)		9,86 (9,97%)	
BR-105xBR-106 (a)	IV	12,01 – 17,29		31,96 – 38,20		84,39 – 118,11	
	Média	14,30 (0,20%)		35,30 (0,27%)		99,49 (0,46%)	
	IV	12,42 – 15,76		30,50 – 37,90		82,50 – 114,05	
BR-106xBR-105 (b)		13,68 (0,21%)		34,73 (0,27%)		99,69 (0,48%)	
	Média	13,99		35,01		99,59	
(a + b)/2		-0,07 (-0,48%)		0,89 (2,59%)		0,45 (0,45%)	
Heterose		-0,47 (-3,24%)		0,31 (0,88%)		0,22 (0,22%)	

(1) Estimativas multiplicadas por 100;

Valores entre parênteses para as médias indicam desvio padrão percentual;

$\mu + \alpha$: média das linhagens totalmente endogâmicas; δ : contribuição dos locos em heterozigose na população;

(a) BR-105 utilizada como Fêmea; (b) BR-106 utilizada como Fêmea.

Tabela 28 - Estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos, do Peso de Espigas (gramas/planta), das progênies S₁, Meios Irmãos Intra e Interpopulacional, da população BR-105.

parâmetro	S ₁	MI Intrapopulacional	MI Interpopulacional
$\hat{\sigma}_p^2$	314,73 [235,37-448,31]	110,58 [77,34-176,69]	130,59 [88,67-212,96]
$\hat{\sigma}_{pa}^2$	31,00 [13,10-202,29]	3,13 [0,03-132,59]	36,05 [11,84-512,93]
$\hat{\sigma}_e^2$	297,54 [256,56-349,25]	379,24 [327,00-445,14]	473,29 [408,10-555,55]
$\hat{\sigma}_F^2$	359,67 [326,72-397,90]	158,77 [144,22-175,64]	198,76 [180,55-219,89]
$\hat{h}^2$	0,88 [0,83-0,91]	0,70 [0,58-0,78]	0,66 [0,52-0,75]
parâmetro	S ₁ , MI Intrapopulacional	S ₁ , MI Interpopulacional	MI Intra, MI Interpopulacional
Côv _p	33,55 [23,93-52,00]	47,99 [36,03-68,93]	66,37 [47,62-100,55]
Côv _{pa}	14,74 [8,83-32,58]	-20,14 [(-33,76)-(-13,90)]	8,34 [2,86-14.616,37]
Côv _e	66,04 [56,94-77,51]	96,75 [83,42-113,57]	149,43 [128,85-175,40]

Obs: valores entre parenteses indicam o intervalo de confiança ao nível de 95% de probabilidade;

$\hat{\sigma}_p^2$, $\hat{\sigma}_{pa}^2$, $\hat{\sigma}_e^2$, $\hat{\sigma}_F^2$, $\hat{h}^2$, Côv_p , Côv_{pa} e Côv_e definidos anteriormente.

Tabela 29 - Estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos, da Altura da Planta (cm/planta), das progênes S₁, Meios Irmãos Intra e Interpopulacional, da população BR-105.

parâmetro	S ₁	MI Intrapopulacional	MI Interpopulacional
$\hat{\sigma}_p^2$	100,35 [75,08-143,64]	46,44 [33,81-70,44]	42,83 [31,20-62,72]
$\hat{\sigma}_{pa}^2$	-5,26 [(-5.908,79)-(-1,16)]	-1,28 [(-115,73)-(-0,02)]	-9,40 [(-51,23)-(-4,39)]
$\hat{\sigma}_e^2$	88,70 [71,62-112,96]	60,85 [47,20-82,62]	56,83 [44,44-76,93]
$\hat{\sigma}_F^2$	115,29 [104,73-127,54]	59,70 [54,23-66,05]	52,91 [48,06-58,53]
$\hat{h}^2$	0,87 [0,82-0,90]	0,78 [0,69-0,84]	0,81 [0,73-0,86]
parâmetro	S ₁ , MI Intrapopulacional	S ₁ , MI Interpopulacional	MI Intra, MI Interpopulacional
Côv _p	38,19 [29,16-53,02]	10,90 [8,04-15,67]	24,10 [18,41-33,58]
Côv _{pa}	-2,84 [(-8,99)-(-1,43)]	-3,95 [(-8,03)-(-2,47)]	-5,36 [(-8,39)-(-3,77)]
Côv _e	24,80 [21,40-29,13]	23,94 [20,68-28,15]	23,78 [20,51-27,91]

Obs: valores entre parenteses indicam o intervalo de confiança ao nível de 95% de probabilidade;

$\hat{\sigma}_p^2$, $\hat{\sigma}_{pa}^2$, $\hat{\sigma}_e^2$, $\hat{\sigma}_F^2$, $\hat{h}^2$, Côv_p , Côv_{pa} e Côv_e definidos anteriormente.

Tabela 30 - Estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos, da Altura da Espiga (cm/planta), das progênes S_1 , Meios Irmãos Intra e Interpopulacional, da população BR-105.

parâmetro	S_1	MI Intrapopulacional	MI Interpopulacional
$\hat{\sigma}_p^2$	59,81 [45,08-85,14]	31,86 [23,39-47,01]	27,40 [19,79-40,98]
$\hat{\sigma}_{pa}^2$	-4,38 [(-246,28)-(-1,69)]	-2,36 [(-2.226,91)-(-0,44)]	-0,10 [(-0,17)-(0,00)]
$\hat{\sigma}_e^2$	43,79 [34,95-57,15]	34,08 [26,05-46,72]	33,03 [25,23-45,41]
$\hat{\sigma}_F^2$	67,34 [61,17-74,50]	39,22 [35,63-43,39]	35,11 [31,89-38,84]
$\hat{h}^2$	0,89 [0,84-0,92]	0,81 [0,74-0,86]	0,78 [0,69-0,83]
parâmetro	S_1 , MI Intrapopulacional	S_1 , MI Interpopulacional	MI Intra, MI Interpopulacional
$C\hat{ov}_p$	21,97 [16,88-30,27]	25,08 [19,10-34,72]	15,83 [12,05-22,06]
$C\hat{ov}_{pa}$	-2,61 [(-4,21)-(-1,81)]	-1,10 [(-19,75)-(-0,46)]	-3,82 [(-6,02)-(-2,68)]
$C\hat{ov}_e$	12,09 [10,42-14,19]	15,05 [13,00-17,69]	17,14 [14,78-20,12]

Obs: valores entre parenteses indicam o intervalo de confiança ao nível de 95% de probabilidade;

$\hat{\sigma}_p^2$, $\hat{\sigma}_{pa}^2$, $\hat{\sigma}_e^2$, $\hat{\sigma}_F^2$, $\hat{h}^2$, $C\hat{ov}_p$, $C\hat{ov}_{pa}$ e $C\hat{ov}_e$ definidos anteriormente.

Tabela 31 - Estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos, do quociente Altura da Espiga pela Altura da Planta, das progênes S_1 , Meios Irmãos Intra e Interpopulacional, da população BR-105.

parâmetro	S_1	MI Intrapopulacional	MI Interpopulacional
$\hat{\sigma}_p^2$	5,47 [4,02-8,12]	2,06 [1,41-3,32]	2,24 [1,53-3,59]
$\hat{\sigma}_{pa}^2$	-1,28 [(-5,58)-(-0,59)]	0,01 [0,00-0,02]	0,83 [0,38-4,40]
$\hat{\sigma}_e^2$	6,80 [5,17-9,40]	2,80 [1,89-4,75]	2,16 [1,39-4,04]
$\hat{\sigma}_F^2$	6,77 [6,15-7,49]	3,07 [2,79-3,39]	3,33 [3,03-3,69]
$\hat{h}^2$	0,81 [0,73-0,86]	0,67 [0,54-0,76]	0,67 [0,54-0,76]
parâmetro	S_1 , MI Intrapopulacional	S_1 , MI Interpopulacional	MI Intra, MI Interpopulacional
$C\hat{ov}_p$	1,62 [1,24-2,21]	1,99 [1,54-2,69]	1,19 [0,91-1,63]
$C\hat{ov}_{pa}$	-0,28 [(-0,37)-(-0,22)]	-0,67 [(-0,78)-(-0,58)]	-0,76 [(-0,93)-(-0,63)]
$C\hat{ov}_e$	0,89 [0,77-1,04]	1,23 [1,06-1,45]	1,85 [1,60-2,18]

Obs: as estimativas estão multiplicadas por 10^4 ;

valores entre parênteses indicam o intervalo de confiança ao nível de 95% de probabilidade;

$\hat{\sigma}_p^2$, $\hat{\sigma}_{pa}^2$, $\hat{\sigma}_e^2$, $\hat{\sigma}_F^2$, $\hat{h}^2$, $C\hat{ov}_p$, $C\hat{ov}_{pa}$ e $C\hat{ov}_e$ definidos anteriormente.

Tabela 32 - Estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos, do Comprimento da Espiga (cm/espiga), das progênes S_1 , Meios Irmãos Intra e Interpopulacional, da população BR-105.

parâmetro	S_1	MI Intrapopulacional	MI Interpopulacional
$\hat{\sigma}_p^2$	139,24 [104,90-194,94]	32,66 [23,41-50,48]	29,08 [20,28-45,52]
$\hat{\sigma}_{pa}^2$	3,69 [0,51-2.592,69]	-3,12 [(-2.239,40)-(-0,44)]	0,10 [0,00-0,07]
$\hat{\sigma}_e^2$	59,37 [45,71-80,26]	52,40 [40,22-71,24]	56,24 [43,87-74,79]
$\hat{\sigma}_F^2$	153,52 [139,45-169,84]	43,85 [39,83-48,51]	41,12 [37,35-45,49]
$\hat{h}^2$	0,91 [0,87-0,93]	0,74 [0,64-0,81]	0,71 [0,59-0,79]
parâmetro	S_1 , MI Intrapopulacional	S_1 , MI Interpopulacional	MI Intra, MI Interpopulacional
$Côv_p$	30,69 [23,37-42,94]	19,57 [14,61-27,84]	21,28 [16,39-29,50]
$Côv_{pa}$	1,95 [0,89-8,48]	-0,64 [(-312,05)-(-0,06)]	-8,41 [(-10,79)-(-6,78)]
$Côv_e$	15,79 [13,61-18,53]	23,75 [20,48-27,88]	24,09 [20,77-28,27]

Obs: as estimativas estão multiplicadas por 10^2 ;

valores entre parenteses indicam o intervalo de confiança ao nível de 95% de probabilidade;

$\hat{\sigma}_p^2$, $\hat{\sigma}_{pa}^2$, $\hat{\sigma}_e^2$, $\hat{\sigma}_F^2$, $\hat{h}^2$, $Côv_p$, $Côv_{pa}$ e $Côv_e$ definidos anteriormente.

Tabela 33 - Estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos, do Diâmetro da Espiga (cm/espiga), das progênes S₁, Meios Irmãos Intra e Interpopulacional, da população BR-105.

parâmetro	S ₁	MI Intrapopulacional	MI Interpopulacional
$\hat{\sigma}_p^2$	6,18 [4,68-8,59]	2,00 [1,45-2,92]	2,22 [1,64-3,24]
$\hat{\sigma}_{pa}^2$	-0,08 [(-15,63)-0,00]	0,01 [0,00-0,08]	0,19 [0,07-370,00]
$\hat{\sigma}_e^2$	2,30 [1,76-3,17]	1,94 [1,49-2,72]	1,33 [0,94-2,05]
$\hat{\sigma}_F^2$	6,70 [6,08-7,41]	2,46 [2,24-2,73]	2,68 [2,43-2,96]
$\hat{h}^2$	0,92 [0,89-0,94]	0,81 [0,73-0,86]	0,83 [0,76-0,88]
parâmetro	S ₁ ,MI Intrapopulacional	S ₁ ,MI Interpopulacional	MI Intra-,MI Interpopulacional
Côv _p	-0,05 [(-0,06)-(-0,04)]	0,87 [0,67-1,20]	1,32 [1,00-1,87]
Côv _{pa}	-0,27 [(-0,38)-(-0,21)]	-0,13 [(-0,21)-(-0,09)]	0,35 [0,27-0,45]
Côv _e	0,93 [0,80-1,09]	0,60 [0,52-0,71]	0,34 [0,29-0,40]

Obs: as estimativas estão multiplicadas por 10²;

valores entre colchetes indicam o intervalo de confiança ao nível de 95% de probabilidade;

$\hat{\sigma}_p^2$, $\hat{\sigma}_{pa}^2$, $\hat{\sigma}_e^2$, $\hat{\sigma}_F^2$, $\hat{h}^2$, Côv_p, Côv_{pa} e Côv_e definidos anteriormente.

Tabela 34 - Estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos, de Fileiras por Espiga (fileiras/espiga), das progênes S₁, Meios Irmãos Intra e Interpopulacional, da população BR-105.

parâmetro	S ₁	MI Intrapopulacional	MI Interpopulacional
$\hat{\sigma}_p^2$	119,15 [89,96-166,54]	43,72 [32,40-64,43]	44,36 [32,99-63,99]
$\hat{\sigma}_{pa}^2$	8,78 [4,18-48,78]	1,64 [0,11-538,78]	-3,57 [(-6.881,48)-(-1,35)]
$\hat{\sigma}_e^2$	17,56 [10,11-40,35]	13,62 [7,12-40,92]	14,31 [7,74-38,24]
$\hat{\sigma}_{\bar{F}}^2$	130,56 [118,59-144,43]	52,90 [48,05-58,52]	52,00 [47,24-57,53]
$\hat{h}^2$	0,91 [0,88-0,94]	0,83 [0,76-0,87]	0,85 [0,79-0,89]
parâmetro	S ₁ ,MI Intrapopulacional	S ₁ ,MI Interpopulacional	MI Intra-,MI Interpopulacional
Côv _p	42,07 [32,44-57,63]	38,13 [29,58-51,79]	28,95 [22,29-39,36]
Côv _{pa}	-1,12 [(-4,11)-(-0,58)]	-2,60 [(-2,98)-(-2,30)]	-2,41 [(-3,28)-(-1,86)]
Côv _e	9,93 [8,57-11,67]	4,25 [3,68-5,00]	8,13 [7,01-9,55]

Obs: as estimativas estão multiplicadas por 10²;

valores entre colchetes indicam o intervalo de confiança ao nível de 95% de probabilidade;

$\hat{\sigma}_p^2$, $\hat{\sigma}_{pa}^2$, $\hat{\sigma}_e^2$, $\hat{\sigma}_{\bar{F}}^2$, $\hat{h}^2$, **Côv_p**, **Côv_{pa}** e **Côv_e** definidos anteriormente.

Tabela 36 - Estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos, do Índice de Prolificidade (espigas/planta), das progênies S_1 , Meios Irmãos Intra e Interpopulacional, da população BR-105.

parâmetro	S_1	MI Intrapopulacional	MI Interpopulacional
$\hat{\sigma}_p^2$	98,02 [68,50-156,48]	38,04 [24,80-69,39]	13,89 [7,01-40,26]
$\hat{\sigma}_{pa}^2$	21,71 [8,29-1.207,34]	1,86 [0,02-79,74]	15,29 [5,71-131,38]
$\hat{\sigma}_e^2$	298,74 [257,59-350,66]	223,16 [192,42-261,94]	169,97 [146,56-199,51]
$\hat{\sigma}_F^2$	140,79 [127,89-155,75]	66,40 [60,31-73,46]	38,96 [35,39-43,10]
$\hat{h}^2$	0,70 [0,57-0,78]	0,57 [0,40-0,69]	0,36 [0,10-0,53]
parâmetro	S_1 , MI Intrapopulacional	S_1 , MI Interpopulacional	MI Intra-, MI Interpopulacional
$C\hat{ov}_p$	8,61 [6,20-12,84]	11,17 [8,30-16,33]	19,76 [14,56-28,96]
$C\hat{ov}_{pa}$	11,61 [10,18-13,41]	-7,98 [(-12,05)-(-5,75)]	10,48 [8,14-14,17]
$C\hat{ov}_e$	-3,70 [(-4,34)-(-3,19)]	33,28 [28,70-39,07]	12,74 [10,99-14,95]

Obs: as estimativas estão multiplicadas por 10^4 ;

valores entre colchetes indicam o intervalo de confiança ao nível de 95% de probabilidade;

$\hat{\sigma}_p^2$, $\hat{\sigma}_{pa}^2$, $\hat{\sigma}_e^2$, $\hat{\sigma}_F^2$, $\hat{h}^2$, $C\hat{ov}_p$, $C\hat{ov}_{pa}$ e $C\hat{ov}_e$ definidos anteriormente.

Tabela 37 - Estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos, do Peso de Espigas (gramas/planta), das progênes S₁, Meios Irmãos Intra e Interpopulacional, da população BR-106.

parâmetro	S ₁	MI Intrapopulacional	MI Interpopulacional
$\hat{\sigma}_p^2$	283,24 [207,04-413,96]	94,02 [60,54-169,39]	70,35 [42,18-150,28]
$\hat{\sigma}_{pa}^2$	60,90 [30,61-175,86]	44,25 [17,30-397,86]	92,81 [53,81-206,13]
$\hat{\sigma}_e^2$	389,09 [335,49-456,71]	479,89 [413,79-563,30]	435,57 [375,57-511,27]
$\hat{\sigma}_F^2$	347,10 [315,30-383,99]	165,07 [149,95-182,62]	148,00 [134,44-163,73]
$\hat{h}^2$	0,82 [0,74-0,87]	0,57 [0,40-0,68]	0,48 [0,27-0,62]
parâmetro	S ₁ , MI Intrapopulacional	S ₁ , MI Interpopulacional	MI Intra, MI Interpopulacional
Côv _p	91,49 [69,58-128,32]	80,39 [59,76-114,32]	73,48 [51,62-113,94]
Côv _{pa}	-29,04 [(-43,81)-(-20,89)]	0,24 [0,00-0,92]	30,37 [16,52-76,65]
Côv _e	121,21 [104,51-142,28]	97,63 [84,18-114,60]	166,64 [143,69-195,61]

Obs: valores entre colchetes indicam o intervalo de confiança ao nível de 95% de probabilidade;

$\hat{\sigma}_p^2$, $\hat{\sigma}_{pa}^2$, $\hat{\sigma}_e^2$, $\hat{\sigma}_F^2$, $\hat{h}^2$, **Côv_p**, **Côv_{pa}** e **Côv_e** definidos anteriormente.

Tabela 38 - Estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos, da Altura da Planta (cm/planta), das progênes S₁, Meios Irmãos Intra e Interpopulacional, da população BR-106.

parâmetro	S ₁	MI Intrapopulacional	MI Interpopulacional
$\hat{\sigma}_p^2$	73,60 [53,08-112,08]	27,33 [18,39-45,72]	23,07 [14,68-42,65]
$\hat{\sigma}_{pa}^2$	8,98 [2,95-15.113,85]	1,59 [0,03-165,07]	10,22 [3,60-156,13]
$\hat{\sigma}_e^2$	122,58 [100,72-152,61]	81,81 [65,94-104,99]	80,98 [64,44-106,00]
$\hat{\sigma}_F^2$	96,39 [87,56-106,63]	43,01 [39,07-47,58]	41,77 [37,94-46,21]
$\hat{h}^2$	0,76 [0,67-0,83]	0,64 [0,49-0,73]	0,55 [0,37-0,67]
parâmetro	S ₁ , MI Intrapopulacional	S ₁ , MI Interpopulacional	MI Intra, MI Interpopulacional
Côv _p	35,30 [27,03-48,33]	32,68 [24,66-46,19]	22,88 [17,23-32,68]
Côv _{pa}	-7,25 [(-9,94)-(-5,60)]	1,44 [0,46-2.356,37]	-5,38 [(-11,27)-(-3,16)]
Côv _e	24,62 [21,25-28,94]	26,72 [23,03-31,37]	35,02 [30,28-41,24]

Obs: valores entre colchetes indicam o intervalo de confiança ao nível de 95% de probabilidade;

$\hat{\sigma}_p^2$, $\hat{\sigma}_{pa}^2$, $\hat{\sigma}_e^2$, $\hat{\sigma}_F^2$, $\hat{h}^2$, $Côv_p$, $Côv_{pa}$ e $Côv_e$ definidos anteriormente.

Tabela 39 - Estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos, da Altura da Espiga (cm/planta), das progêneses S₁, Meios Irmãos Intra e Interpopulacional, da população BR-106.

parâmetro	S ₁	MI Intrapopulacional	MI Interpopulacional
$\hat{\sigma}_p^2$	27,86 [19,78-43,32]	18,51 [12,84-30,51]	12,21 [7,89-21,69]
$\hat{\sigma}_{pa}^2$	8,92 [4,55-36,62]	3,23 [0,85-4.335,39]	6,86 [3,25-37,97]
$\hat{\sigma}_e^2$	41,86 [33,45-54,00]	38,95 [30,39-51,81]	31,04 [23,86-42,79]
$\hat{\sigma}_F^2$	38,15 [34,65-42,20]	27,64 [25,10-30,57]	21,14 [19,20-23,38]
$\hat{h}^2$	0,73 [0,62-0,80]	0,67 [0,54-0,76]	0,58 [0,41-0,69]
parâmetro	S ₁ , MI Intrapopulacional	S ₁ , MI Interpopulacional	MI Intra, MI Interpopulacional
Côv _p	14,77 [11,24-20,37]	12,75 [9,46-18,17]	15,54 [11,77-21,62]
Côv _{pa}	-1,47 [(-3,28)-(-0,86)]	0,81 [0,27-1.384,59]	-3,50 [(-6,01)-(-2,39)]
Côv _e	9,90 [8,55-11,64]	14,75 [12,72-17,32]	17,35 [14,99-20,42]

Obs: valores entre colchetes indicam o intervalo de confiança ao nível de 95% de probabilidade;

$\hat{\sigma}_p^2$, $\hat{\sigma}_{pa}^2$, $\hat{\sigma}_e^2$, $\hat{\sigma}_F^2$, $\hat{h}^2$, Côv_p , Côv_{pa} e Côv_e definidos anteriormente.

Tabela 40 - Estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos, do quociente da Altura da Espiga pela Altura da Planta, das progênes S_1 , Meios Irmãos Intra e Interpopulacional, da população BR-106.

parâmetro	S_1	MI Intrapopulacional	MI Interpopulacional
$\hat{\sigma}_p^2$	1,85 [1,11-3,95]	1,96 [1,29-3,35]	1,12 [0,70-2,29]
$\hat{\sigma}_{pa}^2$	3,10 [2,04-5,60]	0,82 [0,35-8,13]	1,03 [0,54-3,09]
$\hat{\sigma}_e^2$	3,94 [2,76-6,25]	3,40 [2,43-5,31]	1,90 [1,21-3,68]
$\hat{\sigma}_{\bar{F}}^2$	3,88 [3,53-4,30]	3,21 [2,92-3,55]	2,18 [1,98-2,42]
$\hat{h}^2$	0,48 [0,27-0,62]	0,61 [0,45-0,71]	0,51 [0,32-0,64]
parâmetro	S_1 , MI Intrapopulacional	S_1 , MI Interpopulacional	MI Intra, MI Interpopulacional
$\hat{Cov}_p$	1,65 [1,27-2,24]	1,04 [0,76-1,54]	1,71 [1,31-2,37]
$\hat{Cov}_{pa}$	0,02 [0,01-0,04]	0,67 [0,52-0,88]	0,08 [0,04-0,42]
$\hat{Cov}_e$	0,05 [0,04-0,07]	0,73 [0,63-0,86]	0,63 [0,54-0,74]

Obs: as estimativas estão multiplicadas por 10^4 ;

valores entre colchetes indicam o intervalo de confiança ao nível de 95% de probabilidade;

$\hat{\sigma}_p^2$, $\hat{\sigma}_{pa}^2$, $\hat{\sigma}_e^2$, $\hat{\sigma}_{\bar{F}}^2$, $\hat{h}^2$, $\hat{Cov}_p$, $\hat{Cov}_{pa}$ e $\hat{Cov}_e$ definidos anteriormente.

Tabela 41 - Estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos, do Comprimento da Espiga (cm/espiga), das progêneses S1, Meios Irmãos Intra e Interpopulacional, da população BR-106.

parâmetro	S ₁	MI Intrapopulacional	MI Interpopulacional
$\hat{\sigma}_p^2$	103,21 [77,26-148,46]	23,43 [15,89-40,01]	25,38 [17,10-42,02]
$\hat{\sigma}_{pa}^2$	22,25 [14,10-43,68]	17,23 [10,38-37,00]	12,28 [6,28-50,53]
$\hat{\sigma}_e^2$	43,02 [32,72-60,34]	33,44 [24,42-49,65]	49,33 [38,20-67,07]
$\hat{\sigma}_F^2$	119,23 [108,30-131,90]	37,10 [33,70-41,05]	39,52 [35,90-43,72]
$\hat{h}^2$	0,87 [0,81-0,90]	0,63 [0,48-0,73]	0,64 [0,50-0,74]
parâmetro	S ₁ , MI Intrapopulacional	S ₁ , MI Interpopulacional	MI Intra, MI Interpopulacional
Côv _p	36,53 [28,06-50,67]	35,18 [26,83-48,94]	27,99 [21,55-38,30]
Côv _{pa}	2,61 [1,66-4,83]	4,90 [3,58-7,29]	-6,44 [(-8,25)-(-5,23)]
Côv _e	9,22 [7,96-10,83]	9,54 [8,23-11,19]	17,91 [15,42-21,08]

Obs: as estimativas estão multiplicadas por 10²;
valores entre colchetes indicam o intervalo de confiança ao nível de 95% de probabilidade;
 $\hat{\sigma}_p^2$, $\hat{\sigma}_{pa}^2$, $\hat{\sigma}_e^2$, $\hat{\sigma}_F^2$, $\hat{h}^2$, Côv_p, Côv_{pa} e Côv_e definidos anteriormente.

Tabela 42 - Estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos, do Diâmetro da Espiga (cm/espiga), das progênes S_1 , Meios Irmãos Intra e interpopulacional, da população BR-106.

parâmetro	S_1	MI Intrapopulacional	MI Interpopulacional
$\hat{\sigma}_p^2$	6,06 [4,56-8,62]	1,52 [1,10-2,33]	1,24 [0,87-1,99]
$\hat{\sigma}_{pa}^2$	1,07 [0,67-2,02]	0,21 [0,08-0,68]	0,35 [0,16-0,59]
$\hat{\sigma}_e^2$	2,18 [1,67-2,97]	1,63 [1,19-2,35]	1,56 [1,13-2,35]
$\hat{\sigma}_F^2$	6,83 [6,20-7,55]	2,01 [1,83-2,23]	1,78 [1,61-1,96]
$\hat{h}^2$	0,89 [0,84-0,92]	0,76 [0,66-0,82]	0,70 [0,58-0,78]
parâmetro	S_1 , MI Intrapopulacional	S_1 , MI Interpopulacional	MI Intra, MI Interpopulacional
$Côv_p$	2,16 [1,65-3,00]	1,99 [1,53-2,72]	1,31 [0,99-1,80]
$Côv_{pa}$	0,33 [0,24-0,46]	-0,12 [(-0,21)-(-0,08)]	-0,04 [(-1,86)-(-0,01)]
$Côv_e$	0,55 [0,47-0,65]	0,62 [0,54-0,73]	0,63 [0,54-0,74]

Obs: as estimativas estão multiplicadas por 10^2 ;

valores entre colchetes indicam o intervalo de confiança ao nível de 95% de probabilidade;

$\hat{\sigma}_p^2$, $\hat{\sigma}_{pa}^2$, $\hat{\sigma}_e^2$, $\hat{\sigma}_F^2$, $\hat{h}^2$, $Côv_p$, $Côv_{pa}$ e $Côv_e$ definidos anteriormente.

Tabela 43 - Estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos, de Fileiras por Espiga (fileiras/espiga), das progênes S_1 , Meios Irmãos Intra e interpopulacional, da população BR-106.

parâmetro	S_1	MI Intrapopulacional	MI Interpopulacional
$\hat{\sigma}_p^2$	121,56 [92,02-171,01]	35,20 [25,54-52,55]	34,92 [25,31-51,76]
$\hat{\sigma}_{pa}^2$	12,63 [6,80-33,59]	8,83 [4,48-28,23]	3,51 [1,09-5,553,22]
$\hat{\sigma}_e^2$	24,81 [16,81-42,88]	7,28 [3,04-69,92]	16,84 [10,14-37,39]
$\hat{\sigma}_F^2$	133,72 [121,47-147,93]	44,72 [40,62-49,47]	44,09 [40,05-48,77]
$\hat{h}^2$	0,91 [0,87-0,93]	0,79 [0,70-0,84]	0,79 [0,71-0,85]
parâmetro	S_1 , MI Intrapopulacional	S_1 , MI Interpopulacional	MI Intra, MI Interpopulacional
$Côv_p$	51,80 [39,85-70,38]	53,74 [41,31-73,18]	34,17 [26,47-46,61]
$Côv_{pa}$	0,33 [0,09-13,59]	1,16 [0,64-2,83]	-2,23 [(-2,84)-(-1,80)]
$Côv_e$	5,38 [4,64-6,31]	6,10 [5,27-7,19]	6,01 [5,16-7,10]

Obs: as estimativas estão multiplicadas por 10^2 ;

valores entre colchetes indicam o intervalo de confiança ao nível de 95% de probabilidade;

$\hat{\sigma}_p^2$, $\hat{\sigma}_{pa}^2$, $\hat{\sigma}_e^2$, $\hat{\sigma}_F^2$, $\hat{h}^2$, $Côv_p$, $Côv_{pa}$ e $Côv_e$ definidos anteriormente.

Tabela 44 - Estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos, de Sementes por Fileira por Espiga (Sementes/fileira/espiga), das progênies S₁, Meios Irmãos Intra e interpopulacional, da população BR-106.

parâmetro	S ₁		MI Intrapopulacional	MI Interpopulacional		
$\hat{\sigma}_p^2$	799,01	[589,41-1.160,11]	127,35	[81,57-228,23]	96,69	[56,96-218,19]
$\hat{\sigma}_{pa}^2$	177,17	[101,88-447,23]	67,34	[29,01-447,79]	108,43	[55,57-350,58]
$\hat{\sigma}_e^2$	517,26	[402,80-699,23]	268,68	[191,99-408,16]	328,47	[242,90-483,06]
$\hat{\sigma}_F^2$	957,10	[869,41-1.058,83]	224,13	[203,60-247,96]	212,92	[193,41-235,55]
$\hat{h}^2$	0,83	[0,77-0,88]	0,57	[0,40-0,68]	0,45	[0,24-0,60]
parâmetro	S ₁ , MI Intrapopulacional		S ₁ , MI Interpopulacional	MI Intra, MI Interpopulacional		
Côv _p	126,70	[95,31-180,75]	145,86	[109,25-204,64]	151,83	[115,74-212,67]
Côv _{pa}	49,67	[40,33-63,51]	24,54	[15,74-46,66]	-2,42	[(-909,75)-(-0,18)]
Côv _e	36,22	[31,30-42,45]	87,88	[75,82-103,21]	100,95	[87,21-118,95]

Obs: as estimativas estão multiplicadas por 10²;

valores entre colchetes indicam o intervalo de confiança ao nível de 95% de probabilidade;

$\hat{\sigma}_p^2$, $\hat{\sigma}_{pa}^2$, $\hat{\sigma}_e^2$, $\hat{\sigma}_F^2$, $\hat{h}^2$, Côv_p , Côv_{pa} e Côv_e definidos anteriormente.

Tabela 45 - Estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos, do Índice de Prolificidade (espigas/planta), das progênes S_1 , Meios Irmãos Intra e interpopulacional, da população BR-106.

parâmetro	S_1	MI Intrapopulacional	MI Interpopulacional
$\hat{\sigma}_p^2$	51,78 [32,03-107,27]	10,88 [5,42-51,39]	12,28 [6,11-57,87]
$\hat{\sigma}_{pa}^2$	33,64 [14,28-328,46]	4,88 [0,39-1.974,86]	19,17 [8,03-123,93]
$\hat{\sigma}_e^2$	348,49 [300,48-409,05]	187,70 [161,85-220,32]	184,95 [159,48-217,10]
$\hat{\sigma}_{\bar{F}}^2$	103,75 [94,24-114,77]	35,56 [32,30-39,34]	40,19 [36,51-44,46]
$\hat{h}^2$	0,50 [0,30-0,63]	0,31 [0,03-0,49]	0,31 [0,03-0,49]
parâmetro	S_1 , MI Intrapopulacional	S_1 , MI Interpopulacional	MI Intra, MI Interpopulacional
$C\hat{ov}_p$	16,53 [12,49-23,03]	26,50 [20,46-36,13]	8,58 [5,59-14,88]
$C\hat{ov}_{pa}$	-10,20 [(-13,56)-(-8,01)]	-12,75 [(-15,31)-(-10,86)]	12,24 [9,01-17,92]
$C\hat{ov}_e$	32,29 [27,84-37,90]	28,22 [24,33-33,12]	22,53 [19,42-26,44]

Obs: as estimativas estão multiplicadas por 10^4 ;

valores entre colchetes indicam o intervalo de confiança ao nível de 95% de probabilidade;

$\hat{\sigma}_p^2$, $\hat{\sigma}_{pa}^2$, $\hat{\sigma}_e^2$, $\hat{\sigma}_{\bar{F}}^2$, $\hat{h}^2$, $C\hat{ov}_p$, $C\hat{ov}_{pa}$ e $C\hat{ov}_e$ definidos anteriormente.

Tabela 46 - Estimativas de parâmetros genéticos, com seus respectivos intervalos de confiança ao nível de 95% de probabilidade, do Peso de Espigas (gramas/planta), das populações BR-105 e BR-106.

Parâmetro	Peso de Espigas (gramas/planta)	
	BR-105	BR-106
$\hat{\sigma}_A^2$	442,31 [306,52-693,97]	376,09 [240,16-671,95]
$\hat{D}_1$	-750,41 [(-1.300,15)-(-488,19)]	-386,22 [(-1.599,84)-(-168,83)]
$\hat{\sigma}_{A_{12}}^2$	522,34 [369,11-796,06]	281,39 [212,48-390,43]
$\hat{\sigma}_{A_1A_2}$	265,49 [197,46-376,10]	293,92 [218,21-417,45]
$\hat{D}_{1_{12}}$	-339,00 [(-692,32)-(-200,66)]	-266,29 [(-887,51)-(-125,99)]
$\hat{\sigma}_{A_{xa}}^2$	12,53 [4,88-75,37]	177,01 [88,83-510,29]
$\hat{D}_{1_{xa}}$	33,92 [6,75-34.538,16]	-470,17 [(-1.725,60)-(-214,51)]
$\hat{\sigma}_{A_{12}xa}^2$	144,19 [46,27-2.004,61]	371,24 [211,96-811,87]
$\hat{\sigma}_{A_1A_2xa}$	33,37 [19,53-69,59]	121,49 [86,83-182,11]
$\hat{D}_{1_{12}xa}$	-147,31 [(-490,97)-(-69,70)]	-242,03 [(-628,17)-(-127,20)]

Tabela 47 - Estimativas de parâmetros genéticos, com seus respectivos intervalos de confiança ao nível de 95% de probabilidade, da Altura da Planta (cm/planta), das populações BR-105 e BR-106.

Parâmetro	Altura de Planta (cm/planta)	
	BR-105	BR-106
$\hat{\sigma}_A^2$	185,74 [133,45-276,31]	109,31 [73,01-181,57]
$\hat{D}_1$	-218,73 [(-478,34)-(-124,88)]	-77,43 [(-639,39)-(-27,80)]
$\hat{\sigma}_{A_{12}}^2$	171,32 [130,14-235,78]	92,27 [70,49-126,02]
$\hat{\sigma}_{A_1A_2}$	96,41 [71,02-138,42]	91,51 [68,65-128,09]
$\hat{D}_{1_{12}}$	-149,22 [(-231,72)-(-104,12)]	-52,31 [(-431,93)-(-18,78)]
$\hat{\sigma}_{A_{xa}}^2$	-5,13 [(-5.226,93)-(-1,02)]	6,36 [1,72-251,14]
$\hat{D}_{1_{xa}}$	-1,08 [(-1.100,54)-(-0,22)]	-41,72 [(-42.478,95)-(-8,30)]
$\hat{\sigma}_{A_{12}xa}^2$	-37,59 [(-155,72)-(-16,43)]	40,89 [13,12-568,51]
$\hat{\sigma}_{A_1A_2xa}$	-21,42 [(-65,98)-(-10,46)]	-21,52 [(-29,24)-(-16,51)]
$\hat{D}_{1_{12}xa}$	27,04 [14,75-64,77]	48,81 [28,89-99,68]

Tabela 48 - Estimativas de parâmetros genéticos, com seus respectivos intervalos de confiança ao nível de 95% de probabilidade, da Altura da Espiga (cm/planta), das populações BR-105 e BR-106.

Parâmetro	Altura de Espiga (cm/planta)	
	BR-105	BR-106
$\hat{\sigma}_A^2$	127,45 [92,90-185,74]	74,04 [50,54-118,86]
$\hat{D}_1$	-167,04 [(-313,71)-(-103,59)]	-89,00 [(-221,38)-(-47,71)]
$\hat{\sigma}_{A_{12}}^2$	109,58 [83,71-149,68]	48,83 [37,10-67,21]
$\hat{\sigma}_{A_1A_2}$	63,33 [48,04-87,33]	62,17 [46,07-88,54]
$\hat{D}_{12}$	-26,35 [(-1.040,86)-(-7,14)]	-73,33 [(-139,74)-(-45,10)]
$\hat{\sigma}_{A_{xa}}^2$	-9,45 [(-131,40)-(-3,03)]	12,91 [6,11-43,04]
$\hat{D}_{1xa}$	8,47 [1,69-8.628,94]	-31,69 [(-1.251,73)-(-8,59)]
$\hat{\sigma}_{A_{12}xa}^2$	-0,41 [(-413,62)-(-0,08)]	27,43 [11,99-113,64]
$\hat{\sigma}_{A_1A_2xa}$	-15,30 [(-24,27)-(-10,52)]	-13,99 [(-30,60)-(-7,99)]
$\hat{D}_{12xa}$	26,19 [16,49-47,91]	31,23 [20,66-52,70]

Tabela 49 - Estimativas de parâmetros genéticos, com seus respectivos intervalos de confiança ao nível de 95% de probabilidade, do quociente da Altura da Espiga pela Altura da Planta, das populações BR-105 e BR-106.

Parâmetro	Altura da Espiga pela Altura da Planta (10 ⁴) ⁽¹⁾	
	BR-105	BR-106
$\hat{\sigma}_A^2$	8,24 [5,63-13,23]	7,84 [5,16-13,34]
$\hat{D}_1$	-10,01 [(-23,98)-(-5,46)]	-9,07 [(-26,16)-(-4,55)]
$\hat{\sigma}_{A_{12}}^2$	8,95 [6,85-12,18]	4,47 [3,43-6,05]
$\hat{\sigma}_{A_1A_2}$	4,77 [3,68-6,42]	6,85 [4,97-10,05]
$\hat{D}_{12}$	-1,56 [(-61,69)-(-0,42)]	-9,56 [(-15,87)-(-6,38)]
$\hat{\sigma}_{A_{xa}}^2$	0,05 [0,02-0,22]	3,27 [2,11-5,71]
$\hat{D}_{1xa}$	-1,23 [(-1.257,35)-(-0,25)]	-6,46 [(-38,86)-(-2,52)]
$\hat{\sigma}_{A_{12}xa}^2$	3,31 [1,45-13,70]	4,13 [2,07-11,92]
$\hat{\sigma}_{A_1A_2xa}$	-3,03 [(-4,00)-(-2,37)]	0,30 [0,16-0,72]
$\hat{D}_{12xa}$	3,38 [2,43-5,03]	2,06 [1,37-3,45]

⁽¹⁾ Estimativas multiplicadas por 10⁴.

Tabela 50 - Estimativas de parâmetros genéticos, com seus respectivos intervalos de confiança ao nível de 95% de probabilidade, do Comprimento da Espiga (cm/espiga), das populações BR-105 e BR-106.

Parâmetro	Comprimento da Espiga (cm/espiga) (10^2) ⁽¹⁾	
	BR-105	BR-106
$\hat{\sigma}_A^2$	130,63 [92,58-198,22]	93,70 [62,58-155,63]
$\hat{D}_1$	-138,49 [(-359,44)-(-72,78)]	-41,26 [(-42.017,94)-(-8,21)]
$\hat{\sigma}_{A_{12}}^2$	116,32 [87,97-161,06]	101,52 [77,34-139,19]
$\hat{\sigma}_{A_1A_2}$	85,13 [63,31-120,59]	111,96 [84,92-154,39]
$\hat{D}_{1_{12}}$	-91,98 [(-187,85)-(-54,45)]	-83,20 [(-277,30)-(-39,36)]
$\hat{\sigma}_{A_{xa}}^2$	-12,48 [(-12.710,53)-(-2,48)]	68,91 [42,74-129,43]
$\hat{D}_{1_{xa}}$	32,77 [6,52-33.368,58]	-127,40 [(-278,61)-(-72,74)]
$\hat{\sigma}_{A_{12}xa}^2$	0,40 [0,08-406,90]	49,13 [23,24-163,74]
$\hat{\sigma}_{A_1A_2xa}$	-33,62 [(-139,27)-(-14,70)]	-25,76 [(-47,13)-(-16,23)]
$\hat{D}_{1_{12}xa}$	64,68 [49,41-88,34]	71,12 [59,31-86,87]

⁽¹⁾ Estimativas multiplicadas por 10^2 .

Tabela 51 - Estimativas de parâmetros genéticos, com seus respectivos intervalos de confiança ao nível de 95% de probabilidade, do Diâmetro da Espiga (cm/espiga), das populações BR-105 e BR-106.

Parâmetro	Diâmetro da Espiga (cm/espiga) (10^2) ⁽¹⁾	
	BR-105	BR-106
$\hat{\sigma}_A^2$	7,98 [5,80-11,67]	6,10 [4,35-9,18]
$\hat{D}_1$	-16,16 [(-23,47)-(-11,80)]	-3,55 [(-29,28)-(-1,27)]
$\hat{\sigma}_{A_{12}}^2$	8,88 [7,63-10,49]	4,96 [3,76-6,85]
$\hat{\sigma}_{A_1A_2}$	5,29 [4,03-7,25]	5,22 [4,00-7,11]
$\hat{D}_{1_{12}}$	-7,08 [(-12,26)-(-4,60)]	-2,50 [(-34,78)-(-0,80)]
$\hat{\sigma}_{A_{xa}}^2$	0,05 [0,01-48,88]	0,83 [0,52-1,56]
$\hat{D}_{1_{xa}}$	-1,19 [(-1.212,54)-(-0,24)]	-0,36 [(-369,02)-(-0,07)]
$\hat{\sigma}_{A_{12}xa}^2$	0,77 [0,21-30,29]	1,41 [0,55-8,50]
$\hat{\sigma}_{A_1A_2xa}$	1,38 [1,06-1,88]	-0,15 [(-0,22)-(-0,11)]
$\hat{D}_{1_{12}xa}$	-3,30 [(-4,17)-(-2,68)]	-0,19 [(-194,69)-(-0,04)]

⁽¹⁾ Estimativas multiplicadas por 10^2 .

Tabela 52 - Estimativas de parâmetros genéticos, com seus respectivos intervalos de confiança ao nível de 95% de probabilidade, de Fileiras por Espiga (fileiras/espiga), das populações BR-105 e BR-106.

Parâmetro	Fileiras por Espiga (10^2) ⁽¹⁾	
	BR-105	BR-106
$\hat{\sigma}_A^2$	174,88 [128,03-253,28]	140,80 [101,42-208,69]
$\hat{D}_1$	-181,48 [(-434,71)-(-99,03)]	-74,41 [(-1.034,48)-(-23,88)]
$\hat{\sigma}_{A_{12}}^2$	177,44 [136,10-241,08]	139,68 [107,28-189,44]
$\hat{\sigma}_{A_1A_2}$	115,80 [89,38-156,02]	136,68 [104,83-185,69]
$\hat{D}_{1_{12}}$	-79,07 [(-290,20)-(-36,07)]	-58,39 [(-811,79)-(-18,74)]
$\hat{\sigma}_{A_{xa}}^2$	6,56 [2,87-27,17]	35,33 [18,57-91,70]
$\hat{D}_{1_{xa}}$	-17,59 [(-17.909,97)-(-3,50)]	-69,34 [(-213,54)-(-33,85)]
$\hat{\sigma}_{A_{12}xa}^2$	-14,28 [(-564,15)-(-3,87)]	14,04 [3,80-554,39]
$\hat{\sigma}_{A_1A_2xa}$	-9,64 [(-29,69)-(-4,71)]	-8,90 [(-351,65)-(-2,41)]
$\hat{D}_{1_{12}xa}$	8,86 [5,13-18,91]	22,46 [18,05-28,70]

⁽¹⁾ Estimativas multiplicadas por 10^2 .

Tabela 53 - Estimativas de parâmetros genéticos, com seus respectivos intervalos de confiança ao nível de 95% de probabilidade, Sementes por Fileira por Espiga (sementes/fileira/espiga), das populações BR-105 e BR-106.

Parâmetro	Sementes por Fileira por Espiga (10^2) ⁽¹⁾	
	BR-105	BR-106
$\hat{\sigma}_A^2$	715,35 [500,80-1.105,39]	509,41 [325,30-910,15]
$\hat{D}_1$	-1.121,86 [(-2.004,42)-(-716,40)]	-512,01 [(-2.120,91)-(-223,82)]
$\hat{\sigma}_{A_{12}}^2$	726,09 [545,66-1.014,05]	386,77 [288,70-545,21]
$\hat{\sigma}_{A_1A_2}$	546,92 [397,74-799,59]	607,33 [454,90-852,08]
$\hat{D}_{1_{12}}$	-698,13 [(-1.233,96)-(-448,71)]	-631,25 [(-1.380,49)-(-360,41)]
$\hat{\sigma}_{A_{xa}}^2$	-216,48 [(-220.428,43)-(-43,09)]	269,34 [149,40-623,87]
$\hat{D}_{1_{xa}}$	300,80 [81,54-11.880,89]	-340,00 [(-13.429,34)-(-92,17)]
$\hat{\sigma}_{A_{12}xa}^2$	6,85 [1,36-6.979,56]	433,72 [211,74-1.335,76]
$\hat{\sigma}_{A_1A_2xa}$	-264,45 [(-381,86)-(-194,01)]	-9,67 [(-12,28)-(-7,81)]
$\hat{D}_{1_{12}xa}$	711,28 [592,92-869,21]	117,51 [57,37-361,90]

⁽¹⁾ Estimativas multiplicadas por 10^2 .

Tabela 54 - Estimativas de parâmetros genéticos, com seus respectivos intervalos de confiança ao nível de 95% de probabilidade, do Índice de Prolificidade (espigas/planta), das populações BR-105 e BR-106.

Parâmetro	Índice de Prolificidade (10^4) ⁽¹⁾	
	BR-105	BR-106
$\hat{\sigma}_A^2$	152,16 [97,80-268,94]	43,52 [19,85-159,71]
$\hat{D}_1$	-269,88 [(-522,31)-(-164,55)]	-20,90 [(-21.278,32)-(-4,16)]
$\hat{\sigma}_{A_{12}}^2$	55,56 [39,92-82,65]	49,12 [37,04-68,31]
$\hat{\sigma}_{A_1A_2}$	79,05 [58,11-113,81]	34,31 [26,38-46,45]
$\hat{D}_{12}$	-113,41 [(-198,41)-(-73,34)]	37,39 [14,57-224,93]
$\hat{\sigma}_{A_{xa}}^2$	7,43 [2,38-103,25]	19,53 [7,61-117,47]
$\hat{D}_{1xa}$	31,57 [6,28-32.142,39]	-79,84 [(-3.153,58)-(-21,64)]
$\hat{\sigma}_{A_{12xa}}^2$	61,15 [21,95-504,96]	76,67 [29,87-461,20]
$\hat{\sigma}_{A_1A_2xa}$	41,90 [36,69-48,31]	48,95 [38,33-64,71]
$\hat{D}_{12xa}$	-115,71 [(-146,62)-(-93,66)]	-148,91 [(-190,31)-(-119,71)]

⁽¹⁾ Estimativas multiplicadas por 10^4 .

Tabela 55 - Estimativas do ganho com a seleção (Gs) e da alteração da depressão por endogamia (ΔDE) nas linhagens com coeficiente de endogamia (Fy) de 0, 1/2 e 1, para o Peso de Espigas (gramas/planta), nas populações BR-105 e BR-106.

E.S.	linhagens	BR-105		BR-106	
		Gs	ΔDE	Gs	ΔDE
E1	Fy=0	6,21 (4,54%)		17,24 (11,64%)	
	Fy=1/2	-28,51 (-20,86%)	34,72 (25,40%)	-0,95 (-0,64%)	18,19 (12,28%)
	Fy=1	-63,23 (-46,25%)	69,44 (50,80%)	-19,15 (-12,93%)	36,38 (24,57%)
E2	Fy=0	15,40 (11,27%)		12,84 (8,67%)	
	Fy=1/2	2,34 (1,71%)	13,06 (9,56%)	6,25 (4,22%)	6,59 (4,45%)
	Fy=1	-10,73 (-7,85%)	26,13 (19,11%)	-0,35 (-0,23%)	13,19 (8,91%)
E3	Fy=0	30,80 (22,53%)		25,69 (17,34%)	
	Fy=1/2	4,67 (3,42%)	26,13 (19,11%)	12,50 (8,44%)	13,19 (8,91%)
	Fy=1	-21,46 (-15,69%)	52,26 (38,23%)	-0,69 (-0,47%)	26,38 (17,81%)
E4	Fy=0	8,26 (6,04%)		10,60 (7,16%)	
	Fy=1/2	2,99 (2,19%)	5,28 (3,86%)	5,80 (3,92%)	4,80 (3,24%)
	Fy=1	-2,29 (-1,67%)	10,55 (7,72%)	1,00 (0,67%)	9,60 (6,48%)
E5	Fy=0	16,52 (12,09%)		21,20 (14,32%)	
	Fy=1/2	5,97 (4,37%)	10,55 (7,72%)	11,60 (7,83%)	9,60 (6,48%)
	Fy=1	-4,58 (-3,35%)	21,10 (15,43%)	1,99 (1,35%)	19,21 (12,97%)

E.S. - esquema de seleção.

E1- Seleção recorrente intrapopulacional: US:S1 e UR:S1.

E2- Seleção recorrente intrapopulacional: US:MI-Intrapopulacional e UR:MI-Intrapopulacional.

E3- Seleção recorrente intrapopulacional: US:MI-Intrapopulacional e UR:S1.

E4- Seleção recorrente interpopulacional: US:MI-Interpopulacional e UR:MI-Intrapopulacional.

E5- Seleção recorrente interpopulacional: US:MI-Interpopulacional e UR:S1.

Fy = 0, indica ganho na população

Tabela 56 - Estimativas do ganho com a seleção (Gs) e da alteração da depressão por endogamia (Δ DE) nas linhagens com coeficiente de endogamia (Fy) de 0, 1/2 e 1, para Altura da Planta (cm/planta), nas populações BR-105 e BR-106.

E.S.	linhagens	BR-105			BR-106		
		Gs	Δ DE		Gs	Δ DE	
E1	Fy=0	12,48 (6,23%)			12,62 (6,52%)		
	Fy=1/2	-5,39 (-2,69%)	17,88 (8,92%)		5,70 (2,94%)	6,92 (2,80%)	
	Fy=1	-23,27 (-11,61%)	35,85 (17,84%)		-1,22 (-0,63%)	13,84 (5,61%)	
E2	Fy=0	10,55 (5,26%)			7,31 (3,78%)		
	Fy=1/2	4,34 (2,16%)	6,21 (3,10%)		4,72 (2,44%)	2,59 (1,34%)	
	Fy=1	-1,87 (-0,93%)	12,42 (6,20%)		2,13 (1,10%)	5,18 (2,68%)	
E3	Fy=0	21,09 (10,53%)			14,63 (7,55%)		
	Fy=1/2	8,67 (4,33%)	12,42 (6,20%)		9,45 (4,88%)	5,18 (2,68%)	
	Fy=1	-3,75 (-1,87%)	24,84 (12,40%)		4,27 (2,20%)	10,36 (5,35%)	
E4	Fy=0	5,82 (2,90%)			6,21 (3,21%)		
	Fy=1/2	1,32 (0,66%)	4,50 (2,25%)		4,44 (2,29%)	1,78 (0,92%)	
	Fy=1	-3,19 (-1,59%)	9,00 (4,49%)		2,66 (1,37%)	3,55 (1,83%)	
E5	Fy=0	11,63 (5,80%)			12,42 (6,42%)		
	Fy=1/2	2,63 (1,31%)	9,00 (4,49%)		8,87 (4,58%)	3,55 (1,83%)	
	Fy=1	-6,37 (-3,18%)	18,00 (8,98%)		5,32 (2,75%)	7,10 (3,67%)	

E.S. - esquema de seleção.

E1- Seleção recorrente intrapopulacional: US:S1 e UR:S1.

E2- Seleção recorrente intrapopulacional: US:MI-Intrapopulacional e UR:MI-Intrapopulacional.

E3- Seleção recorrente intrapopulacional: US:MI-Intrapopulacional e UR:S1.

E4- Seleção recorrente interpopulacional: US:MI-Interpopulacional e UR:MI-Intrapopulacional.

E5- Seleção recorrente interpopulacional: US:MI-Interpopulacional e UR:S1.

Fy = 0, indica ganho na população

Tabela 57 - Estimativas do ganho com a seleção (Gs) e da alteração da depressão por endogamia (ΔDE) nas linhagens com coeficiente de endogamia (Fy) de 0, 1/2 e 1, para Altura da Espiga (cm/planta), nas populações BR-105 e BR-106.

E.S.	linhagens	BR-105			BR-106		
		Gs	ΔDE		Gs	ΔDE	
E1	Fy=0	9,40 (9,27%)			8,39 (8,35%)		
	Fy=1/2	-8,47 (-8,35%)	17,86 (17,62%)		-4,25 (-4,23%)	12,65 (12,57%)	
	Fy=1	-26,33 (-25,97%)	35,72 (35,24%)		-16,90 (-16,80%)	25,29 (25,15%)	
E2	Fy=0	8,93 (8,81%)			6,18 (6,14%)		
	Fy=1/2	3,08 (3,04%)	5,85 (5,77%)		2,47 (2,45%)	3,71 (3,69%)	
	Fy=1	-2,77 (-2,74%)	11,70 (11,54%)		-1,25 (-1,24%)	7,43 (7,39%)	
E3	Fy=0	17,86 (17,62%)			12,36 (12,29%)		
	Fy=1/2	6,16 (6,07%)	11,70 (11,54%)		4,93 (4,90%)	7,43 (7,39%)	
	Fy=1	-5,55 (-5,47%)	23,41 (23,09%)		-2,50 (-2,48%)	14,86 (14,77%)	
E4	Fy=0	4,69 (4,63%)			5,93 (5,90%)		
	Fy=1/2	3,71 (3,66%)	0,98 (0,96%)		2,43 (2,42%)	3,50 (3,48%)	
	Fy=1	2,74 (2,70%)	1,95 (1,92%)		-1,06 (-1,06%)	7,00 (6,96%)	
E5	Fy=0	9,38 (9,25%)			11,87 (11,80%)		
	Fy=1/2	7,43 (7,33%)	1,95 (1,92%)		4,87 (4,84%)	7,00 (6,96%)	
	Fy=1	5,48 (5,40%)	3,90 (3,95%)		-2,13 (-2,12%)	14,00 (13,92%)	

E.S. - esquema de seleção.

E1- Seleção recorrente intrapopulacional: US:S1 e UR:S1.

E2- Seleção recorrente intrapopulacional: US:MI-Intrapopulacional e UR:MI-Intrapopulacional.

E3- Seleção recorrente intrapopulacional: US:MI-Intrapopulacional e UR:S1.

E4- Seleção recorrente interpopulacional: US:MI-Interpopulacional e UR:MI-Intrapopulacional.

E5- Seleção recorrente interpopulacional: US:MI-Interpopulacional e UR:S1.

Fy = 0, indica ganho na população

Tabela 58 - Estimativas do ganho com a seleção (**Gs**) e da alteração da depressão por endogamia (**Δ DE**) nas linhagens com coeficiente de endogamia (**Fy**) de 0, 1/2 e 1, para o quociente da Altura da Espiga pela Altura da Planta, nas populações BR-105 e BR-106.

E.S.	linhagens	BR-105			BR-106		
		Gs (1)	ΔDE (1)		Gs (1)	ΔDE (1)	
E1	Fy=0	2,18 (4,32%)			2,94 (5,68%)		
	Fy=1/2	-1,19 (-2,36%)	3,38 (6,68%)		-1,10 (-2,13%)	4,04 (7,81%)	
	Fy=1	-4,57 (-9,04%)	6,75 (13,36%)		-5,14 (-9,93%)	8,08 (15,61%)	
E2	Fy=0	2,06 (4,09%)			1,92 (3,71%)		
	Fy=1/2	0,81 (1,60%)	1,25 (2,48%)		0,81 (1,56%)	1,11 (2,15%)	
	Fy=1	-0,44 (-0,88%)	2,51 (4,96%)		-0,30 (-0,58%)	2,22 (4,29%)	
E3	Fy=0	4,13 (8,17%)			3,84 (7,42%)		
	Fy=1/2	1,62 (3,21%)	2,51 (4,96%)		1,62 (3,12%)	2,22 (4,29%)	
	Fy=1	-0,89 (-1,75%)	5,02 (9,92%)		-0,61 (-1,17%)	4,44 (8,59%)	
E4	Fy=0	1,15 (2,27%)			2,03 (3,93%)		
	Fy=1/2	0,96 (1,90%)	0,19 (0,37%)		0,62 (1,19%)	1,42 (2,74%)	
	Fy=1	0,77 (1,52%)	0,38 (0,74%)		-0,80 (-1,55%)	2,84 (5,48%)	
E5	Fy=0	2,29 (4,53%)			4,07 (7,86%)		
	Fy=1/2	1,92 (3,79%)	0,38 (0,74%)		1,23 (2,38%)	2,84 (5,48%)	
	Fy=1	1,54 (3,05%)	0,75 (1,49%)		-1,61 (-3,10%)	5,67 (10,96%)	

(1) As estimativas de **Gs** e **Δ DE** estão multiplicadas por 100.

E.S. - esquema de seleção.

E1- Seleção recorrente intrapopulacional: US:S1 e UR:S1.

E2- Seleção recorrente intrapopulacional: US:MI-Intrapopulacional e UR:MI-Intrapopulacional.

E3- Seleção recorrente intrapopulacional: US:MI-Intrapopulacional e UR:S1.

E4- Seleção recorrente interpopulacional: US:MI-Interpopulacional e UR:MI-Intrapopulacional.

E5- Seleção recorrente interpopulacional: US:MI-Interpopulacional e UR:S1.

Fy = 0, indica ganho na população

Tabela 59 - Estimativas do ganho com a seleção (**Gs**) e da alteração da depressão por endogamia (**ΔDE**) nas linhagens com coeficiente de endogamia (**Fy**) de 0, 1/2 e 1, para o Comprimento da Espiga (cm/espiga), nas populações BR-105 e BR-106.

E.S.	linhagens	BR-105			BR-106		
		Gs	ΔDE		Gs	ΔDE	
E1	Fy=0	0,87 (5,51%)			1,17 (7,74%)		
	Fy=1/2	-0,11 (-0,71%)	0,98 (6,22%)		0,84 (5,55%)	0,33 (2,18%)	
	Fy=1	-1,09 (-6,92%)	1,96 (12,44%)		0,51 (3,37%)	0,66 (4,37%)	
E2	Fy=0	0,87 (5,49%)			0,67 (4,45%)		
	Fy=1/2	0,41 (2,58%)	0,46 (2,91%)		0,53 (3,47%)	0,15 (0,98%)	
	Fy=1	-0,05 (-0,33%)	0,92 (5,82%)		0,38 (2,49%)	0,30 (1,96%)	
E3	Fy=0	1,73 (10,97%)			1,35 (8,89%)		
	Fy=1/2	0,81 (5,16%)	0,92 (5,82%)		1,05 (6,93%)	0,30 (1,96%)	
	Fy=1	-0,10 (-0,66%)	1,84 (11,63%)		0,76 (4,98%)	0,59 (3,92%)	
E4	Fy=0	0,58 (3,69%)			0,78 (5,15%)		
	Fy=1/2	0,27 (1,70%)	0,31 (1,99%)		0,49 (3,23%)	0,29 (1,91%)	
	Fy=1	-0,05 (-0,30%)	0,63 (3,99%)		0,20 (1,32%)	0,58 (3,82%)	
E5	Fy=0	1,16 (7,39%)			1,56 (10,29%)		
	Fy=1/2	0,54 (3,40%)	0,63 (3,99%)		0,98 (6,47%)	0,58 (3,82%)	
	Fy=1	-0,09 (-0,59%)	1,26 (7,98%)		0,40 (2,64%)	1,16 (7,65%)	

E.S. - esquema de seleção.

E1- Seleção recorrente intrapopulacional: US:S1 e UR:S1.

E2- Seleção recorrente intrapopulacional: US:MI-Intrapopulacional e UR:MI-Intrapopulacional.

E3- Seleção recorrente intrapopulacional: US:MI-Intrapopulacional e UR:S1.

E4- Seleção recorrente interpopulacional: US:MI-Interpopulacional e UR:MI-Intrapopulacional.

E5- Seleção recorrente interpopulacional: US:MI-Interpopulacional e UR:S1.

Fy = 0, indica ganho na população

Tabela 60 - Estimativas do ganho com a seleção (Gs) e da alteração da depressão por endogamia (Δ DE) nas linhagens com coeficiente de endogamia (Fy) de 0, 1/2 e 1, para o Diâmetro da Espiga (cm/espiga), nas populações BR-105 e BR-106.

E.S.	linhagens	BR-105			BR-106		
		Gs	Δ DE		Gs	Δ DE	
E1	Fy=0	-0,01 (-0,15%)			0,29 (6,15%)		
	Fy=1/2	-0,55 (-12,44%)	0,55 (12,29%)		0,17 (3,63%)	0,12 (2,52%)	
	Fy=1	-1,10 (-24,72%)	1,10 (24,58%)		0,05 (1,11%)	0,24 (5,04%)	
E2	Fy=0	0,22 (5,00%)			0,19 (3,99%)		
	Fy=1/2	0,00 (-0,06%)	0,23 (5,06%)		0,13 (2,83%)	0,05 (1,16%)	
	Fy=1	-0,23 (-5,13%)	0,45 (10,13%)		0,08 (1,67%)	0,11 (2,32%)	
E3	Fy=0	0,45 (10,01%)			0,38 (7,98%)		
	Fy=1/2	-0,01 (-0,12%)	0,45 (10,13%)		0,27 (5,66%)	0,11 (2,32%)	
	Fy=1	-0,46 (-10,25%)	0,90 (20,26%)		0,16 (3,34%)	0,22 (4,64%)	
E4	Fy=0	0,14 (3,18%)			0,17 (3,64%)		
	Fy=1/2	0,05 (1,05%)	0,09 (2,13%)		0,13 (2,77%)	0,04 (0,87%)	
	Fy=1	-0,05 (-1,08%)	0,19 (4,26%)		0,09 (1,90%)	0,08 (1,74%)	
E5	Fy=0	0,28 (6,36%)			0,34 (7,28%)		
	Fy=1/2	0,09 (2,10%)	0,19 (4,26%)		0,26 (5,54%)	0,08 (1,74%)	
	Fy=1	-0,10 (-2,15%)	0,38 (8,51%)		0,18 (3,79%)	0,16 (3,49%)	

E.S. - esquema de seleção.

E1- Seleção recorrente intrapopulacional: US:S1 e UR:S1.

E2- Seleção recorrente intrapopulacional: US:MI-Intrapopulacional e UR:MI-Intrapopulacional.

E3- Seleção recorrente intrapopulacional: US:MI-Intrapopulacional e UR:S1.

E4- Seleção recorrente interpopulacional: US:MI-Interpopulacional e UR:MI-Intrapopulacional.

E5- Seleção recorrente interpopulacional: US:MI-Interpopulacional e UR:S1.

Fy = 0, indica ganho na população

Tabela 61 - Estimativas do ganho com a seleção (**Gs**) e da alteração da depressão por endogamia (**Δ DE**) nas linhagens com coeficiente de endogamia (**Fy**) de 0, 1/2 e 1, para o número de Fileiras por Espiga (fileiras/espiga), nas populações BR-105 e BR-106.

E.S.	linhagens	BR-105			BR-106		
		Gs	ΔDE		Gs	ΔDE	
E1	Fy=0	1,29 (8,94%)			1,57 (11,52%)		
	Fy=1/2	-0,10 (-0,70%)	1,39 (9,64%)		1,01 (7,38%)	0,56 (4,14%)	
	Fy=1	-1,50 (-10,34%)	2,79 (19,28%)		0,44 (3,24%)	1,13 (8,27%)	
E2	Fy=0	1,05 (7,30%)			0,92 (6,77%)		
	Fy=1/2	0,51 (3,51%)	0,55 (3,79%)		0,68 (4,98%)	0,24 (1,79%)	
	Fy=1	-0,04 (-0,28%)	1,09 (7,57%)		0,44 (3,19%)	0,49 (3,58%)	
E3	Fy=0	2,11 (14,60%)			1,85 (13,53%)		
	Fy=1/2	1,02 (7,02%)	1,09 (7,57%)		1,36 (9,96%)	0,49 (3,58%)	
	Fy=1	-0,08 (-0,55%)	2,19 (15,15%)		0,87 (6,38%)	0,98 (7,15%)	
E4	Fy=0	0,70 (4,87%)			0,90 (6,62%)		
	Fy=1/2	0,46 (3,21%)	0,24 (1,66%)		0,71 (5,20%)	0,19 (1,41%)	
	Fy=1	0,22 (1,55%)	0,48 (3,33%)		0,52 (3,79%)	0,39 (2,83%)	
E5	Fy=0	1,41 (9,75%)			1,81 (13,23%)		
	Fy=1/2	0,93 (6,42%)	0,48 (3,33%)		1,42 (10,40%)	0,39 (2,83%)	
	Fy=1	0,45 (3,09%)	0,96 (6,66%)		1,03 (7,58%)	0,77 (5,65%)	

E.S. - esquema de seleção.

E1- Seleção recorrente intrapopulacional: US:S1 e UR:S1.

E2- Seleção recorrente intrapopulacional: US:MI-Intrapopulacional e UR:MI-Intrapopulacional.

E3- Seleção recorrente intrapopulacional: US:MI-Intrapopulacional e UR:S1.

E4- Seleção recorrente interpopulacional: US:MI-Interpopulacional e UR:MI-Intrapopulacional.

E5- Seleção recorrente interpopulacional: US:MI-Interpopulacional e UR:S1.

Fy = 0, indica ganho na população

Tabela 62 - Estimativas do ganho com a seleção (**Gs**) e da alteração da depressão por endogamia (**ΔDE**) nas linhagens com coeficiente de endogamia (**Fy**) de 0, 1/2 e 1, para o número de Sementes por Fileira por Espiga (sementes/fileira/espiga), nas populações BR-105 e BR-106.

E.S.	linhagens	BR-105		BR-106	
		Gs	ΔDE	Gs	ΔDE
E1	Fy=0	0,87 (2,60%)		1,44 (4,14%)	
	Fy=1/2	-2,30 (-6,85%)	3,17 (9,46%)	-0,01 (-0,04%)	1,45 (4,18%)
	Fy=1	-5,47 (-16,31%)	6,35 (18,91%)	-1,47 (-4,23%)	2,90 (8,37%)
E2	Fy=0	1,99 (5,94%)		1,49 (4,30%)	
	Fy=1/2	0,43 (1,28%)	1,56 (4,66%)	0,74 (2,14%)	0,75 (2,16%)
	Fy=1	-1,13 (-3,38%)	3,13 (9,32%)	-0,01 (-0,02%)	1,50 (4,32%)
E3	Fy=0	3,99 (11,88%)		2,99 (8,60%)	
	Fy=1/2	0,86 (2,56%)	3,13 (9,32%)	1,49 (4,28%)	1,50 (4,32%)
	Fy=1	-2,26 (-6,75%)	6,25 (18,63%)	-0,02 (-0,04%)	3,00 (8,65%)
E4	Fy=0	1,45 (4,33%)		1,83 (5,26%)	
	Fy=1/2	0,53 (1,57%)	0,93 (2,76%)	0,88 (2,53%)	0,95 (2,73%)
	Fy=1	-0,40 (-1,20%)	1,85 (5,53%)	-0,07 (-0,21%)	1,90 (5,47%)
E5	Fy=0	2,91 (8,66%)		3,65 (10,52%)	
	Fy=1/2	1,05 (3,13%)	1,85 (5,53%)	1,75 (5,05%)	1,90 (5,47%)
	Fy=1	-0,80 (-2,40%)	3,71 (11,06%)	-0,14 (-0,41%)	3,80 (10,94%)

E.S. - esquema de seleção.

E1- Seleção recorrente intrapopulacional: US:S1 e UR:S1.

E2- Seleção recorrente intrapopulacional: US:MI-Intrapopulacional e UR:MI-Intrapopulacional.

E3- Seleção recorrente intrapopulacional: US:MI-Intrapopulacional e UR:S1.

E4- Seleção recorrente interpopulacional: US:MI-Interpopulacional e UR:MI-Intrapopulacional.

E5- Seleção recorrente interpopulacional: US:MI-Interpopulacional e UR:S1.

Fy = 0, indica ganho na população

Tabela 63 - Estimativas do ganho com a seleção (**Gs**) e da alteração da depressão por endogamia (**ΔDE**) nas linhagens com coeficiente de endogamia (**Fy**) de 0, 1/2 e 1, para Índice de Prolificidade (espigas/planta), nas populações BR-105 e BR-106.

E.S.	linhagens	BR-105			BR-106		
		Gs⁽¹⁾	$\Delta DE^{(1)}$		Gs⁽¹⁾	$\Delta DE^{(1)}$	
E1	Fy=0	2,55 (2,56%)			5,70 (5,76%)		
	Fy=1/2	-17,41 (-17,52%)	19,96 (20,09%)		3,90 (3,94%)	1,80 (1,82%)	
	Fy=1	-37,37 (-37,61%)	39,92 (40,17%)		2,10 (2,12%)	3,60 (3,64%)	
E2	Fy=0	8,19 (8,24%)			3,20 (3,24%)		
	Fy=1/2	0,93 (0,93%)	7,27 (7,31%)		2,43 (2,46%)	0,77 (0,78%)	
	Fy=1	-6,34 (-6,38%)	14,53 (14,62%)		1,66 (1,68%)	1,54 (1,55%)	
E3	Fy=0	16,39 (16,49%)			6,40 (6,47%)		
	Fy=1/2	1,85 (1,87%)	14,53 (14,62%)		4,87 (4,92%)	1,54 (1,55%)	
	Fy=1	-12,68 (-12,76%)	29,06 (29,25%)		3,33 (3,36%)	3,07 (3,11%)	
E4	Fy=0	5,56 (5,59%)			2,37 (2,40%)		
	Fy=1/2	1,57 (1,58%)	3,99 (4,01%)		3,67 (3,71%)	-1,29 (-1,31%)	
	Fy=1	-2,42 (-2,43%)	7,97 (8,02%)		4,96 (5,02%)	-2,59 (-2,62%)	
E5	Fy=0	11,11 (11,18%)			4,75 (4,80%)		
	Fy=1/2	3,14 (3,16%)	7,97 (8,02%)		7,34 (7,42%)	-2,59 (-2,62%)	
	Fy=1	-4,83 (-4,86%)	15,94 (16,04%)		9,92 (10,03%)	-5,18 (-5,23%)	

⁽¹⁾ As estimativas de **Gs** e **ΔDE** estão multiplicadas por 100.

E.S. - esquema de seleção.

E1- Seleção recorrente intrapopulacional: US:S1 e UR:S1.

E2- Seleção recorrente intrapopulacional: US:MI-Intrapopulacional e UR:MI-Intrapopulacional.

E3- Seleção recorrente intrapopulacional: US:MI-Intrapopulacional e UR:S1.

E4- Seleção recorrente interpopulacional: US:MI-Interpopulacional e UR:MI-Intrapopulacional.

E5- Seleção recorrente interpopulacional: US:MI-Interpopulacional e UR:S1.

Fy = 0, indica ganho na população