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

Epistasia em testecrosses de milho em ambientes contrastantes para estresse
hídrico

Thiago Ricielli de Paula Aragão

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

Piracicaba
2017

Thiago Ricielli de Paula Aragão
Engenheiro Agrônomo

Epistasia em testecrosses de milho em ambientes contrastantes para estresse hídrico

Orientador:

Prof. Dr. **CLAUDIO LOPES DE SOUZA JUNIOR**

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

Piracicaba
2017

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

Aragão, Thiago Ricielli de Paula

Epistasia em testecrosses de milho em ambientes contrastantes para estresse hídrico / Thiago Ricielli de Paula Aragão. - - Piracicaba, 2017.
179 p.

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

1. Epistasia pleiotrópica 2. Interação epistasia x ambiente 3. *Triple test cross* 4. *Zea mays* L. I. Título

DEDICATÓRIA

À minha amada esposa Vanessa e aos meus queridos pais Avalderedo e Elaine,
Dedico.

A Antônio Jucelino Desidério (*in memoriam*), pela enorme contribuição nos experimentos,
Ofereço.

AGRADECIMENTOS

A Deus, por mais esta conquista.

Ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq), pela concessão da bolsa de estudos.

À Universidade de São Paulo e ao Departamento de Genética da Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, pelo suporte acadêmico.

Ao Prof. Dr. Claudio Lopes de Souza Junior, pela orientação dedicada e exemplar.

Aos professores e funcionários do Departamento de Genética, pelos ensinamentos transmitidos e amizades conquistadas. Em especial, aos funcionários do laboratório de Melhoramento de Milho II: Sr. Ariberto Soares de Oliveira e Guilherme dos Santos Diehl, pela amizade e importante contribuição na condução dos experimentos.

Aos amigos do laboratório de Melhoramento de Milho II: Luciana, Marcela, Melina, Otávio, Paolo e Sueme, pela amizade, conhecimentos compartilhados e apoio em diversas etapas do desenvolvimento deste trabalho. Também a todos ex-alunos que contribuíram para a coleta de dados deste trabalho.

A todos familiares que constantemente me motivaram, em especial ao meu irmão Wallace.

A todos os meus amigos da pós-graduação, graduação e da minha terra natal, por sempre me incentivaram.

Enfim, a todos que, direta ou indiretamente, contribuíram para a realização deste trabalho.

Muito obrigado!

SUMÁRIO

RESUMO.....	6
ABSTRACT	7
1. INTRODUÇÃO	9
2. REVISÃO BIBLIOGRÁFICA	11
2.1. EPISTASIA NA GENÉTICA QUANTITATIVA E NO MELHORAMENTO GENÉTICO	11
2.2. INTERAÇÃO EPISTASIA X AMBIENTE E SUA IMPORTÂNCIA EM CONDIÇÕES DE DÉFICIT HÍDRICO	13
2.3. PLEIOTROPIA E SUA IMPORTÂNCIA NA GENÉTICA QUANTITATIVA	15
2.4. METODOLOGIAS PARA A DETECÇÃO DE EPISTASIA	16
2.4.1. <i>Triple test cross</i>	17
3. MATERIAL E MÉTODOS	19
3.1. MATERIAL GENÉTICO	19
3.2. PROCEDIMENTO EXPERIMENTAL	19
3.3. ANÁLISES DE VARIÂNCIAS	21
3.4. DETECÇÃO DE EPISTASIA NAS ANÁLISES DE VARIÂNCIAS	23
3.5. ESTIMATIVAS DOS EFEITOS EPISTÁTICOS EM TESTECROSSES DE PLANTAS F_2	23
3.6. INTERAÇÃO EFEITOS EPISTÁTICOS X TESTADORES	24
3.7. ESTIMATIVAS DOS COMPONENTES DE VARIÂNCIA E COEFICIENTES DE HERDABILIDADE	25
3.8. ESTIMATIVAS DE COVARIÂNCIAS E COEFICIENTES DE CORRELAÇÃO	27
4. RESULTADOS E DISCUSSÃO	31
4.1. MÉDIAS E PRECISÃO EXPERIMENTAL	31
4.2. ANÁLISES DE VARIÂNCIAS	42
4.3. COMPONENTES DE VARIÂNCIA E COEFICIENTES DE HERDABILIDADE	43
4.4. DETECÇÃO DE EPISTASIA NAS ANÁLISES DE VARIÂNCIAS	52
4.5. DESEQUILÍBRIO DE LIGAÇÃO	56
4.6. EFEITOS EPISTÁTICOS EM TESTECROSSES DE PLANTAS F_2	56
4.6.1. Coincidência de testecrosses com efeitos epistáticos	60
4.7. INTERAÇÃO EFEITOS EPISTÁTICOS X TESTADORES	63
4.8. VARIÂNCIA EPISTÁTICA	66
4.9. PRODUTOS MÉDIOS, COVARIÂNCIAS E COEFICIENTES DE CORRELAÇÃO	67
4.9.1. Produtos médios	67
4.9.2. Covariâncias	68
4.9.3. Coeficientes de correlação	78
5. CONSIDERAÇÕES FINAIS	97
REFERÊNCIAS	99
ANEXOS	107

RESUMO

Epistasia em testecrosses de milho em ambientes contrastantes para estresse hídrico

A epistasia tem sido considerada como um componente importante da herança de caracteres quantitativos, estando presente nos componentes de variância e covariância genética. No entanto, por ser desconsiderada na maioria dos modelos genético-estatísticos, seu impacto nos programas de melhoramento ainda é pouco conhecido. Além disso, como os programas de melhoramento de milho, em especial no Brasil, têm realizado seleção sob condições de estresse hídrico, é importante analisar o efeito desse estresse sobre a epistasia. Assim, este trabalho teve como objetivo a análise genética de caracteres quantitativos em milho, incluindo epistasia e epistasia pleiotrópica, em ambientes contrastantes para estresse hídrico. Foi utilizado o delineamento *triple test cross* modificado com testadores, em que cem progênies $F_{2:3}$ foram retrocruzadas com suas linhagens genitoras L-08-05F e L-38-05D e sua geração F_1 . Posteriormente, as 300 progênies de retrocruzamento foram cruzadas com duas linhagens testadoras, L-02-03D e L-04-05F. Os testecrosses foram avaliados em dez ambientes no município de Piracicaba/SP, sendo cinco ambientes sem estresse hídrico e cinco com estresse hídrico, utilizando o delineamento α -látice em esquema fatorial com duas repetições por ambiente. Os caracteres analisados foram produção de grãos (PG), acamamento e quebramento de plantas (ACQ), prolificidade (PROL), altura da planta (AP) e da espiga (AE), posição relativa da espiga (PRE), florescimento masculino (FM) e feminino (FF) e intervalo entre florescimentos (IF). A presença de epistasia foi detectada para todos os caracteres. No entanto, os grupos de ambientes, sem e com estresse hídrico, e os diferentes testadores afetaram a detecção de epistasia para todos os caracteres, com exceção de PG, PROL e AP em que a epistasia foi detectada em todas as análises de variâncias conjuntas. A interação epistasia x grupos de ambientes foi significativa apenas para os caracteres PG e PROL dos testecrosses provenientes do testador L-02-03D (TC_1) e AP e AE dos testecrosses provenientes do testador L-04-05F (TC_2), enquanto que, a interação epistasia x testadores foi significativa para todos os caracteres. Os efeitos epistáticos de testecrosses referentes às plantas F_2 significativos foram bidirecionais, com exceção do caráter PROL do TC_2 no grupo de ambientes com estresse hídrico, em que os efeitos foram unidirecionais e positivos. Além disso, para cada testador e grupo de ambientes foram detectados efeitos epistáticos significativos para um grupo específico de testecrosses, ocorrendo variações na magnitude e/ou sinais dos testecrosses coincidentes. A presença de epistasia pleiotrópica foi detectada entre diversos pares de caracteres e, além disso, foi observada a formação de agrupamentos de caracteres relacionados, indicando que a epistasia pleiotrópica é modular, porém sofre influência do ambiente, presença ou ausência de estresse hídrico, e dos testadores. Portanto, na população analisada, a epistasia é um componente importante tanto da variância genética de caracteres quantitativos como da covariância genética entre caracteres, indicando que não considerá-la nas análises pode resultar em interpretações que não refletem a real complexidade do controle genético destes caracteres.

Palavras-chave: Epistasia pleiotrópica; Interação epistasia x ambiente; *Triple test cross*; *Zea mays* L.

ABSTRACT

Epistasis in maize testcrosses in contrasting environments for water stress

Epistasis has been considered an important part of quantitative traits inheritance and it is present in the components of genetic variance and covariance. However, its impact on breeding programs is still little-known because it is disregarded in most statistical genetic models. In addition, maize breeding programs, especially in Brazil, have been practicing selection under water stress conditions, so it is important to analyze the effects of these environments on epistasis. In this context, the objective of this study was to perform a genetic analysis of quantitative traits in maize, including epistasis and pleiotropic epistasis, in contrasting environments for water stress. The modified triple test cross design with testers was used, in which 100 $F_{2,3}$ progenies were backcrossed to their parental inbred lines, L-08-05F and L-38-05D, and their F_1 generation. Thereafter, the 300 backcrossed progenies were testcrossed to the inbred lines testers L-02-03D and L-04-05F. The testcrosses were evaluated in Piracicaba, SP, Brazil, in ten environments, which five environments presented water stress and the other five not, in an α -lattice design on a factorial scheme with two replications by environment. The analyzed traits were grain yield (GY), root and stalk lodging (PL), ear per plant (EPP), plant height (PH), ear height (EH), ear placement (EP), days to anthesis (DA), days to silking (DS) and anthesis-silking interval (ASI). Epistasis was detected for all traits. However, the environmental groups and the different testers affected epistasis detection for all traits, except for GY, EPP and PH, in which epistasis was detected in all joint analysis of variance. The interaction epistasis x environments groups was significant only for GY and EPP of testcrosses from the tester L-02-03D (TC₁) and PH and EH of testcrosses from the tester L-04-05F (TC₂), whereas the interaction epistasis x testers was significant for all traits. The significant epistatic effects of testcrosses referring to F_2 plants were bidirectional, except for EPP of TC₂ in the water stress environmental group, where the effects were unidirectional and positives. Besides that, for each tester and environmental group, significant epistatic effects for a specific group of testcrosses were detected, occurring variation in magnitude and/or sign of coincident testcrosses. Pleiotropic epistasis was detected between many pairs of traits and it was observed formation of related traits clusters, suggesting that pleiotropic epistasis is modular, but the modules suffered influence of environments and testers. Therefore, in the population analyzed, epistasis is an important component of genetic variance of quantitative traits and also of genetic covariance between traits, showing that disregarding epistasis in analyses may result in interpretations that do not reflect the real complexity of the genetic control of these traits.

Keywords: Pleiotropic epistasis; Epistasis by environment interaction; Triple test cross; *Zea mays* L.

1. INTRODUÇÃO

Em genética quantitativa, o termo epistasia pode ser definido como desvios que ocorrem quando o efeito combinado de dois ou mais locos não explica o valor genotípico esperado, ou seja, são desvios ocasionados por interações entre dois ou mais locos (Falconer and Mackay 1996). Em virtude do grande número de locos envolvidos na expressão de caracteres quantitativos, Hallauer (2007) relatou que os efeitos epistáticos podem estar sempre presentes nesses caracteres.

No milho, vários estudos têm reportado que a epistasia desempenha um papel importante na expressão de caracteres quantitativos (Wolf and Hallauer 1997; Eta-Ndu and Openshaw 1999; Sofi et al. 2006; Díaz 2011; Silva 2011). Porém, outros estudos têm indicado que a epistasia não é um componente importante na variabilidade genética desses caracteres (Silva and Hallauer 1975; Wolf et al. 2000; Hinze and Lamkey 2003; Mihaljevic et al. 2005; Hauck et al. 2014). Assim, têm sido frequentes as discussões sobre a importância da epistasia no controle de caracteres quantitativos e ainda há controvérsias sobre o seu papel nesses caracteres (Mackay 2014).

O sucesso do melhoramento vegetal depende da natureza, magnitude e confiabilidade dos parâmetros genéticos estimados, pois estes influenciam nas estratégias utilizadas pelos programas de melhoramento. No entanto, a maioria dos estudos em genética quantitativa e melhoramento de plantas consideram apenas os efeitos aditivos e de dominância nos modelos genético-estatísticos, desconsiderando a epistasia, por julgá-la um fenômeno raro e de pouca importância, mesmo que as análises não forneçam um teste válido para tal suposição (Carlborg and Haley 2004; Sofi et al. 2007). Um dos motivos pelo qual a epistasia tem sido desconsiderada é a grande complexidade associada aos modelos genético-estatísticos quando os efeitos epistáticos são incluídos, o que eleva o grau de dificuldade nas análises. Mas a principal causa de negligenciar a epistasia reside no problema da multicolinearidade existente entre os coeficientes das variâncias epistáticas e das variâncias aditiva e dominante, o que dificulta estimar separadamente cada componente da variância genética (Bernardo 2010). Contudo, a falta de poder estatístico para estimar os componentes da variância epistática não implica na ausência dos mesmos (Hallauer 2007).

Além do impacto da epistasia sobre os componentes de variância e sobre as médias dos caracteres (Kearsey and Pooni 1996), a epistasia também pode afetar a covariância entre caracteres, denominada de epistasia pleiotrópica, a qual pode ter um papel importante para a determinação da correlação genética (Wolf et al. 2005; Wolf et al. 2006). A epistasia pleiotrópica, no entanto, ainda não foi analisada para caracteres quantitativos de importância agrônômica no milho, mas sabe-se que esta pode alterar os efeitos de locos pleiotrópicos de forma diferencial entre múltiplos caracteres (Cheverud et al. 2004) e que efeitos epistáticos podem afetar múltiplos caracteres (Wolf et al. 2005). Assim, através da seleção é possível que a covariância entre caracteres se altere (Pavlicev and Hansen 2011; Pavlicev et al. 2011b), o que pode ser vantajoso para o melhoramento genético de milho.

Um dos métodos mais eficientes para a detecção de epistasia em caracteres quantitativos é denominado de *triple test cross* (TTC), desenvolvido por Kearsey and Jinks (1968) como uma extensão do delineamento III de Comstock and Robinson (1952). Posteriormente, Eta-Ndu and Openshaw (1999) propuseram uma modificação do TTC para utilizá-lo em testecrosses, visto que nos programas de desenvolvimento de híbridos a seleção de linhagens superiores é baseada na sua capacidade geral e específica de combinação, avaliadas principalmente por meio de testecrosses. Este método fornece informações sobre a importância da epistasia no desempenho dos testecrosses e sobre a interação epistasia x testador. Além disso, nos poucos trabalhos em que a epistasia pleiotrópica foi analisada, foram utilizadas apenas abordagens envolvendo marcadores moleculares, não havendo relatos de estimativas de covariâncias epistáticas entre caracteres através de delineamentos genéticos como o TTC para nenhuma espécie.

Na cultura do milho tem sido frequente a condução de programas de melhoramento em condições de déficit hídrico, principalmente no Brasil em função do deslocamento da safra de verão para a safrinha. Portanto, há diversos trabalhos que reportaram o impacto do estresse hídrico sobre parâmetros genéticos em milho (Bolaños and Edmeades 1996; Aragão 2012; Almeida et al. 2013; Ziyomo and Bernardo 2013; Beyene et al. 2016). No entanto, nestes trabalhos a presença de epistasia foi desconsiderada, não havendo relatos do impacto do estresse hídrico sobre as variâncias e covariâncias epistáticas. Além disso, enquanto alguns autores têm reportado significativa interação epistasia x ambiente (Moreno-Gonzalez and Dudley 1981; Azizi et al. 2006; Ma et al. 2007; Sofi 2007), outros autores têm reportado que os efeitos epistáticos são consistentes entre ambientes, não detectando interação epistasia x ambiente significativa (Eta-Ndu and Openshaw 1999; Díaz 2011; Mendoza 2011; Silva 2011). Wolf and Hallauer (1997), utilizando o delineamento TTC em milho, observaram que a epistasia pareceu ser mais importante em ambientes extremos, de alta e baixa produtividade, como ocorre na ausência e presença de estresse hídrico, respectivamente, sugerindo assim, que para determinadas populações possa existir um padrão de expressão dos efeitos epistáticos frente aos diversos ambientes de produção. Portanto, é necessário analisar o impacto do estresse hídrico sobre os efeitos epistáticos através da interação epistasia x ambiente e suas implicações para os programas de melhoramento de milho.

Deste modo, este trabalho teve como objetivo a análise genética de caracteres quantitativos em milho, incluindo epistasia e epistasia pleiotrópica, utilizando o delineamento *triple test cross* modificado com testadores em ambientes contrastantes para estresse hídrico.

2. REVISÃO BIBLIOGRÁFICA

2.1. Epistasia na genética quantitativa e no melhoramento genético

Há mais de cem anos, Bateson (1909) introduziu o termo epistasia para descrever a alteração do efeito de um alelo por outro em locos diferentes, resultando em distorções da segregação mendeliana. Pouco depois, Fisher (1918) demonstrou por meio de um modelo genético-estatístico que a epistasia, juntamente com os efeitos aditivos e de dominância, compunha a variância genética e, desde então, a epistasia tem sido estudada na genética quantitativa como desvios que ocorrem quando o efeito combinado de dois ou mais locos não explica o valor genotípico esperado. Assim, os efeitos epistáticos são desvios ocasionados por interações entre dois ou mais locos e, portanto, na presença de epistasia, um fenótipo não poderia ser predito pela simples adição dos efeitos individuais dos locos envolvidos na sua expressão (Falconer and Mackay 1996).

Após Fisher (1918) decompor a variância genética em variância aditiva, dominante e epistática, Cockerham (1954) e Kempthorne (1954), de forma independente e com abordagens diferentes, subdividiram a variância epistática em três componentes, sendo estes aditivo x aditivo ($a \times a$), dominante x dominante ($d \times d$) e aditivo x dominante ($a \times d$ ou $d \times a$). Os mesmos autores também apresentaram os componentes de variância epistática de ordem superior, ou seja, quando três ou mais locos interagem entre si. No entanto, a maioria dos estudos de herança de caracteres quantitativos assume ausência de epistasia e, portanto, a maneira como a epistasia afeta a variação desses caracteres tem sido pouco explorada (Carlborg and Haley 2004). Assim, apenas modelos genéticos com efeitos aditivos e de dominância têm sido utilizados, uma vez que a inclusão de efeitos epistáticos no modelo eleva o grau de dificuldade nas análises genético-estatísticas devido à sua complexidade (Bernardo 2010).

De acordo com Kearsey and Jinks (1968) e Sofi et al. (2007), a ausência de epistasia é assumida em abordagens de genética quantitativa por ser considerada como um fenômeno raro e de pouca importância, mesmo que as análises não forneçam testes válidos para tal suposição. Para Hallauer (2007) é evidente que efeitos epistáticos ocorram em caracteres quantitativos devido ao grande número de locos envolvidos. Nota-se que a quantidade de locos envolvidos na expressão dos caracteres está exponencialmente relacionada com as possíveis combinações epistáticas (Naciri-Graven and Goudet 2003). Assim, Stuber and Moll (1971) também salientaram que a ausência de epistasia é improvável quando caracteres quantitativos são considerados.

Bryant and Meffert (1996) reportaram que a deficiência de evidências claras da presença de epistasia em caracteres quantitativos se origina principalmente da falta de poder estatístico do que da ausência de epistasia *per se*. Segundo Bernardo (2010), o principal problema estatístico em obter estimativas dos componentes da variância epistática está na multicolinearidade existente entre os componentes da variância epistática e variância aditiva e dominante, ficando difícil estimar a variância epistática separadamente das demais. Além disso, a expectativa de que a variância epistática seja menor do que as variâncias aditiva e de dominância, exige que se tenha alto nível de precisão experimental. Nesse sentido, Naciri-graven and Goudet (2003) comentaram que outro fator que prejudica a detecção da variância epistática são as técnicas da análise de variância baseadas no método dos quadrados mínimos, o qual maximiza os efeitos principais e minimiza os efeitos de interação, como os efeitos epistáticos. Contudo, a dificuldade existente para estimar os componentes da variância epistática não implica na ausência ou na pouca importância da mesma (Hallauer 2007).

Experimentos clássicos de genética quantitativa têm demonstrado que a epistasia desempenha um papel importante na herança dos caracteres quantitativos (Melchinger et al. 2007). Recentemente, Huang et al. (2012),

analisando a arquitetura genética de caracteres quantitativos em drosófila com marcadores SNP (*single nucleotide polymorphism*), concluíram que a epistasia foi o principal fator determinante da variação desses caracteres e que a arquitetura genética dos mesmos é dominada pelas interações inter-alélicas. Também Jia et al. (2014), por meio de mapeamento associativo, observaram que a epistasia é a base genética da produção de fibras e componentes da produção em algodão. Segundo Howard et al. (2014), os estudos de mapeamento associativo têm detectado interações epistáticas ao longo de todo o genoma, revelando que a epistasia não é a exceção, mas a forma mais prevalente na arquitetura genética de caracteres quantitativos. Mackay (2014) indica que a presença de epistasia é uma característica comum na arquitetura genética de caracteres quantitativos em organismos modelos, como o milho, podendo ser estendida a outros organismos cujas interações epistáticas são mais difíceis de serem detectadas.

Diversos trabalhos têm reportado a contribuição da epistasia na expressão da heterose em milho (Wolf and Hallauer 1997; Melchinger et al. 2007; Tang et al. 2010; Melo et al. 2014). Além disso, a epistasia tem sido relacionada à depressão por endogamia e aos efeitos de sobredominância (Lynch 1991; Li et al. 2001), podendo também, estar envolvida em diversos eventos evolutivos como na adaptabilidade a ambientes específicos e a novos tipos de estresse, divergência e especiação (de Visser et al. 2011; Hansen 2013; Joshi and Prasad 2014; Lagator et al. 2014). Ainda, segundo Causse et al. (2007) e Mackay (2014), a presença de epistasia pode ter importantes consequências nos programas de melhoramento genético em relação ao sucesso na detecção, introgressão e caracterização de genes ou QTL (*quantitative trait loci*), visto que na presença de epistasia o efeito fenotípico de um gene pode ser alterado em magnitude e/ou direção, de acordo com o *background* genético em que esse se encontra. Também, caso o programa de melhoramento utilize seleção genômica ampla (*genome wide selection* – GWS), na presença de epistasia, a predição dos valores genéticos pode ser prejudicada quando existem frequências alélicas diferentes entre a população de treinamento e as populações de validação.

Por compor a variância genética, aditiva e dominante, a presença de epistasia também pode afetar a resposta à seleção (Cheverud and Routman 1995; Cheverud and Routman 1996; Bernardo 2010). Assim, durante o processo de seleção, conforme ocorrem as alterações nas frequências alélicas e, portanto, no *background* genético, o efeito de um alelo pode mudar durante a seleção devido às alterações das interações inter-alélicas (Carter et al. 2005). A influência da epistasia na variância genética aditiva já é bem discutida na literatura, em particular sobre como a presença de variância epistática, mesmo quando pequena, pode limitar ou até reverter a perda de variância aditiva por deriva genética quando uma população passa por um efeito de gargalo, ou seja, a fixação de alelos em locos epistáticos pode “converter” variância epistática em variância aditiva (Goodnight 1988; Cheverud and Routman 1996; Naciri-Graven and Goudet 2003; Bernardo 2010). Entretanto, esse efeito não é restrito apenas à deriva genética, outros processos que alterem as frequências alélicas, como a seleção, podem afetar de forma similar a variância genética aditiva (Jannink 2003).

A epistasia também pode afetar positivamente a resposta à seleção quando combinações favoráveis de locos que interagem entre si estão em desequilíbrio de ligação. Porém, se a seleção for reduzida, essas combinações favoráveis podem ser dissipadas em condições de cruzamentos aleatórios, visto que a ligação entre locos é continuamente quebrada por recombinação e, portanto, nestas condições o ganho seria transitório e não permanente (Griffing 1960; Hansen 2013). Entretanto, a manutenção e acúmulo de combinações epistáticas favoráveis podem ocorrer em populações base quando estas forem desenvolvidas a partir do cruzamento de linhagens aparentadas, linhagens do mesmo grupo heterótico ou linhagens elites recicladas (Wolf and Hallauer 1997).

Rasmusson and Philips (1997) relataram que o ganho contínuo no melhoramento de populações depende, em grande parte, do acúmulo de alelos favoráveis com ação aditiva ou epistática do tipo $a \times a$, mas que também a

quebra de ligação entre locos próximos e a formação de novas combinações epistáticas podem assegurar ganhos durante muitos ciclos de seleção, visto que novas combinações epistáticas são continuamente produzidas por recombinação e outras fontes de variabilidade genética e epigenética. Assim, além do aumento na resposta à seleção no curto prazo, há relatos de que na presença de epistasia a resposta à seleção pode se manter por mais tempo a longo prazo em relação à ausência de epistasia (Jannink 2003). Nesse sentido, Goodnight (2004) propôs que a epistasia deve ser considerada como uma possível causa da contínua resposta à seleção no programa de seleção recorrente de longo prazo da Universidade de Illinois para alto teor de óleo e proteína em grãos de milho, que apresenta atualmente mais de 100 gerações de seleção. Ainda segundo Bernardo (2010), em culturas com base genética estreita, a conversão da variância epistática em variância aditiva é um mecanismo específico pelo qual o progresso com a seleção pode ser mantido.

Hallander and Waldmann (2007), utilizando simulações, reportaram que na presença de epistasia $a \times a$ pode ocorrer um aumento da variância genética aditiva durante o processo de seleção truncada e, conseqüentemente, maior resposta à seleção ao longo do tempo. Portanto, de acordo com Walsh (2005), na presença de epistasia $a \times a$ e de ordens superiores ($a \times a \times a$, ...) em populações de cruzamento aleatório, a resposta à seleção torna-se inflacionada, podendo desviar significativamente do esperado na ausência de epistasia. Isto ocorre devido à covariância genética entre genitores e suas progênes, a qual envolve além de efeitos aditivos, efeitos epistáticos.

Todavia, apesar de todos os fatores expostos, Crow (2010) relatou que a variância epistática apresenta um efeito mínimo sobre a predição da resposta à seleção e, portanto, os melhoristas devem continuar a ignorar esse efeito durante o processo de seleção, pois segundo o autor, a inclusão da epistasia na predição pode ser mais prejudicial do que benéfica. No caso dos programas voltados para a obtenção de híbridos, Lamkey et al. (1995) indicam que a presença de epistasia em linhagens de milho não deve afetar significativamente os programas de melhoramento, uma vez que durante o processo de obtenção das linhagens, as avaliações destas são realizadas em testecrosses com linhagens elites. Assim, combinações epistáticas favoráveis podem ser fixadas no processo final de obtenção das linhagens, as quais teriam boa capacidade específica de combinação. Portanto, diante de todo o exposto, nota-se que ainda não há um consenso sobre os efeitos da epistasia na variação e herança de caracteres quantitativos e nos programas de melhoramento.

2.2. Interação epistasia x ambiente e sua importância em condições de déficit hídrico

Alguns trabalhos em milho têm indicado que os efeitos epistáticos são fortemente dependentes do ambiente, apresentando interação significativa para caracteres de importância agronômica. Moreno-Gonzalez and Dudley (1981) não detectaram epistasia para diversos caracteres, mas observaram interação epistasia x ambiente significativa, indicando que a importância dos efeitos epistáticos foi reduzida pela interação com ambientes. Já Wolf and Hallauer (1997), utilizando o delineamento *triple test cross* (TTC), detectaram epistasia em diversos ambientes analisados, porém observaram que a interação epistasia x ambiente foi mais importante do que a epistasia *per se*. Utilizando marcadores moleculares, Ma et al. (2007) também identificaram interação entre os efeitos epistáticos dos QTL com ambientes. No entanto, outros autores têm reportado que os efeitos epistáticos são consistentes entre ambientes, não apresentando interação epistasia x ambiente para diversos caracteres em milho (Eta-Ndu and Openshaw 1999; Díaz 2011; Mendoza 2011; Silva 2011). Portanto, esses relatos indicam que são necessários estudos para analisar o efeito ambiental sobre a epistasia em milho. Além disso, em todos esses trabalhos os ambientes foram

compostos por locais, anos ou combinações de locais x anos, sendo assim, de extrema importância analisar a interação epistasia x ambientes quando estes diferem pela presença ou ausência de déficit hídrico.

Segundo Zaidi et al. (2016), o melhoramento genético para a tolerância ao déficit hídrico é uma das prioridades da maioria dos programas de melhoramento de milho nos trópicos. Atualmente o déficit hídrico é uma das principais restrições para a agricultura em todo o mundo, sendo a cultura do milho severamente afetada (Almeida et al. 2013). Como resultado, muitas pesquisas relacionadas ao melhoramento de milho sob estresse hídrico têm sido conduzidas, havendo especial interesse para o Brasil, cuja produção de milho está concentrada na segunda safra, caracterizada pela presença de déficit hídrico no decorrer do desenvolvimento da cultura.

Alguns trabalhos têm abordado a importância da epistasia no controle da herança de diversos caracteres em milho na ausência e presença de estresse hídrico. Khan et al. (2016), por meio de análises de médias de gerações, reportaram que a epistasia do tipo $a \times a$ foi importante na herança do caráter produção de grãos na presença de estresse hídrico, enquanto na ausência deste estresse foi detectada epistasia do tipo $d \times d$. Para altura da planta foi detectada epistasia $a \times a$ tanto na presença como na ausência de estresse, no entanto os efeitos epistáticos foram superiores na presença de estresse. Para os componentes da produção, os autores relataram que a epistasia $a \times a$ foi importante para o caráter peso de 100 grãos apenas na ausência de estresse hídrico, enquanto as epistasias $a \times a$, $a \times d$ e $d \times d$ foram detectadas para o caráter número de grãos por fileira da espiga na presença de estresse hídrico. No entanto, não foram realizadas análises entre essas condições ambientais para analisar a interação dos efeitos epistáticos x ambientes.

Hussain et al. (2016), também utilizando a análise de médias de gerações, reportaram que os efeitos epistáticos para caracteres relacionados à qualidade dos grãos de milho foram importantes na herança desses caracteres, no entanto a magnitude e significância dos efeitos epistáticos variaram entre os diferentes regimes hídricos e entre as combinações de genitores. Por exemplo, para a porcentagem de proteína no grão na ausência de estresse hídrico, a epistasia $a \times d$ foi detectada para a maioria dos cruzamentos, em comparação aos efeitos epistáticos $a \times a$ e $d \times d$, mas na presença de estresse hídrico, houve predomínio dos efeitos epistáticos $a \times d$ e $d \times d$ na maioria dos cruzamentos. Para o teor do aminoácido triptofano, os efeitos epistáticos $a \times d$ e $d \times d$ foram importantes para a maioria dos cruzamentos em ambos os regimes hídricos, enquanto que, para o teor de lisina, os efeitos epistáticos variaram consideravelmente entre os cruzamentos e regimes hídricos.

Singh and Gupta (2008), utilizando o delineamento TTC em condições de déficit hídrico, reportaram a presença de epistasia para diversos caracteres agrônômicos e fisiológicos em três diferentes populações de milho, indicando que a epistasia é um componente importante da herança de caracteres sob estresse hídrico. Messmer et al. (2009) reportaram que as interações epistáticas de QTL para produção de grãos e caracteres secundários em milho, sob diferentes regimes hídricos, não foram consistentes entre os experimentos de forma geral. Além disso, foi relatado que a estabilidade dos QTL reduziu quando os dados foram analisados de forma conjunta na presença e ausência de estresse hídrico, indicando que a base genética dos caracteres difere de acordo com as condições hídricas e, portanto, a melhor abordagem para os programas de melhoramento visando a tolerância ao déficit hídrico é a seleção de genótipos nesta condição.

Em vista disso, de modo geral, são poucos os trabalhos que analisaram a presença da epistasia em milho sob condições de déficit hídrico e, assim, o entendimento do papel da epistasia na expressão dos caracteres sob essas condições é muito limitado. No entanto, a epistasia também tem sido reportada como um componente importante da herança de caracteres fisiológicos relacionados à tolerância ao déficit hídrico e de caracteres de importância agrônômica sob estresse hídrico em diversas culturas, como por exemplo, em algodão (Saleem et al. 2015),

amendoim (Ravi et al. 2011), arroz (Sandhu et al. 2014), feijão (Hinkossa et al. 2013), grão de bico (Varshney et al. 2014) e soja (Yang et al. 2014).

A epistasia também tem sido identificada como um importante componente genético para a tolerância de diversos tipos de estresse em milho, como para acidez e salinidade do solo (Ceballos et al. 1998; Khan and McNeilly 2005). Para Wolf and Hallauer (1997) a epistasia parece ser mais importante em ambientes extremos, como ambientes de alta e baixa produtividade, porém os efeitos epistáticos detectados nesse estudo foram mais pronunciados nos ambientes de estresse em relação aos ambientes de alta produtividade. Hauck et al. (2014) também fizeram essa associação entre a detecção de epistasia e ambientes extremos em milho. Jinks et al. (1973), em fumo, relataram que a epistasia também foi identificada com maior frequência e magnitude em ambientes extremos, porém populações diferentes apresentaram padrões epistáticos diferentes. Por outro lado, dentre outros autores, Velásquez et al. (2008) não encontraram essa relação entre ambientes extremos e a importância da epistasia.

Desse modo, esses resultados reforçam a necessidade de se conduzir experimentos em vários ambientes a fim de se obter estimativas de componentes genéticos confiáveis, uma vez que a herança de caracteres quantitativos é complexa, podendo variar entre condições ambientais divergentes. Assim, para que haja sucesso nos programas de melhoramento sob condições de déficit hídrico, ou em outras condições ambientais, é necessário considerar tanto as interações dos locos com o ambiente, como as interações entre os locos (Bänziger and Araus 2007).

2.3. Pleiotropia e sua importância na genética quantitativa

O termo pleiotropia foi introduzido por Plate (1910) um ano após o termo epistasia (Bateson 1909), também para explicar inconsistências observadas na segregação mendeliana, descrito como um fenômeno em que um gene afeta dois ou mais caracteres. Portanto, ambos os termos são vistos como exceções do paradigma de que um único gene afeta um único fenótipo. Apesar disso, tanto a pleiotropia como a epistasia não devem ser consideradas como desvios raros das segregações mendelianas, mas sim ubíquos, sendo, portanto, componentes fundamentais das análises genéticas (Tyler et al. 2009; Darabos et al. 2014).

A partir da introdução do termo, o conhecimento sobre a base genética da pleiotropia tem se expandido e um relato histórico completo da pleiotropia nos últimos 100 anos foi apresentado por Stearns (2010). Segundo este autor, muitos estudos têm analisado a extensão da pleiotropia no genoma, se universal ou modular. Fisher (1930), de forma implícita, e Wright (1968), de forma explícita, assumiram que a pleiotropia é universal, ou seja, qualquer gene de um genoma tem o potencial para afetar todos os caracteres de alguma forma, direta ou indiretamente. No entanto, diversos experimentos realizados para tal suposição têm suportado que a pleiotropia é limitada a conjuntos de caracteres relacionados, sugerindo predomínio de pleiotropia modular, em que alguns genes podem apresentar efeitos pleiotrópicos extensivos sobre caracteres dentro de módulos, mas de forma limitada em relação ao fenótipo como um todo (Welch and Waxman 2003; Stearns 2010; Balestre et al. 2012; Darabos et al. 2014; Tyler et al. 2014). Segundo Tyler et al. (2014), definir se a pleiotropia é universal ou modular tem impacto em como os locos pleiotrópicos são afetados pela seleção.

Além disso, de modo geral, a pleiotropia tem ampla aplicação em diversas áreas da biologia (Wang et al. 2010), com um importante papel no estudo da arquitetura genética de caracteres quantitativos, em que a análise de caracteres isoladamente limita o estudo da herança complexa desses caracteres e o desenvolvimento de novas estratégias de seleção (Balestre et al. 2012). A pleiotropia é importante para o melhoramento de plantas também por gerar correlações genéticas entre caracteres de importância econômica, o que pode ser observado também através do

desequilíbrio de ligação. No entanto, a correlação oriunda de desequilíbrio de ligação pode ser temporária em função da distância entre locos ligados, enquanto a correlação oriunda de locos pleiotrópicos é considerada estável (Balestre et al. 2012). Apesar disso, a distinção entre locos fisicamente ligados e locos pleiotrópicos é frequentemente um desafio (Flint and Mackay 2009). Conhecer as magnitudes dos coeficientes de correlação genética entre caracteres é importante no melhoramento de plantas devido às suas implicações para a seleção. Conforme Vencovsky and Barriga (1992), a seleção em um caráter x pode alterar a média do caráter y , ou seja, pode haver resposta correlacionada à seleção. Além disso, a seleção indireta para o caráter y pode ser mais eficiente selecionando-se apenas o caráter x , dependendo da magnitude do coeficiente de herdabilidade de x e y e do coeficiente de correlação genética entre esses caracteres (Falconer and Mackay 1996).

Além da correlação genética resultante de pleiotropia e desequilíbrio de ligação, Wolf et al. (2005) mostraram que a epistasia também pode afetar múltiplos caracteres simultaneamente (epistasia pleiotrópica), afetando a covariância e correlação entre caracteres. Segundo Cheverud et al. (2004), as covariâncias oriundas de locos pleiotrópicos podem variar em função das interações epistáticas e, conseqüentemente, entre diferentes *backgrounds* genéticos, o que pode ser útil para o melhoramento genético. Portanto, a epistasia desempenha um papel central para que ocorram alterações nos efeitos de locos pleiotrópicos. No entanto, apesar de importante, a epistasia não é a única base para a alteração da pleiotropia, a qual pode ocorrer também por mutações e duplicação de locos pleiotrópicos (Armbruster et al. 2014).

Assim, apesar da pleiotropia e epistasia serem amplamente subestimadas e por vezes desconsideradas nos estudos da arquitetura genética dos caracteres quantitativos (Darabos et al. 2014), essas são características centrais da arquitetura genética dos caracteres (Tyler et al. 2009), sendo consideradas fenômenos inseparáveis por diversos autores e, dessa forma, a análise conjunta de epistasia e pleiotropia, por meio da epistasia pleiotrópica, pode resultar em melhor entendimento da herança de caracteres morfológicamente ou funcionalmente correlacionados (Balestre et al. 2012).

2.4. Metodologias para a detecção de epistasia

Diferentes métodos têm sido utilizados na literatura para detectar a presença de epistasia em plantas. Entre esses, os mais conhecidos são os que se baseiam em análises de médias de gerações (Mather 1949; Hayman 1958), na análise de cruzamentos triplos ou *triple test cross* (TTC) (Kearsey and Jinks 1968) e em marcadores moleculares e mapeamento de QTL (Kao et al. 1999; Dudley 2008).

A metodologia proposta por Mather (1949) tem sido bastante utilizada, porém, os efeitos genéticos aditivos, de dominância e epistáticos que compõem o modelo não são testados de forma independente, impedindo a interpretação individual de cada efeito (Stuber and Moll 1971). Além disso, devido aos efeitos epistáticos não serem unidirecionais, as metodologias baseadas em médias de gerações podem não detectar a presença de epistasia pelo simples fato dos efeitos epistáticos positivos e negativos poderem se anular ou apresentar valores muito pequenos para poderem ser detectados (Eta-Ndu and Openshaw 1999).

O método TTC desenvolvido por Kearsey and Jinks (1968), tem se destacado nos estudos da herança dos caracteres quantitativos. Por se tratar de uma análise relativamente simples e altamente informativa, esse método tem sido utilizado para estudar a arquitetura genética de caracteres em diversas culturas, sendo capaz de testar a presença da epistasia e fornecer estimativas das variâncias aditiva, de dominância e epistática.

Com o advento dos marcadores moleculares e dos modelos de mapeamento de QTL, metodologias empregando estas ferramentas também têm sido utilizadas para analisar as interações entre locos envolvidos no controle de caracteres complexos (Kao et al. 1999; Dudley 2008). No entanto, a estimativa de epistasia entre dois QTL pode estar confundida por outro QTL segregante. Além disso, devido ao elevado nível de probabilidade estatística que incorre sobre testes múltiplos, a detecção de interações epistáticas pode ser dificultada e, nesse caso, seria possível que apenas interações extremamente fortes fossem detectadas. Assim, a maioria dos estudos avaliam apenas QTL de efeito aditivo e de dominância e o mapeamento de interações epistáticas continua sendo um desafio estatístico, experimental e computacional (Mackay 2014). Apesar disso, negligenciar interações epistáticas pode resultar em superestimação dos efeitos individuais dos QTL (Carlborg and Haley 2004).

2.4.1. Triple test cross

Originalmente, Opshal (1959) propôs o delineamento genético TTC para a detecção da epistasia em populações F_2 . Segundo o autor, na ausência de epistasia, a soma das médias dos retrocruzamentos para cada um dos genitores é igual a duas vezes a média resultante do retrocruzamento com a geração F_1 . Posteriormente, o TTC foi desenvolvido como uma extensão do delineamento III de Comstock and Robinson (1952) por Kearsey and Jinks (1968). Nesse procedimento, progênies de retrocruzamento são obtidas pelo cruzamento de uma amostra aleatória de n plantas de uma população F_2 com três testadores, L_1 , L_2 e L_3 . Os testadores L_1 e L_2 são as linhagens endogâmicas genitoras da população F_2 e o testador L_3 é o híbrido simples (F_1) produzido do cruzamento entre L_1 e L_2 . Assim, são gerados três grupos de progênies, L_{1i} , L_{2i} e L_{3i} , em que L_{1i} representa a progênie obtida do cruzamento envolvendo o testador L_1 e a i -ésima planta F_2 , L_{2i} representa a progênie obtida do cruzamento envolvendo o testador L_2 e a i -ésima planta F_2 e L_{3i} representa o terceiro grupo de progênie, obtida do cruzamento envolvendo o testador L_3 e a i -ésima planta F_2 , com i variando de 1 a n plantas F_2 . Dessa forma, o delineamento é constituído por $3n$ progênies a serem avaliadas em experimentos com repetições.

Nesse método, três contrastes ortogonais são calculados considerando as médias dos três grupos de progênies. O contraste $C_{1i} = \bar{L}_{1i} + \bar{L}_{2i} - 2\bar{L}_{3i}$ permite testar a presença de epistasia, o contraste $C_{2i} = \bar{L}_{1i} - \bar{L}_{2i}$ permite testar e estimar a variância aditiva e o contraste $C_{3i} = \bar{L}_{1i} + \bar{L}_{2i} - 2\bar{L}_{3i}$ permite testar e estimar a variância de dominância. Assim, o TTC fornece um teste independente para a epistasia, devido à ortogonalidade existente entre os contrastes. Além disso, apresenta precisão na forma em que a epistasia é testada, pois independe das frequências alélicas, do número de locos, do nível de endogamia e da ocorrência de desequilíbrio de ligação na população. O TTC permite ainda investigar populações segregantes e não-segregantes, pertencentes a diferentes gerações como F_2 , retrocruzamentos e linhagens homozigóticas, independente do sistema de reprodução da espécie (Kearsey and Jinks 1968).

Diversas modificações do delineamento TTC de Kearsey and Jinks (1968) foram propostas, porém são baseadas apenas em dados de desempenho das progênies *per se*. Como nos programas de melhoramento de milho as linhagens endogâmicas são produzidas e selecionadas tanto por suas performances *per se* como pelo desempenho de seus híbridos, a seleção de linhagens superiores é baseada na sua capacidade geral e específica de combinação. Dessa forma, as linhagens são frequentemente avaliadas por meio de testecrosses e, assim, Eta-Ndu and Openshaw (1999) propuseram uma modificação do TTC para utilizá-lo em testecrosses. Nesta modificação são avaliados, ao invés das progênies *per se* (L_{1i} , L_{2i} e L_{3i}), os testecrosses destas progênies, sendo os testadores linhagens endogâmicas. Os

autores demonstraram que esta modificação do TTC utilizando testadores segue o mesmo princípio do TTC original proposto por Kearsy and Jinks (1968). No entanto, a variância genética de testecrosses contém apenas variância aditiva, não sendo possível estimar a variância de dominância. Consequentemente, é possível detectar somente epistasia do tipo aditiva x aditiva ($a \times a$) nessa modificação do TTC. Assim, o cruzamento das progênies provenientes do TTC com testadores fornece informações sobre a importância da epistasia $a \times a$ no desempenho dos testecrosses e sobre a interação epistasia x testador.

Eta-Ndu and Openshaw (1999) detectaram epistasia para o caráter produção de grãos em testecrosses oriundos de duas populações avaliadas em cruzamentos com dois testadores, enquanto que, pela análise de médias de gerações, a presença de epistasia não foi evidenciada, reforçando o maior poder de detecção do TTC. Também para dados de testecrosses, Bauman (1959) apresentou um delineamento em que duas linhagens genitoras e seu híbrido simples são cruzados com linhagens testadoras, posteriormente estendido por Gorsline (1961) para híbridos simples e seus híbridos duplos. No entanto, este método é limitado pela detecção de apenas uma pequena parcela da epistasia e pela presença de desequilíbrio de ligação.

3. MATERIAL E MÉTODOS

3.1. Material genético

As linhagens endogâmicas L-08-05F (grãos duros e alaranjados) e L-38-05D (grãos dentados e amarelos), alocadas em grupos heteróticos distintos, foram utilizadas como parentais, sendo derivadas da população IG-1 e do híbrido simples utilizado como genitor feminino do híbrido duplo BR-201, respectivamente, e apresentam divergência genética para diversos caracteres e alta capacidade específica de combinação para produção de grãos (Aguiar et al. 2003). Estas linhagens foram cruzadas e a geração F_1 foi autofecundada para a obtenção da população F_2 . Uma amostra de 100 plantas da população F_2 foi autofecundada para dar origem a 100 progênies $F_{2,3}$, as quais foram retrocruzadas com ambas as linhagens genitoras e sua geração F_1 , resultando em 300 progênies de retrocruzamento (RC_1 , RC_2 e RC_3 , respectivamente) segundo o delineamento *triple test cross* (TTC) (Kearsey and Jinks 1968). Estas progênies de retrocruzamento foram cruzadas com testadores conforme modificação do TTC (Eta-Ndu and Openshaw 1999), sendo utilizadas as linhagens endogâmicas L-02-03D (grãos dentados e amarelos, T_1) e L-04-05F (grãos duros e alaranjados, T_2) como testadoras, gerando assim 600 testecrosses (TC), sendo 300 TC_1 e 300 TC_2 , respectivamente. A linhagem testadora L-02-03D foi extraída da população IG-2 e a L-04-05F da população IG-1. Estas linhagens pertencem a grupos heteróticos distintos e são consideradas elites por apresentarem boa performance *per se* e em cruzamentos (Santos et al. 2005; Santos 2008).

Foram utilizadas progênies $F_{2,3}$, as quais possuem em média a mesma constituição gamética da planta F_2 que lhe deu origem, ao invés das plantas F_2 *per se*, como artifício para obter sementes suficientes de progênies de retrocruzamento e facilitar os cruzamentos com as linhagens genitoras e a geração F_1 . Os cruzamentos foram realizados em lotes isolados de despendoamento manual na Estação Experimental Anhembi, pertencente ao Departamento de Genética da ESALQ/USP, no ano agrícola 2007/08, em que as progênies $F_{2,3}$ foram utilizadas como fêmeas em todos os cruzamentos. Foi utilizada uma proporção de três linhas de fêmeas para cada linha de macho, em cada lote isolado, sendo que cada linha continha 6,00 m de comprimento com 30 plantas espaçadas a 0,20 m após o desbaste. Para que houvesse coincidência entre florescimentos, as linhas de machos foram semeadas em três épocas, cinco dias antes, no dia e cinco dias após a semeadura das linhas de fêmeas, sendo semeados dois metros para cada época de semeadura.

Para a obtenção dos testecrosses, os cruzamentos foram realizados no inverno de 2008 em dois lotes isolados de despendoamento na Estação Experimental do Departamento de Genética da ESALQ/USP, de forma análoga àquela utilizada para obter as progênies de retrocruzamento, em que as progênies de retrocruzamento foram utilizadas como fêmeas e as linhagens testadoras como machos. As sementes de cada linha de fêmea foram colhidas separadamente, misturadas e identificadas para a montagem dos experimentos com os 300 testecrosses de cada testador. Todas as linhagens utilizadas foram derivadas de germoplasma tropical e desenvolvidas pelo Programa de Melhoramento de Milho do Departamento de Genética da ESALQ/USP.

3.2. Procedimento experimental

Os testecrosses foram avaliados nos anos agrícolas de 2008/09 e 2009/10 em dez ambientes, sendo a combinação local x ano agrícola considerada como um ambiente distinto. Os locais de avaliação foram nas Estações

Experimentais Anhembi, Areão e Caterpillar, todas pertencentes à ESALQ/USP e localizadas no município de Piracicaba, SP. No decorrer das avaliações, verificou-se que em alguns experimentos, apesar de não ter sido mensurada, houve uma deficiência hídrica acentuada, a qual resultou em queda na produtividade média de 38,90% nos testecrosses avaliados em ambientes sob estresse hídrico em relação aos ambientes sem estresse hídrico. Assim, os ambientes foram divididos em dois grupos, sem e com estresse hídrico (Tabela 1). Procedimentos similares foram adotados por DeLougherty and Crookston (1979), Veldboom and Lee (1996a, b), Wolf and Hallauer (1997) e Austin and Lee (1998). No grupo sem estresse hídrico (SE) houve irrigação suplementar quando necessária em três dos cinco ambientes, enquanto no grupo com estresse hídrico (CE) nenhum ambiente recebeu irrigação. O preparo do solo e demais tratos culturais foram realizados da mesma forma em todos os ambientes, seguindo recomendações técnicas.

Tabela 1. Grupos e seus respectivos ambientes, locais, anos agrícolas, datas de plantio, presença ou ausência de irrigação e produtividade de grãos

Grupo	Ambiente	Localização ^c	Ano Agrícola	Data de Plantio	Irrigação	Produtividade de grãos (t ha ⁻¹) ^d
SE ^a	1	E. E. Anhembi-I	2008/09	19/11/08	presente	10,06
	2	E. E. Anhembi-III	2008/09	18/11/08	presente	9,79
	3	E. E. Caterpillar-I	2009/10	10/11/09	ausente	9,26
	4	E. E. Anhembi-I	2009/10	04/11/09	presente	9,00
	5	E. E. Areão	2008/09	10/12/08	ausente	8,74
Média						9,37
CE ^b	6	E. E. Anhembi-IV	2009/10	21/12/09	ausente	6,93
	7	E. E. Anhembi-II	2008/09	12/01/09	ausente	6,91
	8	E. E. Anhembi-II	2009/10	25/11/09	ausente	6,49
	9	E. E. Caterpillar-I	2008/09	14/01/09	ausente	4,47
	10	E. E. Caterpillar-II	2009/10	11/02/10	ausente	3,83
Média						5,73

^a Sem estresse hídrico.

^b Com estresse hídrico.

^c Estação experimental (E.E.).

^d Médias gerais referentes aos 600 testecrosses.

Os TC₁ e TC₂ foram avaliados em experimentos separados, porém em áreas adjacentes no mesmo ambiente. O delineamento experimental utilizado foi o α -látice 15x20, no esquema fatorial duplo, com duas repetições por ambiente, em que o primeiro fator corresponde aos testecrosses referentes à *i*-ésima planta F₂ (*i* = 1, ..., 100) e o segundo fator aos testecrosses referentes à *j*-ésima geração de retrocruzamento (*j* = 1, 2, 3). Cada parcela foi constituída de uma linha de 4,00 m com espaçamento entre plantas de 0,20 m e entre parcelas de 0,80 m, correspondendo, após o desbaste, a uma população de 62.500 plantas ha⁻¹.

Foram coletados dados dos caracteres florescimento masculino e feminino: número de dias transcorridos desde a data do plantio até que 50,00% das plantas da parcela apresentassem antese e estilo-estigmas visíveis,

respectivamente; altura da planta e da espiga: em cm, obtidos após o florescimento, em cinco plantas competitivas mensuradas a partir do nível do solo à altura da inserção da folha bandeira e à inserção da primeira espiga, respectivamente; estande: número total de plantas em cada parcela na época da colheita; plantas acamadas: obtido na época da colheita, em número total de plantas apresentando ângulo de inclinação em relação ao vertical igual ou maior que 30°; plantas quebradas: número total de plantas com o colmo quebrado abaixo da primeira espiga; número de espigas: total de espigas em cada parcela, em que, espigas pequenas, mal formadas, com poucos grãos e/ou fora dos padrões da parcela foram reunidas em grupos de duas ou mais e consideradas como uma única espiga; produção de grãos: peso de grãos da parcela, em gramas parcela⁻¹; e, umidade de grãos: em %, mensurada em amostras retiradas de cada parcela. Ressalte-se que os caracteres florescimento masculino e feminino foram avaliados em apenas oito ambientes.

Os caracteres utilizados nas análises foram: produção de grãos (PG), em t ha⁻¹, ajustado para 15,50% de umidade e estande médio; acamamento e quebramento de plantas (ACQ), obtido pela divisão entre o somatório de plantas acamadas e quebradas e o estande, transformado para $\sqrt{x\% + 0,50}$, em que $x\%$ é a porcentagem de plantas acamadas e quebradas na parcela, ajustado para o estande médio e expresso em porcentagem; prolificidade (PROL), obtido pela divisão entre o número de espigas e o estande, expresso em espigas planta⁻¹ (esp pl⁻¹) e ajustado para o estande médio; altura da planta (AP), em cm planta⁻¹ (cm pl⁻¹), sendo a média de cinco plantas por parcela; altura da espiga (AE), em cm pl⁻¹, sendo a média de cinco plantas por parcela; posição relativa da espiga (PRE): AE/AP; florescimento feminino (FF), em dias; florescimento masculino (FM), em dias; e, intervalo entre florescimentos (IF): FF – FM, em dias.

3.3. Análises de variâncias

As análises de variâncias foram realizadas utilizando o PROC GLM do programa computacional SAS 9.2 (SAS Institute Inc 2008). A distribuição dos dados foi testada para normalidade dos resíduos a partir do teste de Shapiro-Wilk (Shapiro and Wilk 1965) e as variâncias dos erros foram testadas para homogeneidade, utilizando o teste de Hartley (Hartley 1950) antes de proceder cada análise.

As análises de variâncias individuais foram realizadas para cada caráter e experimento, utilizando o seguinte modelo matemático, eq. (1):

$$Y_{ijkl} = \mu + p_i + g_j + (pg)_{ij} + r_k + b_{l(k)} + \varepsilon_{ijkl} \quad (1)$$

em que, Y_{ijkl} é o valor referente ao testecross proveniente da i -ésima planta F₂, na j -ésima geração de retrocruzamento, no l -ésimo bloco, na k -ésima repetição; μ é a média geral; p_i é o efeito aleatório de testecross referente à i -ésima planta F₂, sendo $i = 1, \dots, 100$; g_j é o efeito fixo da j -ésima geração de retrocruzamento, sendo $j = 1, 2, 3$; $(pg)_{ij}$ é o efeito aleatório da ij -ésima interação testecrosses x gerações de retrocruzamento; r_k é o efeito aleatório da repetição k , sendo $k = 1, 2$; $b_{l(k)}$ é o efeito aleatório do bloco l dentro da repetição k , sendo $l = 1, \dots, 20$; ε_{ijkl} é o erro experimental associado à observação Y_{ijkl} .

Posteriormente, foram realizadas análises de variâncias conjuntas por grupo de ambientes sem e com estresse hídrico, utilizando as médias ajustadas e os quadrados médios dos erros efetivos das análises de variâncias individuais, com base no seguinte modelo matemático, eq. (2):

$$Y_{ijm} = \mu + p_i + g_j + (pg)_{ij} + e_m + (pe)_{im} + (ge)_{jm} + (pge)_{ijm} + \bar{e}_{ijm} \quad (2)$$

em que, Y_{ijm} é o valor referente ao testecross proveniente da i -ésima planta F₂, na j -ésima geração de retrocruzamento, no m -ésimo ambiente; μ é a média geral; p_i é o efeito aleatório de testecross referente à i -ésima planta F₂, sendo $i = 1, \dots, 100$; g_j é o efeito fixo da j -ésima geração de retrocruzamento, sendo $j = 1, 2, 3$; $(pg)_{ij}$ é o efeito aleatório da ij -ésima interação testecrosses x gerações de retrocruzamento; e_m é o efeito aleatório do m -ésimo ambiente, sendo $m = 1, \dots, 5$; $(pe)_{im}$ é o efeito aleatório da im -ésima interação testecrosses x ambientes; $(ge)_{jm}$ é o efeito aleatório da jm -ésima interação gerações de retrocruzamento x ambientes; $(pge)_{ijm}$ é o efeito aleatório da ijm -ésima interação testecrosses x gerações de retrocruzamento x ambientes; $\bar{e}_{ijm}$ é o erro efetivo médio associado à observação Y_{ijm} (ANEXO A).

As análises de variâncias conjuntas entre os grupos de ambientes foram realizadas utilizando as médias ajustadas e os quadrados médios dos erros efetivos das análises de variâncias individuais, por meio do seguinte modelo matemático, eq. (3):

$$Y_{ijmn} = \mu + p_i + g_j + (pg)_{ij} + s_n + (ps)_{in} + (gs)_{jn} + (pgs)_{ijn} + e_{m(n)} + (pe)_{im(n)} + (ge)_{jm(n)} + (pge)_{ijm(n)} + \bar{e}_{ijmn} \quad (3)$$

em que, Y_{ijmn} é o valor referente ao testecross proveniente da i -ésima planta F₂, na j -ésima geração de retrocruzamento, no m -ésimo ambiente, no n -ésimo grupo de ambientes; μ é a média geral; p_i é o efeito aleatório de testecross referente à i -ésima planta F₂, sendo $i = 1, \dots, 100$; g_j é o efeito fixo da j -ésima geração de retrocruzamento, sendo $j = 1, 2, 3$; $(pg)_{ij}$ é o efeito aleatório da ij -ésima interação testecrosses x gerações de retrocruzamento; s_n é o efeito fixo do n -ésimo grupo de ambientes, sendo $n = 1, 2$; $(ps)_{in}$ é o efeito aleatório da in -ésima interação testecrosses x grupos de ambientes; $(gs)_{jn}$ é o efeito aleatório da jn -ésima interação gerações de retrocruzamento x grupos de ambientes; $(pgs)_{ijn}$ é o efeito aleatório da ijn -ésima interação testecrosses x gerações de retrocruzamento x grupos de ambientes; $e_{m(n)}$ é o efeito aleatório do m -ésimo ambiente dentro do n -ésimo grupo de ambientes, sendo $m = 1, \dots, 5$; $(pe)_{im(n)}$ é o efeito aleatório da im -ésima interação testecrosses x ambientes dentro do n -ésimo grupo de ambientes; $(ge)_{jm(n)}$ é o efeito aleatório da jm -ésima interação gerações de retrocruzamento x ambientes dentro do n -ésimo grupo de ambientes; $(pge)_{ijm(n)}$ é o efeito aleatório da ijm -ésima interação testecrosses x gerações de

retrocruzamento x ambientes dentro do n -ésimo grupo de ambientes; $\bar{\epsilon}_{ijmn}$ é o erro efetivo médio associado à observação Y_{ijmn} (ANEXO B).

3.4. Detecção de epistasia nas análises de variâncias

A presença de epistasia foi testada nas análises de variâncias individuais e conjuntas para os diferentes caracteres através da decomposição das fontes de variação gerações de retrocruzamento (G_{RC}) e sua interação com testecrosses ($TC \times G_{RC}$). A fonte de variação G_{RC} foi decomposta em dois contrastes ortogonais, $C_1 = G_{RC1} - G_{RC2}$ e $C_2 = G_{RC1} + G_{RC2} - 2G_{RC3}$, em que o contraste C_2 testa o efeito epistático médio. A fonte de variação $TC \times G_{RC}$ foi decomposta em duas outras fontes, $TC \times C_1$ e $TC \times C_2$, sendo que $TC \times C_1$ testa os desvios da epistasia, os quais são atribuídos ao desequilíbrio de ligação (Eta-Ndu and Openshaw 1999) e a interação $TC \times C_2$ testa o efeito epistático em testecrosses.

Por meio do somatório das somas de quadrados do contraste C_2 e da interação $TC \times C_2$ foi obtida a soma de quadrados para a epistasia total (Z), conforme Kearsey and Pooni (1996) (ANEXO C). As interações dos efeitos epistáticos médios x grupos de ambientes ($C_2 \times S$) e dos efeitos epistáticos de testecrosses x grupos de ambientes ($TC \times C_2 \times S$) foram obtidas pelo desdobramento das fontes de variação $G_{RC} \times S$ e $TC \times G_{RC} \times S$, respectivamente, por meio das análises de variâncias conjuntas entre os grupos de ambientes sem e com estresse hídrico. O somatório das somas de quadrados das fontes $C_2 \times S$ e $TC \times C_2 \times S$ forneceram a soma de quadrados para testar a significância da interação epistasia total x grupos de ambientes ($Z \times S$). Os testes F para avaliar as significâncias dos efeitos epistáticos e suas interações estão apresentados nos ANEXOS A e B.

3.5. Estimativas dos efeitos epistáticos em testecrosses de plantas F_2

Uma vez detectada a presença de epistasia para os diversos caracteres, segundo as análises de variâncias conjuntas para cada grupo de ambientes, SE e CE, os efeitos epistáticos (Z_i) foram estimados para cada testecross conforme Eta-Ndu and Openshaw (1999), eq. (4):

$$Z_i = \bar{G}_{RC1_i} + \bar{G}_{RC2_i} - 2\bar{G}_{RC3_i} \quad (4)$$

em que, Z_i é o efeito epistático do testecross referente à i -ésima planta F_2 , sendo $i = 1, \dots, 100$; $\bar{G}_{RC1_i}$ é a média do testecross referente à i -ésima planta F_2 na geração de retrocruzamento 1 (genitor recorrente L-08-05F); $\bar{G}_{RC2_i}$ é a média do testecross referente à i -ésima planta F_2 na geração de retrocruzamento 2 (genitor recorrente L-38-05D); $\bar{G}_{RC3_i}$ é a média do testecross referente à i -ésima planta F_2 na geração de retrocruzamento 3 (parental recorrente F_1).

O teste t foi utilizado para testar a significância dos efeitos epistáticos para cada testecross aos níveis de 0,05 e 0,01 de probabilidade, conforme eq. (5):

$$t_i = \frac{|\overline{G_{RC1_i}} + \overline{G_{RC2_i}} - 2\overline{G_{RC3_i}}|}{\sqrt{\frac{(6 \overline{QM_{\bar{e}}})}{KM}}} \quad (5)$$

em que, t_i é o teste t bicaudal para o testecross referente à i -ésima planta F_2 ; o numerador da equação é o valor em módulo do efeito epistático (Z_i); 6 é o valor referente ao somatório dos quadrados dos coeficientes de $\overline{G_{RC1_i}}$, $\overline{G_{RC2_i}}$ e $\overline{G_{RC3_i}}$; $\overline{QM_{\bar{e}}}$ é o quadrado médio do erro efetivo médio das análises de variâncias conjuntas para cada grupo de ambientes; K e M referem-se ao número de repetições por ambientes e ambientes de cada grupo, respectivamente.

A seguir, foi verificada a coincidência de testecrosses com efeitos epistáticos significativos para um mesmo caráter entre os grupos SE e CE e entre os testadores. Também foram analisados os sinais (se positivos ou negativos) dos efeitos epistáticos significativos e o número de testecrosses com efeitos epistáticos significativos simultaneamente para mais de um caráter.

3.6. Interação efeitos epistáticos x testadores

Para testar a interação dos efeitos epistáticos x testadores, foram realizadas análises de variâncias para cada caráter utilizando as estimativas dos efeitos epistáticos (Z_{ij}), através do seguinte modelo matemático, eq. (6):

$$Z_{ikn} = \mu + p_i + t_k + (pt)_{ik} + s_n + (ps)_{in} + (ts)_{kn} + \varepsilon_{ikn} \quad (6)$$

em que, Z_{ikn} é o efeito epistático estimado para o testecross referente à i -ésima planta F_2 , para o k -ésimo testador, no n -ésimo grupo de ambientes; μ é a média geral; p_i é o efeito aleatório do efeito epistático do testecross referente à i -ésima planta F_2 , sendo $i = 1, \dots, 100$; t_k é o efeito fixo do k -ésimo testador, sendo $k = 1, 2$; $(pt)_{ik}$ é o efeito aleatório da ik -ésima interação efeitos epistáticos x testadores; s_n é o efeito fixo do n -ésimo grupo de ambientes, sendo $n = 1, 2$; $(ps)_{in}$ é o efeito aleatório da in -ésima interação efeitos epistáticos x grupos de ambientes; $(ts)_{kn}$ é o efeito aleatório da kn -ésima interação testadores x grupos de ambientes; ε_{ikn} é o efeito aleatório da ikn -ésima interação efeitos epistáticos x testadores x grupos de ambientes, sendo o erro do modelo. O teste F para testar a significância da interação efeitos epistáticos x testadores foi realizado pela eq. (7):

$$F_{(GL_{TC \times T}; GL_{Erro})} = \overline{QM}_{TC \times T} / \overline{QM}_{Erro} \quad (7)$$

em que, $\overline{QM}_{TC \times T}$ é o quadrado médio da interação efeitos epistáticos x testadores; $\overline{QM}_{Erro}$ é o quadrado médio da interação efeitos epistáticos x testadores x grupos de ambientes; $GL_{TC \times T}$ é o grau de liberdade associado ao $\overline{QM}_{TC \times T}$; GL_{Erro} é o grau de liberdade associado ao $\overline{QM}_{Erro}$.

Como análise complementar à interação dos efeitos epistáticos x testadores, obteve-se estimativas do coeficiente de correlação de Pearson entre os Z_i de cada testador, utilizando o PROC CORR do programa computacional SAS 9.2 (SAS Institute Inc 2008). Também foram estimados coeficientes de correlação de Pearson entre os Z_i e as médias gerais de testecrosses e, também, entre os Z_i e as médias das gerações de retrocruzamento G_{RC1} e G_{RC2} , pelo mesmo procedimento.

3.7. Estimativas dos componentes de variância e coeficientes de herdabilidade

A partir das esperanças matemáticas dos quadrados médios das análises de variâncias conjuntas (ANEXOS A e B), foram estimados os componentes de variância dos testecrosses apenas quando estes diferiram de zero, com base nas análises de variâncias conjuntas, para cada caráter e testador, de acordo com os procedimentos sugeridos por Hicks and Turner (1999). Foram estimados os seguintes componentes de variância eq. (8 a 13):

Variância fenotípica com base em médias de testecrosses ($\hat{\sigma}_{\bar{F}_{TC}}^2$), eq. (8):

$$\hat{\sigma}_{\bar{F}_{TC}}^2 = QM_{TC} / KJMN \quad (8)$$

em que, K é o número de repetições; J é o número de gerações de retrocruzamento; M é o número de ambientes de cada grupo (SE e CE); N é o número de grupos de ambientes, sendo igual a 1 para as análises de variâncias conjuntas de cada grupo.

Variância genética de testecrosses ($\hat{\sigma}_{TC}^2$) para análises de variâncias conjuntas de cada grupo, eq. (9), e entre os grupos, eq. (10):

$$\hat{\sigma}_{TC}^2 = (QM_{TC} - QM_{TCxE}) / KJM \quad (9)$$

$$\hat{\sigma}_{TC}^2 = (QM_{TC} - QM_{TCxE/S}) / KJMN \quad (10)$$

Variância da interação testecrosses x ambientes ($\hat{\sigma}_{TCxE}^2$) para análises de variâncias conjuntas de cada grupo e testecrosses x ambientes dentro de grupos ($\hat{\sigma}_{TCxE/S}^2$) para análises de variâncias conjuntas entre os grupos, eq. (11 e 12), respectivamente:

$$\hat{\sigma}_{TCxE}^2 = (QM_{TCxE} - QM_{\bar{e}}) / KJ \quad (11)$$

$$\hat{\sigma}_{TCxE/S}^2 = (QM_{TCxE/S} - QM_{\bar{e}}) / KJ \quad (12)$$

Variância da interação testecrosses x grupos de ambientes ($\hat{\sigma}_{TCxS}^2$) para análises de variâncias conjuntas entre os grupos, eq. (13):

$$\hat{\sigma}_{TC \times S}^2 = (QM_{TC \times S} - QM_{TC \times E/S}) / KJM \quad (13)$$

As estimativas de variância aditiva de testecrosses ($\hat{\sigma}_{A_{TC}}^2$) e suas interações com ambientes ($\hat{\sigma}_{A_{TC} \times E}^2$), com ambientes dentro de grupos ($\hat{\sigma}_{A_{TC} \times E/S}^2$) e com grupos de ambientes ($\hat{\sigma}_{A_{TC} \times S}^2$) foram obtidas segundo Bernardo (2010) pelas eq. (14 a 17), respectivamente:

$$\hat{\sigma}_{A_{TC}}^2 = 4\hat{\sigma}_{TC}^2 \quad (14)$$

$$\hat{\sigma}_{A_{TC} \times E}^2 = 4\hat{\sigma}_{TC \times E}^2 \quad (15)$$

$$\hat{\sigma}_{A_{TC} \times E/S}^2 = 4\hat{\sigma}_{TC \times E/S}^2 \quad (16)$$

$$\hat{\sigma}_{A_{TC} \times S}^2 = 4\hat{\sigma}_{TC \times S}^2 \quad (17)$$

As estimativas de variância epistática de testecrosses ($\hat{\sigma}_Z^2$) e suas interações com ambientes ($\hat{\sigma}_{Z \times E}^2$), com ambientes dentro de grupos ($\hat{\sigma}_{Z \times E/S}^2$) e com grupos de ambientes ($\hat{\sigma}_{Z \times S}^2$) foram estimadas conforme eq. (18 a 22):

Para análises de variâncias conjuntas de cada grupo, eq. (18 e 19):

$$\hat{\sigma}_Z^2 = (QM_Z - QM_{Z \times E}) / KM \quad (18)$$

$$\hat{\sigma}_{Z \times E}^2 = (QM_{Z \times E} - QM_{\bar{E}}) / K \quad (19)$$

Para análises de variâncias conjuntas entre os grupos, eq. (20 a 22):

$$\hat{\sigma}_Z^2 = (QM_Z - QM_{Z \times E/S}) / KMN \quad (20)$$

$$\hat{\sigma}_{Z \times E/S}^2 = (QM_{Z \times E/S} - QM_{\bar{E}}) / K \quad (21)$$

$$\hat{\sigma}_{Z \times S}^2 = (QM_{Z \times S} - QM_{Z \times E/S}) / KM \quad (22)$$

Foram também estimados os coeficientes de herdabilidade com base em médias de testecrosses ($\hat{h}_{X_{TC}}^2$) para cada caráter e testador, de acordo com a eq. (23):

$$\hat{h}_{X_{TC}}^2 = \frac{\hat{\sigma}_{TC}^2}{\hat{\sigma}_{\bar{E}}^2} \quad (23)$$

Os intervalos de confiança para os componentes de variância e coeficientes de herdabilidade foram calculados seguindo os procedimentos apresentados por Burdick and Graybill (1992), eq. (24), e Knapp et al. (1985), eq. (25 a 26), respectivamente:

$$IC(\hat{\sigma}^2)_{p,95} = \frac{n_{GL}\hat{\sigma}^2}{\chi^2_{n_{GL};0,975}} \leq \hat{\sigma}^2 \leq \frac{n_{GL}\hat{\sigma}^2}{\chi^2_{n_{GL};0,025}} \quad (24)$$

em que, $IC(\hat{\sigma}^2)_{p,95}$ é o intervalo de confiança para o componente de variância ($\hat{\sigma}^2$) ao nível de 95,00% de probabilidade; $\chi^2_{n_{GL};0,975}$ e $\chi^2_{n_{GL};0,025}$ referem-se aos valores tabelados de χ^2 com n_{GL} graus de liberdade a 97,50% e 2,50% de probabilidade, respectivamente. A expressão de Satterthwaite (1946) foi utilizada para estimar o número de graus de liberdade associados aos componentes de variância.

Intervalos de confiança para os coeficientes de herdabilidade para as análises de variâncias conjuntas de cada grupo, eq. (25), e entre os grupos, eq. (26):

$$IC(\hat{b}^2_{\bar{X}_{TC}})_{p,95} = 1 - \frac{1}{(QM_{TC}/QM_{TC \times E})F_{0,975;GL_{TC};GL_{TC \times E}}} \leq \hat{b}^2_{\bar{X}_{TC}} \leq 1 - \frac{1}{(QM_{TC}/QM_{TC \times E})F_{0,025;GL_{TC};GL_{TC \times E}}} \quad (25)$$

$$IC(\hat{b}^2_{\bar{X}_{TC}})_{p,95} = 1 - \frac{1}{(QM_{TC}/QM_{TC \times E/S})F_{0,975;GL_{TC};GL_{TC \times E/S}}} \leq \hat{b}^2_{\bar{X}_{TC}} \leq 1 - \frac{1}{(QM_{TC}/QM_{TC \times E/S})F_{0,025;GL_{TC};GL_{TC \times E/S}}} \quad (26)$$

em que, $IC(\hat{b}^2_{\bar{X}_{TC}})_{p,95}$ é o intervalo de confiança para os coeficientes de herdabilidade com base em médias de testecrosses ao nível de 95,00% de probabilidade; $F_{0,975;GL_{TC};GL_{TC \times E}}$, $F_{0,975;GL_{TC};GL_{TC \times E/S}}$ e $F_{0,025;GL_{TC};GL_{TC \times E}}$, $F_{0,025;GL_{TC};GL_{TC \times E/S}}$, referem-se aos valores tabelados de F a 97,50% e 2,50% de probabilidade, respectivamente, com os graus de liberdade das fontes de variação de testecrosses (GL_{TC}) e interação testecrosses x ambientes ($GL_{TC \times E}$) ou interação testecrosses x ambientes dentro de grupos ($GL_{TC \times E/S}$) das análises de variâncias conjuntas (ANEXOS A e B).

Os intervalos de confiança foram utilizados para a comparação das estimativas dos componentes de variância e dos coeficientes de herdabilidade, sendo que duas estimativas foram consideradas diferentes entre si ($p \leq 0,05$), se e somente se, uma estimativa não estiver dentro do intervalo de confiança da outra.

3.8. Estimativas de covariâncias e coeficientes de correlação

As médias ajustadas das análises de variâncias individuais foram somadas para cada par de caracteres e, a partir dessas, foram realizadas análises de variâncias conjuntas por grupo de ambientes sem e com estresse hídrico e entre os grupos de ambientes com base nos modelos matemáticos apresentados nas eq. (2 e 3). Ressalte-se que para

as combinações de caracteres envolvendo florescimento masculino, florescimento feminino e intervalo entre florescimentos, apenas as médias ajustadas das análises de variâncias individuais de oito ambientes foram utilizadas para todos os caracteres. Posteriormente, foram realizadas as análises de covariâncias conjuntas, sendo os produtos médios (PM_{xy}) calculados conforme Vencovsky and Barriga (1992), eq. (27):

$$PM_{xy} = (1/2)(QM_{\tilde{x}} - QM_x - QM_y) \quad (27)$$

em que, QM_x , QM_y e $QM_{\tilde{x}}$ referem-se aos quadrados médios das análises de variâncias conjuntas para o caráter x , y e $\tilde{x}$, sendo $\tilde{x} = x + y$.

Seguindo o mesmo procedimento das análises de variâncias, foram estimados os componentes de covariância, eq. (28 a 32), a partir das esperanças matemáticas dos produtos médios das análises de covariâncias (ANEXOS D e E).

Covariâncias fenotípicas com base em médias de testecrosses ($\hat{Cov}_{\bar{F}_{TC_{xy}}}$), eq. (28):

$$\hat{Cov}_{\bar{F}_{TC_{xy}}} = PM_{TC_{xy}} / KJMN \quad (28)$$

em que, K é o número de repetições; J é o número de gerações de retrocruzamento; M é o número de ambientes de cada grupo (SE e CE); N é o número de grupos de ambientes, sendo igual a 1 para as análises de covariâncias conjuntas de cada grupo.

Covariâncias genéticas de testecrosses ($\hat{Cov}_{TC_{xy}}$) para análises de covariâncias conjuntas de cada grupo, eq. (29), e entre os grupos, eq. (30):

$$\hat{Cov}_{TC_{xy}} = (PM_{TC_{xy}} - PM_{TC \times E_{xy}}) / KJM \quad (29)$$

$$\hat{Cov}_{TC_{xy}} = (PM_{TC_{xy}} - PM_{TC \times E / S_{xy}}) / KJMN \quad (30)$$

Covariâncias epistáticas totais de testecrosses ($\hat{Cov}_{Z_{xy}}$) para análises de covariâncias conjuntas de cada grupo, eq. (31), e entre os grupos, eq. (32):

$$\hat{Cov}_{Z_{xy}} = (PM_{Z_{xy}} - PM_{Z \times E_{xy}}) / KM \quad (31)$$

$$\hat{Cov}_{Z_{xy}} = (PM_{Z_{xy}} - PM_{Z \times E / S_{xy}}) / KMN \quad (32)$$

Também foram obtidas as covariâncias dos efeitos epistáticos de testecrosses referentes às plantas F_2 ($\hat{Cov}_{Zi_{xy}}$), a partir dos valores estimados de Z_i , utilizando o PROC CORR do programa computacional SAS 9.2 (SAS Institute Inc 2008).

As significâncias dos produtos médios de cada fonte de covariação e das estimativas dos componentes de covariância foram testadas utilizando a adaptação do teste de Pillai (T_n) apresentada por Silva (2015), o qual avalia a independência de dois conjuntos de variáveis. Esse teste se aproxima à uma distribuição de qui-quadrado com um grau de liberdade ($T_n \xrightarrow{d} \chi^2_l$) e é dado pelas eq. (33 e 34) para os produtos médios e componentes de covariância, respectivamente.

$$T_n \xrightarrow{d} \chi^2_l = GL_{FC} \frac{(PM_{xy})^2}{QM_x QM_y} \quad (33)$$

em que, GL_{FC} refere-se ao grau de liberdade associado à respectiva fonte de covariação.

$$T_n \xrightarrow{d} \chi^2_l = GL_{FC} \frac{(Cov_{xy})^2}{\sigma_x^2 \sigma_y^2} \quad (34)$$

em que, Cov_{xy} é o componente de covariância entre os caracteres x e y ; σ_x^2 e σ_y^2 são as variâncias dos caracteres x e y , respectivamente.

Com os valores obtidos das eq. (33 e 34) foram testadas as hipóteses $H_0: PM_{xy}=0$ e $H_0: Cov_{xy}=0$, respectivamente, com um grau de liberdade e aos níveis α de 0,05 e 0,01 de probabilidade, em que, os valores calculados se maiores que os valores de $\chi^2_{l,\alpha}$ tabelados, rejeitou-se H_0 . Ressalte-se que um produto médio que não difere de zero implica em uma covariância fenotípica também não significativa, porém não impede que as covariâncias que o compõem sejam diferentes de zero, uma vez que estas covariâncias podem apresentar sinais opostos (positivos ou negativos).

Quando detectadas significâncias para $\hat{Cov}_{\bar{F}_{TC_{xy}}}$, $\hat{Cov}_{TC_{xy}}$, $\hat{Cov}_{Z_{xy}}$ e respectivos componentes de variâncias, foram calculados os coeficientes de correlação fenotípica ($\hat{r}_{\bar{F}_{xy}}$), genética aditiva ($\hat{r}_{G_{xy}}$) e epistática total ($\hat{r}_{Z_{xy}}$), respectivamente, entre os caracteres para os grupos SE e CE e entre os caracteres envolvendo os dois grupos de ambientes conjuntamente, eq. (35 a 37). De forma similar, obteve-se os coeficientes de correlação dos efeitos epistáticos de testecrosses ($\hat{r}_{Zi_{xy}}$) a partir dos valores estimados de Z_i apenas quando $\hat{Cov}_{Zi_{xy}}$ diferiu de zero, utilizando o PROC CORR do SAS 9.2 (SAS Institute Inc 2008).

$$\hat{r}_{\bar{F}_{xy}} = \hat{Cov}_{\bar{F}_{TC,xy}} / \left(\hat{\sigma}_{\bar{F}_{TC,x}} \hat{\sigma}_{\bar{F}_{TC,y}} \right) \quad (35)$$

em que, $\hat{\sigma}_{\bar{F}_{TC,x}}$ e $\hat{\sigma}_{\bar{F}_{TC,y}}$ são os desvios padrão das estimativas de variâncias fenotípicas com base em médias de testecrosses para os caracteres x e y , respectivamente.

$$\hat{r}_{G_{xy}} = \hat{Cov}_{TC,xy} / \left(\hat{\sigma}_{TC,x} \hat{\sigma}_{TC,y} \right) = \hat{Cov}_{A_{TC,xy}} / \left(\hat{\sigma}_{A_{TC,x}} \hat{\sigma}_{A_{TC,y}} \right) \quad (36)$$

em que, $\hat{\sigma}_{TC,x}$ e $\hat{\sigma}_{TC,y}$ são os desvios padrão das estimativas de variâncias genéticas de testecrosses para os caracteres x e y , respectivamente; $\hat{Cov}_{A_{TC,xy}}$ é a covariâncias aditiva de testecrosses ($\hat{Cov}_{A_{TC,xy}} = 4\hat{Cov}_{TC,xy}$); $\hat{\sigma}_{A_{TC,x}}$ e $\hat{\sigma}_{A_{TC,y}}$ são os desvios padrão das estimativas de variâncias aditivas de testecrosses para os caracteres x e y , respectivamente.

$$\hat{r}_{Z_{xy}} = \hat{Cov}_{Z_{xy}} / \left(\hat{\sigma}_{Z,x} \hat{\sigma}_{Z,y} \right) \quad (37)$$

em que, $\hat{\sigma}_{Z,x}$ e $\hat{\sigma}_{Z,y}$ são os desvios padrão das estimativas de variâncias epistáticas de testecrosses para os caracteres x e y , respectivamente.

O teste t foi utilizado para testar as significâncias das estimativas dos coeficientes de correlações fenotípicas, genéticas e epistáticas, eq. (38):

$$t = \hat{r}_{xy} / \hat{\sigma}_{\hat{r}_{xy}} \quad (38)$$

em que, $\hat{\sigma}_{\hat{r}_{xy}}$ é a estimativa do desvio padrão associado ao coeficiente de correlação ($\hat{r}_{xy}$). As estimativas de $\hat{\sigma}_{\hat{r}_{xy}}$ para a $\hat{r}_{G_{xy}}$ foram obtidas segundo Vencovsky and Barriga (1992) e foram adaptadas para a $\hat{r}_{Z_{xy}}$ seguindo os mesmos procedimentos (ANEXO F). As significâncias de $\hat{r}_{G_{xy}}$ e $\hat{r}_{Z_{xy}}$ devem ser interpretadas com ressalvas devido aos erros associados aos componentes para se obter os seus respectivos desvios padrão.

Posteriormente, com as matrizes de correlações ($\hat{r}_{\bar{F}_{xy}}$, $\hat{r}_{G_{xy}}$, $\hat{r}_{Z_{xy}}$ e $\hat{r}_{Z_{i,xy}}$) foram obtidas redes ponderadas de correlação, utilizando o pacote *qgraph* (Epskamp et al. 2012) através do programa computacional R versão 2.15.3 (R Development Core Team 2013). Nos gráficos, correlações positivas apresentam linhas na coloração verde, enquanto as negativas na coloração vermelha, além disso a espessura das linhas representa a magnitude das correlações e a proximidade dos nós indica a formação de agrupamentos.

4. RESULTADOS E DISCUSSÃO

4.1. Médias e precisão experimental

As médias gerais para produção de grãos (PG) considerando todos os experimentos foram de 7,81 t ha⁻¹ e 7,29 t ha⁻¹ para os testecrosses provenientes do testador L-02-03D (TC₁) e L-04-05F (TC₂), variando de 6,06 t ha⁻¹ a 8,65 t ha⁻¹ e de 6,06 t ha⁻¹ a 7,97 t ha⁻¹, respectivamente (Tabela 2). Portanto, a linhagem testadora L-02-03D resultou em testecrosses com produção de grãos superior e maior intervalo de variação em relação aos testecrosses oriundos da linhagem testadora L-04-05F. Ressalte-se que os estreitos intervalos de confiança das médias de todos os caracteres evidenciam a boa qualidade dos dados (Tabelas 2 a 4).

No grupo de ambientes sem estresse hídrico (SE), a média geral do caráter PG para o TC₁ foi de 9,86 t ha⁻¹ e variou de 7,83 t ha⁻¹ a 11,02 t ha⁻¹, enquanto para o TC₂ foi de 8,88 t ha⁻¹, variando de 7,71 t ha⁻¹ a 9,69 t ha⁻¹. Já no grupo de ambientes com estresse hídrico (CE), a média geral de PG para o TC₁ foi de 5,75 t ha⁻¹ e variou de 4,29 t ha⁻¹ a 6,56 t ha⁻¹, para o TC₂ foi de 5,70 t ha⁻¹, variando de 4,40 t ha⁻¹ a 6,33 t ha⁻¹. Assim, o TC₁ foi mais produtivo no grupo SE, enquanto no grupo CE não houve diferença significativa entre TC₁ e TC₂, porém, a amplitude de variação foi maior para o TC₁ em ambos os grupos de ambientes. Considerando os demais caracteres, tanto no grupo SE como no grupo CE, o TC₁ apresentou menor altura da espiga (AE), menor posição relativa da espiga (PRE) e menor intervalo entre florescimentos (IF) em relação ao TC₂, enquanto este último apresentou maior prolificidade (PROL), maior precocidade para florescimento masculino (FM) e menor altura da planta (AP). Para os caracteres florescimento feminino (FF) e acamamento e quebramento de plantas (ACQ), o TC₁ foi mais precoce no grupo SE e apresentou menor ACQ no grupo CE, enquanto o TC₂ apresentou menor FF no grupo CE e menor ACQ no grupo SE (Tabelas 5 a 10).

O estresse hídrico afetou a expressão de todos os caracteres para ambos TC₁ e TC₂. Para o caráter PG verificou-se uma redução na produtividade no grupo CE em relação ao grupo SE de 4,11 t ha⁻¹ (41,67%) e 3,18 t ha⁻¹ (35,85%) para o TC₁ e TC₂, respectivamente. No entanto, a menor queda de produtividade observada no TC₂ se deve à menor PG apresentada no grupo SE em relação ao TC₁ e não à uma menor susceptibilidade ao estresse hídrico, uma vez que no grupo CE, TC₁ e TC₂ apresentaram médias similares (Tabelas 5 e 8). Assim, pode-se inferir que o TC₁ apresentou melhor resposta à melhoria do ambiente, ou seja, à maior disponibilidade hídrica.

Para o caráter ACQ, enquanto o TC₁ apresentou redução de 28,13% no grupo CE em relação ao grupo SE, o TC₂ apresentou aumento de 14,43%. Para o caráter PROL houve redução de 11,71% e 5,44% para o TC₁ e TC₂, respectivamente. Os caracteres relacionados com a estatura das plantas (AP, AE e PRE) apresentaram reduções similares para ambos TC₁ e TC₂, de aproximadamente 25,00%, 35,00% e 13,00% para AP, AE e PRE, respectivamente. Os caracteres relacionados ao florescimento (FM, FF e IF) também apresentaram alterações similares para ambos TC₁ e TC₂, sendo que para os caracteres FM e FF houve pequeno aumento no grupo CE (2,80%) e para o caráter IF houve redução de aproximadamente 5,50% em relação ao grupo SE (Tabelas 5 a 10).

Portanto, em geral, o estresse hídrico resultou em plantas menos produtivas, de menor estatura e mais tardias, porém com intervalo entre florescimentos reduzido em relação a uma condição ambiental favorável. Deve-se destacar que o caráter PG foi o mais afetado pelo déficit hídrico, apresentando redução acentuada de produtividade (Tabelas 5 a 10).

Em ambientes com estresse hídrico, a queda de produtividade em milho já é esperada, Ziyomo and Bernardo (2013) relataram redução de 48,33% para PG em testecrosses de milho avaliados em ambientes com

estresse hídrico em relação aos ambientes sem estresse hídrico, enquanto Beyene et al. (2016) observaram reduções mais severas, variando de 61,50% a 67,61% para diferentes populações de testecrosses. Com relação ao caráter ACQ, Ziyomo and Bernardo (2013) relataram redução de 63,07% na porcentagem de plantas quebradas nos ambientes com estresse hídrico quando comparados aos ambientes favoráveis. Para o caráter PROL, Bolaños and Edmeades (1996) observaram reduções variando de 27,37% a 51,59% para dois níveis de estresse hídrico em progênies S_1 e $S_{2,3}$ em relação aos ambientes favoráveis. A redução para o caráter AP também foi observada por Ziyomo and Bernardo (2013), os quais relataram redução de 25,10%, e Beyene et al. (2016), que verificaram reduções variando de 22,50% a 26,70%, valores esses próximos aos obtidos neste trabalho. Para os caracteres relacionados ao florescimento, Araus et al. (2012) relataram que o FM é pouco afetado pelo estresse hídrico, diferentemente do FF, em que o crescimento do estilo-estigma é retardado pelo déficit hídrico, ocasionando um aumento no IF. Neste sentido, Ziyomo and Bernardo (2013) relataram aumentos do IF na ordem de 400,00%. No entanto, neste trabalho os caracteres FM e FF apresentaram variações similares entre os grupos de ambientes e, portanto, foram observadas pequenas alterações no IF entre os grupos SE e CE. Beyene et al. (2016) relataram redução do IF em ambientes com estresse hídrico, variando de 2,41% a 17,80%, enquanto algumas populações de testecrosses apresentaram aumento do IF, variando de 5,68% a 36,84%, em relação aos ambientes sem estresse hídrico.

Assim, as variações nas médias gerais dos caracteres dependem da intensidade do estresse hídrico ocorrido, da fase fenológica em que os genótipos estão sob estresse e das populações analisadas. Além disso, especificamente para o caráter FM, baixas temperaturas e reduções na radiação solar podem atrasar a antese (Hayashi et al. 2015). Portanto, as datas de plantio (Tabela 1) também podem ter influenciado para que o IF tenha sido menor no grupo CE, ao contrário do esperado.

Nas análises de variâncias conjuntas, o coeficiente de variação (CV) no grupo SE para PG foi de 12,14% e 11,43% para o TC_1 e TC_2 , respectivamente, enquanto que, no grupo CE o CV para PG foi de 17,47% para o TC_1 e de 15,29% para o TC_2 . De modo geral, os CV foram inferiores no grupo SE para todos os caracteres, exceto para o caráter FM do TC_1 e ACQ, PROL e IF do TC_2 (Tabelas 5 a 10).

Os valores obtidos dos CV para todas as análises de variâncias evidenciam boa precisão experimental e estão de acordo com os reportados na literatura (Câmara et al. 2007; Hallauer et al. 2010; Fritsche-Neto et al. 2012). Almeida et al. (2013) relataram aumento dos CV para o caráter PG em testecrosses em ambientes com estresse hídrico em relação aos ambientes sem estresse hídrico, como também observado neste trabalho. No entanto, os autores reportaram uma redução drástica dos CV para o caráter IF no grupo de ambientes com estresse hídrico em relação aos ambientes sem estresse hídrico, em virtude do aumento da média do IF, o que não ocorreu neste trabalho.

Tabela 2. Quadrados médios e respectivas significâncias, coeficientes de variação (CV%) e médias com respectivos intervalos de confiança (IC_{0,95}) e de variação (IV) das análises de variâncias conjuntas para os caracteres produção de grãos (PG), acamamento e quebramento de plantas (ACQ) e prolificidade (PROL) em testecrosses provenientes dos testadores L-02-03D (TC₁) e L-04-05F (TC₂), entre os grupos de ambientes (EG)

FV	GL	Quadrados médios					
		PG (t ha ⁻¹)		ACQ (%) ^a		PROL (esp pl ⁻¹) ^b	
		TC ₁	TC ₂	TC ₁	TC ₂	TC ₁	TC ₂
Grupos (S)	1	25.313,61**	15.196,63**	207,61 ^{ns}	39,20 ^{ns}	16.782,16*	3.832,25 ^{ns}
Ambientes/S (E/S)	8	833,71**	689,67**	1.642,41**	1.883,22**	1.834,81**	1.421,75**
Testecrosses (TC)	99	12,96**	4,34**	3,92 ^{ns}	4,10*	49,48**	39,90**
TC x S	99	3,34 ^{ns}	2,55 ^{ns}	3,07 ^{ns}	2,85 ^{ns}	17,16 ^{ns}	20,46 ^{ns}
TC x E/S	792	2,76**	2,02**	3,33**	3,01**	18,23**	18,07**
Gerações de RC (G _{RC})	2	21,63*	87,84**	98,88**	81,07**	143,63**	692,41**
G _{RC1} vs G _{RC2} (C ₁)	1	30,13 ^{ns}	159,27**	197,34**	158,47**	281,16**	1.067,11**
G _{RC1} + G _{RC2} vs 2G _{RC3} (C ₂)	1	13,12*	16,40**	0,42 ^{ns}	3,67*	6,11 ^{ns}	317,72**
G _{RC} x S	2	2,25 ^{ns}	21,02**	1,37 ^{ns}	7,36 ^{ns}	2,24 ^{ns}	29,89 ^{ns}
C ₁ x S	1	3,42 ^{ns}	37,39*	2,57 ^{ns}	14,63 ^{ns}	1,45 ^{ns}	54,08 ^{ns}
C ₂ x S	1	1,08 ^{ns}	4,65 ^{ns}	0,18 ^{ns}	0,09 ^{ns}	3,02 ^{ns}	5,70 ^{ns}
G _{RC} x E/S	16	3,58**	2,94**	4,84**	2,77**	9,78 ^{ns}	17,33*
C ₁ x E/S	8	6,26**	4,67**	8,27**	5,21**	9,08 ^{ns}	28,77**
C ₂ x E/S	8	0,91 ^{ns}	1,21 ^{ns}	1,41 ^{ns}	0,32 ^{ns}	10,47 ^{ns}	5,89 ^{ns}
TC x G _{RC}	198	1,89**	1,57**	1,67**	1,61*	15,13**	19,73**
TC x C ₁	99	2,10**	1,69**	1,72*	1,60 ^{ns}	15,76**	20,16**
TC x C ₂	99	1,69**	1,44**	1,61 ^{ns}	1,62*	14,51**	19,29**
TC x G _{RC} x S	198	1,32**	0,89 ^{ns}	1,26 ^{ns}	1,35 ^{ns}	9,33 ^{ns}	9,97 ^{ns}
TC x C ₁ x S	99	1,18 ^{ns}	0,91 ^{ns}	1,20 ^{ns}	1,61 ^{ns}	8,45 ^{ns}	9,62 ^{ns}
TC x C ₂ x S	99	1,46**	0,87 ^{ns}	1,33 ^{ns}	1,08 ^{ns}	10,20*	10,32 ^{ns}
TC x G _{RC} x E/S	1.584	0,97 ^{ns}	0,78 ^{ns}	1,27 ^{ns}	1,27 ^{ns}	8,07 ^{ns}	9,75 ^{ns}
TC x C ₁ x E/S	792	1,04 ^{ns}	0,78 ^{ns}	1,26 ^{ns}	1,37 ^{ns}	8,48 ^{ns}	9,44 ^{ns}
TC x C ₂ x E/S	792	0,90 ^{ns}	0,78 ^{ns}	1,28 ^{ns}	1,17 ^{ns}	7,66 ^{ns}	10,05 ^{ns}
Epistasia total (Z)	100	1,80**	1,59**	1,60 ^{ns}	1,64**	14,42**	22,27**
Z x S	100	1,46**	0,91 ^{ns}	1,32 ^{ns}	1,07 ^{ns}	10,13*	10,27 ^{ns}
Z x E/S	800	0,90 ^{ns}	0,79 ^{ns}	1,28 ^{ns}	1,16 ^{ns}	7,69 ^{ns}	10,01 ^{ns}
Erro efetivo médio	2.600	1,22	0,89	1,44	1,35	9,00	10,18
CV%		14,16	12,98	48,82	44,87	11,15	11,16
Média geral		7,81	7,29	5,56	6,22	0,85	0,90
IC _{0,95}		7,71;7,90	7,23;7,34	5,31;5,81	5,95;6,49	0,84;0,86	0,90;0,91
IV		6,06;8,65	6,06;7,97	2,84;8,57	3,45;10,18	0,74;0,90	0,80;0,96

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

^a Médias em escala original, não transformadas.

^b Quadrados médios multiplicados por 10³.

Tabela 3. Quadrados médios e respectivas significâncias, coeficientes de variação (CV%) e médias com respectivos intervalos de confiança (IC_{0,95}) e de variação (IV) das análises de variâncias conjuntas para os caracteres altura da planta (AP), altura da espiga (AE) e posição relativa da espiga (PRE) em testecrosses provenientes dos testadores L-02-03D (TC₁) e L-04-05F (TC₂), entre os grupos de ambientes (EG)

FV	GL	Quadrados médios					
		AP (cm pl ⁻¹)		AE (cm pl ⁻¹)		PRE ^a	
		TC ₁	TC ₂	TC ₁	TC ₂	TC ₁	TC ₂
Grupos (S)	1	5.489.165,07**	5.110.235,14**	3.178.739,77**	3.336.711,51**	81.655,42**	85.002,51**
Ambientes/S (E/S)	8	63.367,97**	64.847,66**	62.920,09**	69.890,52**	4.039,06**	3.915,84**
Testecrosses (TC)	99	1.310,62**	972,09**	701,51**	697,30**	39,27**	53,43**
TC x S	99	296,21 ^{ns}	266,03 ^{ns}	204,75*	214,04*	14,18 ^{ns}	14,58 ^{ns}
TC x E/S	792	244,44**	249,30**	149,54**	162,78**	11,25**	12,64**
Gerações de RC (G _{RC})	2	2.230,82**	173,55 ^{ns}	1.433,92**	1.394,51**	44,33 ^{ns}	460,94**
G _{RC1} <i>vs</i> G _{RC2} (C ₁)	1	4.163,64**	300,85 ^{ns}	2.866,25**	2.491,66**	76,26 ^{ns}	872,00**
G _{RC1} + G _{RC2} <i>vs</i> 2G _{RC3} (C ₂)	1	297,99 ^{ns}	46,25 ^{ns}	1,59 ^{ns}	297,36 ^{ns}	12,40 ^{ns}	49,88 ^{ns}
G _{RC} x S	2	34,19 ^{ns}	18,83 ^{ns}	115,06 ^{ns}	19,99 ^{ns}	7,10 ^{ns}	4,08 ^{ns}
C ₁ x S	1	6,32 ^{ns}	37,44 ^{ns}	181,48 ^{ns}	35,91 ^{ns}	12,28 ^{ns}	5,70 ^{ns}
C ₂ x S	1	62,06 ^{ns}	0,22 ^{ns}	48,64 ^{ns}	4,07 ^{ns}	1,92 ^{ns}	2,46 ^{ns}
G _{RC} x E/S	16	238,19**	116,61 ^{ns}	122,09**	122,73**	12,12**	11,30**
C ₁ x E/S	8	341,12**	69,31 ^{ns}	140,69**	92,66 ^{ns}	13,44**	9,71 ^{ns}
C ₂ x E/S	8	135,27**	163,90*	103,49**	152,79**	10,80*	12,90*
TC x G _{RC}	198	136,45**	153,09**	78,45**	120,49**	7,70**	11,98**
TC x C ₁	99	141,81**	174,54**	80,59**	142,70**	7,28**	14,17**
TC x C ₂	99	131,09**	131,64**	76,31**	98,28**	8,13**	9,79**
TC x G _{RC} x S	198	63,14 ^{ns}	88,67*	41,84 ^{ns}	64,02**	5,82*	5,43 ^{ns}
TC x C ₁ x S	99	62,31 ^{ns}	81,57 ^{ns}	43,95 ^{ns}	61,77 ^{ns}	5,88 ^{ns}	5,68 ^{ns}
TC x C ₂ x S	99	63,97 ^{ns}	95,77**	39,73 ^{ns}	66,26**	5,76 ^{ns}	5,19 ^{ns}
TC x G _{RC} x E/S	1.584	59,01 ^{ns}	71,13 ^{ns}	39,57 ^{ns}	49,12 ^{ns}	4,80 ^{ns}	5,18 ^{ns}
TC x C ₁ x E/S	792	65,05 ^{ns}	74,79 ^{ns}	43,65 ^{ns}	51,66 ^{ns}	4,84 ^{ns}	5,21 ^{ns}
TC x C ₂ x E/S	792	52,97 ^{ns}	67,47 ^{ns}	35,49 ^{ns}	46,57 ^{ns}	4,76 ^{ns}	5,15 ^{ns}
Epistasia total (Z)	100	132,76**	130,79**	75,56**	100,27**	8,17**	10,19**
Z x S	100	63,95 ^{ns}	94,81*	39,82 ^{ns}	65,64*	5,72 ^{ns}	5,16 ^{ns}
Z x E/S	800	53,79 ^{ns}	68,44 ^{ns}	36,17 ^{ns}	47,63 ^{ns}	4,82 ^{ns}	5,23 ^{ns}
Erro efetivo médio	2.610	88,99	96,15	59,11	66,68	5,82	6,38
CV%		4,57	4,81	7,18	7,23	4,71	4,62
Média geral		206,39	203,74	107,09	112,90	0,51	0,55
IC _{0,95}		205,46;207,32	202,94;204,54	106,41;107,77	112,23;113,58	0,51;0,51	0,55;0,55
IV		196,28;219,09	196,22;214,50	99,48;116,36	106,90;122,12	0,49;0,53	0,52;0,57

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

^a Quadrados médios multiplicados por 10⁴.

Tabela 4. Quadrados médios e respectivas significâncias, coeficientes de variação (CV%) e médias com respectivos intervalos de confiança (IC_{0,95}) e de variação (IV) das análises de variâncias conjuntas para os caracteres florescimento masculino (FM), florescimento feminino (FF) e intervalo entre florescimentos (IF) em testecrosses provenientes dos testadores L-02-03D (TC₁) e L-04-05F (TC₂), entre os grupos de ambientes (EG)

FV	GL	Quadrados médios					
		FM (dias)		FF (dias)		IF (dias)	
		TC ₁	TC ₂	TC ₁	TC ₂	TC ₁	TC ₂
Grupos (S)	1	5.162,60 ^{ns}	2.951,60 ^{ns}	4.878,32 ^{ns}	2.541,89 ^{ns}	4,03 ^{ns}	15,30 ^{ns}
Ambientes/S (E/S)	6	3.810,78 ^{**}	5.410,39 ^{**}	3.671,72 ^{**}	4.178,08 ^{**}	303,04 ^{**}	384,55 ^{**}
Testecrosses (TC)	99	11,27 ^{**}	11,53 ^{**}	13,30 ^{**}	12,50 ^{**}	3,33 ^{**}	2,82 ^{**}
TC x S	99	4,17 ^{ns}	3,33 ^{ns}	3,60 ^{ns}	4,36 ^{ns}	1,44 ^{ns}	1,99 ^{ns}
TC x E/S	594	3,40 ^{**}	3,47 ^{**}	3,70 ^{**}	3,53 ^{**}	1,70 ^{**}	1,85 ^{**}
Gerações de RC (G _{RC})	2	124,58 ^{**}	19,49 [*]	2,59 ^{ns}	54,79 ^{**}	123,49 ^{**}	114,84 ^{**}
G _{RC1} vs G _{RC2} (C ₁)	1	244,21 ^{**}	24,33 ^{ns}	0,01 ^{ns}	103,32 ^{**}	246,98 ^{**}	227,91 ^{**}
G _{RC1} + G _{RC2} vs 2G _{RC3} (C ₂)	1	4,95 ^{ns}	14,65 [*]	5,18 ^{ns}	6,25 ^{ns}	0,00 ^{ns}	1,76 ^{ns}
G _{RC} x S	2	2,80 ^{ns}	1,84 ^{ns}	2,46 ^{ns}	2,08 ^{ns}	1,75 ^{ns}	0,08 ^{ns}
C ₁ x S	1	0,55 ^{ns}	3,45 ^{ns}	4,13 ^{ns}	4,13 ^{ns}	1,67 ^{ns}	0,03 ^{ns}
C ₂ x S	1	5,04 ^{ns}	0,23 ^{ns}	0,79 ^{ns}	0,02 ^{ns}	1,84 ^{ns}	0,12 ^{ns}
G _{RC} x E/S	12	2,96 ^{**}	3,19 ^{**}	1,85 ^{ns}	2,80 [*]	3,45 ^{**}	2,59 ^{**}
C ₁ x E/S	6	3,87 ^{**}	4,97 ^{**}	2,71 ^{ns}	4,27 ^{**}	5,64 ^{**}	2,89 [*]
C ₂ x E/S	6	2,05 ^{ns}	1,41 ^{ns}	1,00 ^{ns}	1,33 ^{ns}	1,25 ^{ns}	2,30 [*]
TC x G _{RC}	198	2,07 ^{**}	3,54 ^{**}	2,36 ^{**}	3,61 ^{**}	1,23 ^{**}	1,32 [*]
TC x C ₁	99	2,18 ^{**}	3,74 ^{**}	2,33 ^{**}	3,81 ^{**}	1,37 ^{**}	1,36 ^{ns}
TC x C ₂	99	1,95 ^{**}	3,34 ^{**}	2,39 ^{**}	3,41 ^{**}	1,10 ^{ns}	1,27 [*]
TC x G _{RC} x S	198	1,41 ^{ns}	1,34 ^{ns}	1,58 ^{ns}	1,63 ^{ns}	0,85 ^{ns}	0,97 ^{ns}
TC x C ₁ x S	99	1,34 ^{ns}	1,26 ^{ns}	1,76 ^{ns}	1,44 ^{ns}	0,88 ^{ns}	0,92 ^{ns}
TC x C ₂ x S	99	1,49 ^{ns}	1,42 ^{ns}	1,41 ^{ns}	1,83 ^{ns}	0,81 ^{ns}	1,02 ^{ns}
TC x G _{RC} x E/S	1.188	1,27 ^{ns}	1,37 ^{ns}	1,44 ^{ns}	1,47 ^{ns}	0,89 ^{ns}	1,04 ^{ns}
TC x C ₁ x E/S	594	1,22 ^{ns}	1,40 ^{ns}	1,42 ^{ns}	1,37 ^{ns}	0,90 ^{ns}	1,10 ^{ns}
TC x C ₂ x E/S	594	1,33 ^{ns}	1,34 ^{ns}	1,46 ^{ns}	1,57 ^{ns}	0,88 ^{ns}	0,98 ^{ns}
Epistasia total (Z)	100	1,98 ^{**}	3,46 ^{**}	2,42 ^{**}	3,44 ^{**}	1,09 ^{ns}	1,28 [*]
Z x S	100	1,52 ^{ns}	1,41 ^{ns}	1,40 ^{ns}	1,81 ^{ns}	0,82 ^{ns}	1,02 ^{ns}
Z x E/S	600	1,33 ^{ns}	1,34 ^{ns}	1,46 ^{ns}	1,56 ^{ns}	0,88 ^{ns}	0,99 ^{ns}
Erro efetivo médio	2.088	1,58	1,54	1,70	1,76	0,86	1,03
CV%		1,97	1,97	2,01	2,04	87,00	51,99
Média geral		63,72	62,98	64,79	64,93	1,06	1,95
IC _{0,95}		63,63;63,82	62,88;63,07	64,68;64,89	64,83;65,03	1,01;1,12	1,90;2,00
IV		62,18;65,00	61,73;64,23	63,51;65,95	63,82;66,35	0,49;1,73	1,31;2,64

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

Tabela 5. Quadrados médios e respectivas significâncias, coeficientes de variação (CV%) e médias com respectivos intervalos de confiança (IC_{0,95}) e de variação (IV) das análises de variâncias conjuntas para os caracteres produção de grãos (PG), acamamento e quebramento de plantas (ACQ) e prolificidade (PROL) em testecrosses provenientes dos testadores L-02-03D (TC₁) e L-04-05F (TC₂), para o grupo de ambientes sem estresse hídrico (SE)

FV	GL	Quadrados médios					
		PG (t ha ⁻¹)		ACQ (%) ^a		PROL (esp pl ⁻¹) ^b	
		TC ₁	TC ₂	TC ₁	TC ₂	TC ₁	TC ₂
Ambientes (E)	4	148,15**	276,85**	2.342,42**	2.509,59**	226,18**	623,14**
Testecrosses (TC)	99	10,94**	3,87**	4,36 ^{ns}	4,16 ^{ns}	31,84**	29,74**
TC x E	396	3,19**	2,06**	4,48**	3,40**	16,82**	16,12**
Gerações de RC (G _{RC})	2	18,89 ^{ns}	97,38**	39,01**	19,85**	85,17**	502,55**
G _{RC1} <i>vs</i> G _{RC2} (C ₁)	1	26,92 ^{ns}	175,50**	77,45*	38,40*	161,49**	800,82**
G _{RC1} + G _{RC2} <i>vs</i> 2G _{RC3} (C ₂)	1	10,87*	19,26**	0,57 ^{ns}	1,29 ^{ns}	8,86 ^{ns}	204,28**
G _{RC} x E	8	5,65**	4,47**	3,16*	1,37 ^{ns}	5,47 ^{ns}	17,11 ^{ns}
C ₁ x E	4	10,62**	8,30**	5,87**	2,43 ^{ns}	6,18 ^{ns}	30,89*
C ₂ x E	4	0,68 ^{ns}	0,64 ^{ns}	0,45 ^{ns}	0,32 ^{ns}	4,76 ^{ns}	3,33 ^{ns}
TC x G _{RC}	198	2,01**	1,51**	1,56 ^{ns}	1,48 ^{ns}	11,77**	14,32**
TC x C ₁	99	2,10**	1,73**	1,53 ^{ns}	1,44 ^{ns}	10,98**	15,01**
TC x C ₂	99	1,93**	1,28 ^{ns}	1,59 ^{ns}	1,52 ^{ns}	12,55**	13,63 ^{ns}
TC x G _{RC} x E	792	1,16 ^{ns}	0,96 ^{ns}	1,41 ^{ns}	1,25 ^{ns}	7,66 ^{ns}	10,34 ^{ns}
TC x C ₁ x E	396	1,25 ^{ns}	0,90 ^{ns}	1,32 ^{ns}	1,14 ^{ns}	7,69 ^{ns}	9,39 ^{ns}
TC x C ₂ x E	396	1,06 ^{ns}	1,01 ^{ns}	1,50 ^{ns}	1,35 ^{ns}	7,62 ^{ns}	11,30 ^{ns}
Epistasia total (Z)	100	2,01**	1,46**	1,58 ^{ns}	1,52 ^{ns}	12,51**	15,54*
Z x E	400	1,05 ^{ns}	1,01 ^{ns}	1,49 ^{ns}	1,34 ^{ns}	7,59 ^{ns}	11,22 ^{ns}
Erro efetivo médio	1.300	1,43	1,03	1,58	1,40	8,07	10,78
CV%		12,14	11,43	47,50	47,13	9,94	11,17
Média geral		9,86	8,88	6,51	5,81	0,90	0,93
IC _{0,95}		9,74;9,98	8,81;8,95	6,12;6,92	5,44;6,18	0,90;0,91	0,92;0,94
IV		7,83;11,02	7,71;9,69	2,37;10,43	2,65;11,91	0,78;0,98	0,82;1,01

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

^a Médias em escala original, não transformadas.

^b Quadrados médios multiplicados por 10³.

Tabela 6. Quadrados médios e respectivas significâncias, coeficientes de variação (CV%) e médias com respectivos intervalos de confiança (IC_{0,95}) e de variação (IV) das análises de variâncias conjuntas para os caracteres altura da planta (AP), altura da espiga (AE) e posição relativa da espiga (PRE) em testecrosses provenientes dos testadores L-02-03D (TC₁) e L-04-05F (TC₂), para o grupo de ambientes sem estresse hídrico (SE)

FV	GL	Quadrados médios					
		AP (cm pl ⁻¹)		AE (cm pl ⁻¹)		PRE ^a	
		TC ₁	TC ₂	TC ₁	TC ₂	TC ₁	TC ₂
Ambientes (E)	4	57.851,96**	66.178,19**	76.203,25**	93.551,27**	4.168,91**	4.806,48**
Testecrosses (TC)	99	912,35**	685,60**	559,73**	538,78**	22,42**	30,24**
TC x E	396	181,18**	180,70**	121,24**	133,36**	7,62**	9,56**
Gerações de RC (G _{RC})	2	1.145,62**	41,54 ^{ns}	1.130,70**	839,42*	43,46 ^{ns}	191,72**
G _{RC1} ^{vs} G _{RC2} (C ₁)	1	2.247,20*	63,01 ^{ns}	2.245,08*	1.562,91**	74,88 ^{ns}	368,34**
G _{RC1} + G _{RC2} ^{vs} 2G _{RC3} (C ₂)	1	44,03 ^{ns}	20,07 ^{ns}	16,33 ^{ns}	115,93 ^{ns}	12,04 ^{ns}	15,09 ^{ns}
G _{RC} x E	8	104,29 ^{ns}	86,88 ^{ns}	120,13**	118,90*	10,57**	9,34*
C ₁ x E	4	125,29 ^{ns}	30,44 ^{ns}	156,00**	64,68 ^{ns}	11,45*	7,26 ^{ns}
C ₂ x E	4	83,30 ^{ns}	143,31*	84,27 ^{ns}	173,13**	9,69*	11,42*
TC x G _{RC}	198	77,59**	122,80**	58,28**	115,19**	5,51**	8,85**
TC x C ₁	99	81,32*	129,22**	59,64*	125,15**	5,37*	9,79**
TC x C ₂	99	73,86**	116,39**	56,91**	105,23**	5,65**	7,91**
TC x G _{RC} x E	792	54,30 ^{ns}	66,46 ^{ns}	42,30 ^{ns}	50,93 ^{ns}	4,05 ^{ns}	4,43 ^{ns}
TC x C ₁ x E	396	61,70 ^{ns}	74,57 ^{ns}	46,02 ^{ns}	55,54 ^{ns}	4,17 ^{ns}	4,69 ^{ns}
TC x C ₂ x E	396	46,90 ^{ns}	58,36 ^{ns}	38,59 ^{ns}	46,32 ^{ns}	3,93 ^{ns}	4,17 ^{ns}
Epistasia total (Z)	100	73,56**	115,42**	56,50**	105,34**	5,71**	7,98**
Z x E	400	47,26 ^{ns}	59,21 ^{ns}	39,04 ^{ns}	47,59 ^{ns}	3,99 ^{ns}	4,24 ^{ns}
Erro efetivo médio	1.305	75,64	77,43	56,89	60,15	4,40	4,72
CV%		3,68	3,78	5,80	5,68	3,82	3,71
Média geral		236,64	232,92	130,11	136,49	0,55	0,58
IC _{0,95}		235,54;237,73	231,97;233,87	129,25;130,96	135,64;137,33	0,55;0,55	0,58;0,59
IV		225,33;250,14	222,06;244,87	119,74;140,55	127,36;146,59	0,52;0,57	0,56;0,60

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

^a Quadrados médios multiplicados por 10⁴.

Tabela 7. Quadrados médios e respectivas significâncias, coeficientes de variação (CV%) e médias com respectivos intervalos de confiança (IC_{0,95}) e de variação (IV) das análises de variâncias conjuntas para os caracteres florescimento masculino (FM), florescimento feminino (FF) e intervalo entre florescimentos (IF) em testecrosses provenientes dos testadores L-02-03D (TC₁) e L-04-05F (TC₂), para o grupo de ambientes sem estresse hídrico (SE)

FV	GL	Quadrados médios					
		FM (dias)		FF (dias)		IF (dias)	
		TC ₁	TC ₂	TC ₁	TC ₂	TC ₁	TC ₂
Ambientes (E)	3	5.076,45**	7.053,71**	4.514,85**	4.899,95**	173,79**	379,30**
Testecrosses (TC)	99	6,83**	7,42**	7,02**	7,43**	2,61*	2,71 ^{ns}
TC x E	297	3,30**	3,45**	2,98**	3,06**	1,81**	2,22**
Gerações de RC (G _{RC})	2	71,99**	7,00 ^{ns}	3,45 ^{ns}	38,93*	52,45*	59,02**
G _{RC1} <i>vs</i> G _{RC2} (C ₁)	1	133,98*	4,73 ^{ns}	1,89 ^{ns}	74,39*	104,04*	116,64*
G _{RC1} + G _{RC2} <i>vs</i> 2G _{RC3} (C ₂)	1	9,99 ^{ns}	9,28 ^{ns}	5,01 ^{ns}	3,47 ^{ns}	0,85 ^{ns}	1,40 ^{ns}
G _{RC} x E	6	4,22**	4,50**	3,05*	4,26**	5,15**	3,60**
C ₁ x E	3	6,90**	7,68**	4,95*	6,47**	9,18**	5,54**
C ₂ x E	3	1,55 ^{ns}	1,31 ^{ns}	1,15 ^{ns}	2,06 ^{ns}	1,11 ^{ns}	1,67 ^{ns}
TC x G _{RC}	198	1,65**	2,12**	1,74**	2,09**	1,12 ^{ns}	1,22 ^{ns}
TC x C ₁	99	1,60*	1,95*	1,70*	2,15**	1,07 ^{ns}	1,23 ^{ns}
TC x C ₂	99	1,69*	2,28**	1,78**	2,02**	1,17 ^{ns}	1,21 ^{ns}
TC x G _{RC} x E	594	1,19 ^{ns}	1,23 ^{ns}	1,20 ^{ns}	1,27 ^{ns}	1,03*	1,15 ^{ns}
TC x C ₁ x E	297	1,14 ^{ns}	1,43 ^{ns}	1,30 ^{ns}	1,30 ^{ns}	1,11**	1,32 ^{ns}
TC x C ₂ x E	297	1,25 ^{ns}	1,03 ^{ns}	1,09 ^{ns}	1,24 ^{ns}	0,95 ^{ns}	0,97 ^{ns}
Epistasia total (Z)	100	1,78*	2,35**	1,81**	2,04**	1,16 ^{ns}	1,21 ^{ns}
Z x E	300	1,25 ^{ns}	1,04 ^{ns}	1,09 ^{ns}	1,24 ^{ns}	0,95 ^{ns}	0,98 ^{ns}
Erro efetivo médio	1.044	1,59	1,46	1,52	1,55	0,89	1,15
CV%		2,01	1,94	1,93	1,94	86,49	53,41
Média geral		62,69	62,19	63,78	64,20	1,09	2,01
IC _{0,95}		62,58;62,79	62,08;62,30	63,67;63,89	64,09;64,31	1,03;1,16	1,94;2,08
IV		60,68;63,93	60,31;63,34	62,00;64,89	62,66;65,90	0,40;2,23	0,95;2,74

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

Tabela 8. Quadrados médios e respectivas significâncias, coeficientes de variação (CV%) e médias com respectivos intervalos de confiança (IC_{0,95}) e de variação (IV) das análises de variâncias conjuntas para os caracteres produção de grãos (PG), acamamento e quebramento de plantas (ACQ) e prolificidade (PROL) em testecrosses provenientes dos testadores L-02-03D (TC₁) e L-04-05F (TC₂), para o grupo de ambientes com estresse hídrico (CE)

FV	GL	Quadrados médios					
		PG (t ha ⁻¹)		ACQ (%) ^a		PROL (esp pl ⁻¹) ^b	
		TC ₁	TC ₂	TC ₁	TC ₂	TC ₁	TC ₂
Ambientes (E)	4	1.519,27**	1.102,50**	942,40**	1.256,84**	3.443,44**	2.220,36**
Testecrosses (TC)	99	5,36**	3,03**	2,62 ^{ns}	2,79 ^{ns}	34,81**	30,62**
TC x E	396	2,32**	1,98**	2,17**	2,61**	19,63**	20,02**
Gerações de RC (G _{RC})	2	4,98 ^{ns}	11,48*	61,24**	68,58**	60,69 ^{ns}	219,75**
G _{RC1} ^{vs} G _{RC2} (C ₁)	1	6,63 ^{ns}	21,16**	122,45*	134,69*	121,12*	320,37*
G _{RC1} + G _{RC2} ^{vs} 2G _{RC3} (C ₂)	1	3,34 ^{ns}	1,79 ^{ns}	0,02 ^{ns}	2,47 ^{ns}	0,27 ^{ns}	119,14*
G _{RC} x E	8	1,51 ^{ns}	1,41*	6,53**	4,16**	14,08 ^{ns}	17,55 ^{ns}
C ₁ x E	4	1,89 ^{ns}	1,04 ^{ns}	10,67**	8,00**	11,98 ^{ns}	26,66*
C ₂ x E	4	1,13 ^{ns}	1,78*	2,38 ^{ns}	0,33 ^{ns}	16,18 ^{ns}	8,44 ^{ns}
TC x G _{RC}	198	1,20**	0,95**	1,37*	1,48 ^{ns}	12,69**	15,37**
TC x C ₁	99	1,15*	0,92*	1,41 ^{ns}	1,77 ^{ns}	13,21**	14,83**
TC x C ₂	99	1,25**	0,99**	1,33 ^{ns}	1,19 ^{ns}	12,17**	15,92**
TC x G _{RC} x E	792	0,79 ^{ns}	0,61 ^{ns}	1,13 ^{ns}	1,30 ^{ns}	8,48 ^{ns}	9,15 ^{ns}
TC x C ₁ x E	396	0,83 ^{ns}	0,66 ^{ns}	1,20 ^{ns}	1,60**	9,24 ^{ns}	9,46 ^{ns}
TC x C ₂ x E	396	0,75 ^{ns}	0,55 ^{ns}	1,05 ^{ns}	0,99 ^{ns}	7,73 ^{ns}	8,84 ^{ns}
Epistasia total (Z)	100	1,27**	0,99**	1,32 ^{ns}	1,20 ^{ns}	12,05**	16,95**
Z x E	400	0,76 ^{ns}	0,57 ^{ns}	1,07 ^{ns}	0,99 ^{ns}	7,81 ^{ns}	8,84 ^{ns}
Erro efetivo médio	1.300	1,01	0,76	1,31	1,30	9,92	9,58
CV%		17,47	15,29	50,24	42,73	12,49	11,14
Média geral		5,75	5,70	4,68	6,64	0,80	0,88
IC _{0,95}		5,67;5,84	5,63;5,76	4,41;4,95	6,32;6,97	0,79;0,80	0,87;0,89
IV		4,29;6,56	4,40;6,33	2,02;7,60	3,27;11,73	0,69;0,86	0,75;0,95

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

^a Médias em escala original, não transformadas.

^b Quadrados médios multiplicados por 10³.

Tabela 9. Quadrados médios e respectivas significâncias, coeficientes de variação (CV%) e médias com respectivos intervalos de confiança (IC_{0,95}) e de variação (IV) das análises de variâncias conjuntas para os caracteres altura da planta (AP), altura da espiga (AE) e posição relativa da espiga (PRE) em testecrosses provenientes dos testadores L-02-03D (TC₁) e L-04-05F (TC₂), para o grupo de ambientes com estresse hídrico (CE)

FV	GL	Quadrados médios					
		AP (cm pl ⁻¹)		AE (cm pl ⁻¹)		PRE ^a	
		TC ₁	TC ₂	TC ₁	TC ₂	TC ₁	TC ₂
Ambientes (E)	4	68.883,99**	63.517,13**	49.636,92**	46.229,77**	3.909,21**	3.025,20**
Testecrosses (TC)	99	694,47**	552,52**	346,53**	372,56**	31,03**	37,77**
TC x E	396	307,70**	317,90**	177,85**	192,19**	14,87**	15,72**
Gerações de RC (G _{RC})	2	1.119,39 ^{ns}	150,84 ^{ns}	418,27 ^{ns}	575,08 ^{ns}	7,97 ^{ns}	273,30**
G _{RC1} <i>vs</i> G _{RC2} (C ₁)	1	1.922,76 ^{ns}	275,28 ^{ns}	802,64 ^{ns}	964,66*	13,67 ^{ns}	509,36**
G _{RC1} + G _{RC2} <i>vs</i> 2G _{RC3} (C ₂)	1	316,02 ^{ns}	26,40 ^{ns}	33,90 ^{ns}	185,50 ^{ns}	2,28 ^{ns}	37,24 ^{ns}
G _{RC} x E	8	372,09**	146,34 ^{ns}	124,04**	126,55**	13,67*	13,26*
C ₁ x E	4	556,95**	108,19 ^{ns}	125,38*	120,64*	15,44*	12,16 ^{ns}
C ₂ x E	4	187,24*	184,50*	122,71**	132,46*	11,90 ^{ns}	14,37 ^{ns}
TC x G _{RC}	198	122,00**	118,96**	62,02**	69,31**	8,02**	8,56**
TC x C ₁	99	123,27**	125,48**	64,86**	79,14**	7,81*	10,04**
TC x C ₂	99	120,73**	112,43**	59,18**	59,49 ^{ns}	8,22**	7,08 ^{ns}
TC x G _{RC} x E	792	63,73 ^{ns}	75,81 ^{ns}	36,84 ^{ns}	47,30 ^{ns}	5,55 ^{ns}	5,94 ^{ns}
TC x C ₁ x E	396	68,54 ^{ns}	75,04 ^{ns}	41,44 ^{ns}	47,85 ^{ns}	5,52 ^{ns}	5,73 ^{ns}
TC x C ₂ x E	396	58,91 ^{ns}	76,57 ^{ns}	32,23 ^{ns}	46,76 ^{ns}	5,58 ^{ns}	6,14 ^{ns}
Epistasia total (Z)	100	122,68**	111,57**	58,93**	60,75 ^{ns}	8,16**	7,38 ^{ns}
Z x E	400	60,19 ^{ns}	77,65 ^{ns}	33,14 ^{ns}	47,61 ^{ns}	5,64 ^{ns}	6,22 ^{ns}
Erro efetivo médio	1.305	102,34	114,88	61,33	73,21	7,25	8,04
CV%		5,74	6,14	9,31	9,58	5,67	5,57
Média geral		176,15	174,55	84,07	89,32	0,47	0,51
IC _{0,95}		175,19;177,10	173,70;175,40	83,40;84,75	88,62;90,02	0,47;0,48	0,51;0,51
IV		165,39;191,45	164,20;190,78	75,81;92,60	81,93;101,25	0,45;0,49	0,48;0,53

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

^a Quadrados médios multiplicados por 10⁴.

Tabela 10. Quadrados médios e respectivas significâncias, coeficientes de variação (CV%) e médias com respectivos intervalos de confiança (IC_{0,95}) e de variação (IV) das análises de variâncias conjuntas para os caracteres florescimento masculino (FM), florescimento feminino (FF) e intervalo entre florescimentos (IF) em testecrosses provenientes dos testadores L-02-03D (TC₁) e L-04-05F (TC₂), para o grupo de ambientes com estresse hídrico (CE)

FV	GL	Quadrados médios					
		FM (dias)		FF (dias)		IF (dias)	
		TC ₁	TC ₂	TC ₁	TC ₂	TC ₁	TC ₂
Ambientes (E)	3	2.545,11 ^{**}	3.767,07 ^{**}	2.828,60 ^{**}	3.456,20 ^{**}	432,29 ^{**}	389,80 ^{**}
Testecrosses (TC)	99	8,61 ^{**}	7,44 ^{**}	9,88 ^{**}	9,43 ^{**}	2,16 [*]	2,10 [*]
TC x E	297	3,51 ^{**}	3,48 ^{**}	4,43 ^{**}	4,00 ^{**}	1,59 ^{**}	1,48 ^{**}
Gerações de RC (G _{RC})	2	55,39 ^{**}	14,32 [*]	1,61 ^{ns}	17,93 ^{**}	72,80 ^{**}	55,89 ^{**}
G _{RC1} <i>vs</i> G _{RC2} (C ₁)	1	110,78 ^{**}	23,04 [*]	2,25 ^{ns}	33,06 [*]	144,60 ^{**}	111,30 ^{**}
G _{RC1} + G _{RC2} <i>vs</i> 2G _{RC3} (C ₂)	1	0,00 ^{ns}	5,60 ^{ns}	0,96 ^{ns}	2,80 ^{ns}	0,99 ^{ns}	0,48 ^{ns}
G _{RC} x E	6	1,69 ^{ns}	1,88 ^{ns}	0,66 ^{ns}	1,33 ^{ns}	1,75 [*]	1,58 ^{ns}
C ₁ x E	3	0,83 ^{ns}	2,26 ^{ns}	0,47 ^{ns}	2,06 ^{ns}	2,11 [*]	0,23 ^{ns}
C ₂ x E	3	2,56 ^{ns}	1,51 ^{ns}	0,85 ^{ns}	0,60 ^{ns}	1,39 ^{ns}	2,93 [*]
TC x G _{RC}	198	1,83 ^{**}	2,77 ^{**}	2,20 ^{**}	3,16 ^{**}	0,96 [*]	1,07 ^{ns}
TC x C ₁	99	1,89 ^{**}	3,02 ^{**}	2,34 ^{**}	3,14 ^{**}	1,18 ^{**}	1,06 ^{ns}
TC x C ₂	99	1,77 ^{ns}	2,51 ^{**}	2,06 ^{ns}	3,19 ^{**}	0,74 ^{ns}	1,08 ^{ns}
TC x G _{RC} x E	594	1,35 ^{ns}	1,51 ^{ns}	1,69 ^{ns}	1,67 ^{ns}	0,75 ^{ns}	0,93 ^{ns}
TC x C ₁ x E	297	1,31 ^{ns}	1,38 ^{ns}	1,55 ^{ns}	1,44 ^{ns}	0,70 ^{ns}	0,88 ^{ns}
TC x C ₂ x E	297	1,40 ^{ns}	1,64 ^{ns}	1,83 ^{ns}	1,90 ^{ns}	0,81 ^{ns}	0,99 ^{ns}
Epistasia total (Z)	100	1,76 ^{ns}	2,55 ^{**}	2,05 ^{ns}	3,18 ^{**}	0,74 ^{ns}	1,07 ^{ns}
Z x E	300	1,41 ^{ns}	1,64 ^{ns}	1,82 ^{ns}	1,89 ^{ns}	0,82 ^{ns}	1,01 ^{ns}
Erro efetivo médio	1.044	1,57	1,62	1,88	1,98	0,82	0,91
CV%		1,94	2,00	2,08	2,14	87,51	50,29
Média geral		64,76	63,76	65,80	65,66	1,04	1,90
IC _{0,95}		64,64;64,88	63,65;63,87	65,67;65,92	65,53;65,78	0,98;1,09	1,84;1,96
IV		63,34;66,31	62,49;65,24	64,17;67,19	64,40;67,60	0,28;1,62	1,23;2,59

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

4.2. Análises de variâncias

Nas análises de variâncias individuais foram detectadas diferenças significativas ($p \leq 0,01$ ou $p \leq 0,05$) para testecrosses para os caracteres PG, AP, AE, PRE, FM e FF em todos os ambientes para ambos TC₁ e TC₂, exceto para o caráter FF no ambiente 6, para o TC₂. Já os caracteres ACQ, PROL e IF apresentaram diferenças significativas entre testecrosses para o TC₁ em seis, oito e seis ambientes, respectivamente, e para o TC₂ em quatro, cinco e três ambientes, respectivamente. A detecção de diferenças significativas para as gerações de retrocruzamento nas análises de variâncias individuais variou entre os caracteres e testadores e a interação testecrosses x gerações de retrocruzamento não foi significativa para a maioria dos ambientes. Estes resultados indicam a presença de variabilidade genética na população para a maioria dos caracteres em diversos ambientes e que, em geral, a performance dos testecrosses foi consistente nas diferentes gerações de retrocruzamento para os diversos ambientes, caracteres e testadores (ANEXOS G a O).

Nas análises de variâncias conjuntas para o grupo SE foram detectadas diferenças significativas ($p \leq 0,01$ ou $p \leq 0,05$) entre testecrosses para todos os caracteres de ambos os testadores, exceto para o caráter ACQ do TC₁ e TC₂ e para o caráter IF do TC₂. Os efeitos de ambientes e da interação testecrosses x ambientes foram significativos para todos os caracteres e testadores. A fonte de variação gerações de retrocruzamento (G_{RC}) foi significativa para o TC₁ para todos os caracteres, exceto para PG, PRE e FF, enquanto o TC₂ não apresentou diferenças significativas apenas para AP e FM. A interação G_{RC} x ambientes foi significativa para todos os caracteres, exceto para PROL e AP do TC₁ e TC₂ e para o caráter ACQ do TC₂. A interação testecrosses x G_{RC} também foi significativa para todos os caracteres, exceto ACQ e IF do TC₁ e TC₂, enquanto a interação tripla testecrosses x G_{RC} x ambientes não foi significativa para nenhum caráter de ambos os testadores, exceto para o caráter IF do TC₁ (Tabelas 5 a 7).

Nas análises de variâncias conjuntas para o grupo CE houve diferenças significativas ($p \leq 0,01$ ou $p \leq 0,05$) entre testecrosses para todos os caracteres do TC₁ e TC₂, exceto para o caráter ACQ de ambos os testadores. Os efeitos de ambientes e da interação testecrosses x ambientes foram significativos para todos os caracteres do TC₁ e TC₂. O TC₁ apresentou diferenças significativas entre as G_{RC} para ACQ, FM e IF, não diferindo para os demais caracteres, enquanto o TC₂ não apresentou diferenças entre G_{RC} apenas para AP e AE. A interação G_{RC} x ambientes foi significativa apenas para os caracteres ACQ, AP, AE, PRE e IF do TC₁ e PG, ACQ, AE e PRE do TC₂. A interação testecrosses x G_{RC} foi significativa para todos os caracteres, exceto ACQ e IF do TC₂, enquanto a interação tripla testecrosses x G_{RC} x ambientes não foi significativa para nenhum caráter do TC₁ e TC₂ (Tabelas 8 a 10).

Estes resultados indicam que houve ampla variabilidade genética na população para a quase totalidade dos caracteres, diferenças entre os ambientes e performance diferencial dos testecrosses nos ambientes para todos os caracteres, tanto no grupo SE como no grupo CE. No entanto, o estresse hídrico reduziu a detecção de diferenças entre as médias das G_{RC} quando em cruzamento com a linhagem testadora L02-03D, sendo a fonte de variação das G_{RC} significativa para três caracteres no grupo CE *versus* seis caracteres no grupo SE. Porém, a linhagem testadora L-04-05F contribuiu para a detecção de diferenças nas médias das G_{RC} de modo similar na presença e na ausência de estresse hídrico. Além disso, com exceção dos caracteres ACQ e IF para ambos os testadores, houve performance diferencial dos testecrosses nas G_{RC} , no entanto, as performances dos testecrosses nos retrocruzamentos foram consistentes entre os ambientes nos grupos SE e CE (ANEXOS P a X; Tabelas 5 a 10).

Nas análises de variâncias conjuntas entre os grupos de ambientes foram detectadas diferenças significativas ($p \leq 0,01$ ou $p \leq 0,05$) entre os testecrosses para todos os caracteres do TC₁ e TC₂, exceto para o caráter ACQ do TC₁. O efeito de grupos (SE *vs* CE) foi significativo para os caracteres PG, AP, AE e PRE do TC₁ e TC₂ e

para PROL do TC₁, mostrando que os grupos diferiram para esses caracteres, porém não diferiram para ACQ, FM, FF e IF do TC₁ e TC₂ e para PROL do TC₂. Já o efeito de ambientes dentro de grupos foi significativo para todos os caracteres de ambos os testadores. A interação testecrosses x grupos não foi significativa para nenhum dos caracteres, exceto para o caráter AE do TC₁ e TC₂, enquanto a interação testecrosses x ambientes dentro de grupos foi significativa para todos os caracteres. As G_{RC} diferiram significativamente entre si para todos os caracteres, exceto PRE e FF do TC₁ e AP do TC₂, sendo a interação G_{RC} x grupos significativa apenas para PG do TC₂, enquanto a interação G_{RC} x ambientes dentro de grupos foi significativa para todos os caracteres, exceto para PROL e FF do TC₁ e AP do TC₂. Com relação à interação testecrosses x G_{RC} , esta foi significativa para todos os caracteres do TC₁ e TC₂, enquanto a interação tripla testecrosses x G_{RC} x grupos não foi significativa para nenhum caráter, exceto para PG e PRE do TC₁ e AP e AE do TC₂, assim como a interação tripla testecrosses x G_{RC} x ambientes dentro de grupos não foi significativa para nenhum caráter (Tabelas 2 a 4).

Portanto, ao contrário do esperado, as performances dos testecrosses e das G_{RC} foram consistentes entre os grupos de ambientes, porém não foram consistentes entre os ambientes dentro de grupos. Ressalte-se que, enquanto a fonte de variação interação testecrosses x grupos é testada com a interação testecrosses x ambientes dentro de grupos, esta última é testada com o erro efetivo médio, resultando em maior poder estatístico para o teste *F*. Em geral, as performances dos testecrosses nos retrocruzamentos foram consistentes entre os grupos de ambientes e entre os ambientes dentro de grupos (Tabelas 2 a 4).

As pressuposições dos modelos matemáticos foram atendidas para todos os caracteres, sendo que a distribuição dos resíduos se ajustou a uma distribuição normal e houve homogeneidade das variâncias residuais para se procederem as análises de variâncias conjuntas. No entanto, verificou-se que para o caráter ACQ do TC₁ na análise de variância conjunta para o grupo de ambientes com estresse hídrico, o quociente entre o maior e o menor quadrado médio dos erros efetivos das análises de variâncias individuais foi de 8,27. Segundo Pimentel Gomes (2009), se esse quociente for menor que sete a análise conjunta pode ser realizada sem grandes problemas. Porém, quando essa relação for muito além disso, convém eliminar ambientes com quadrados médios residuais discrepantes ou agrupar ambientes com quadrados médios similares. Neste trabalho, como o teste *F*-máximo foi pouco superior a sete para o caráter ACQ do TC₁ no grupo CE, a heterogeneidade de variâncias foi ignorada, não sendo adotado nenhum artifício diferencial para se proceder a análise.

4.3. Componentes de variância e coeficientes de herdabilidade

Para o TC₁, as estimativas das variâncias aditivas de testecrosses ($\hat{\sigma}_{A_{TC}}^2$) diferiram entre os grupos de ambientes SE e CE apenas para os caracteres PG, AP e AE, sendo a magnitude da $\hat{\sigma}_{A_{TC}}^2$ superior no grupo SE. As estimativas das variâncias da interação aditiva de testecrosses x ambientes ($\hat{\sigma}_{A_{TC} \times E}^2$) diferiram significativamente entre os grupos SE e CE para PG, ACQ, caracteres de estatura e FF, sendo superiores no grupo SE para PG e ACQ e no grupo CE para os demais, não diferindo para PROL, FM e IF (Tabelas 11 a 13). Deve-se ressaltar que no delineamento TTC com testadores, a variância genética de testecrosses contém apenas variância aditiva (Eta-Ndu and Openshaw 1999).

Tabela 11. Estimativas das variâncias fenotípicas com base em médias de testecrosses ($\hat{\sigma}_{\bar{F}_{TC}}^2$), genéticas de testecrosses ($\hat{\sigma}_{TC}^2$), da interação testecrosses x ambientes ($\hat{\sigma}_{TC \times E}^2$) e testecrosses x ambientes dentro de grupos ($\hat{\sigma}_{TC \times E / S}^2$), variâncias aditivas de testecrosses ($\hat{\sigma}_{A_{TC}}^2$), da interação aditiva de testecrosses x ambientes ($\hat{\sigma}_{A_{TC} \times E}^2$) e de testecrosses x ambientes dentro de grupos ($\hat{\sigma}_{A_{TC} \times E / S}^2$), variâncias epistáticas de testecrosses ($\hat{\sigma}_Z^2$), da interação epistática x grupos de ambientes ($\hat{\sigma}_{Z \times S}^2$), coeficientes de herdabilidade com base em médias ($\hat{h}_{\bar{X}_{TC}}^2$) e respectivos intervalos de confiança (entre parênteses) para os caracteres produção de grãos (PG), prolificidade (PROL) e acamamento e quebramento de plantas (ACQ) obtidos para os testecrosses provenientes do testador L-02-03D (TC₁) avaliados no grupo de ambientes sem estresse hídrico (SE), com estresse hídrico (CE) e considerando os dois grupos conjuntamente (EG)

Parâmetro	PG (t ha ⁻¹)			ACQ (%)			PROL (esp pl ⁻¹) ^a		
	SE	CE	EG	SE	CE	EG	SE	CE	EG
$\hat{\sigma}_{\bar{F}_{TC}}^2$	0,36 (0,28;0,49)	0,18 (0,14;0,24)	0,22 (0,17;0,29)	0,15 (0,11;0,20)	0,09 (0,07;0,12)	0,07 (0,05;0,09)	1,06 (0,82;1,43)	1,16 (0,89;1,57)	0,82 (0,64;1,11)
$\hat{\sigma}_{TC}^2$	0,26 (0,18;0,40)	0,10 (0,06;0,18)	0,17 (0,12;0,25)	0,00	0,00	0,00	0,50 (0,30;1,02)	0,51 (0,28;1,14)	0,52 (0,35;0,86)
$\hat{\sigma}_{TC \times E}^2$	0,29 (0,23;0,39)	0,22 (0,17;0,29)	-	0,48 (0,39;0,61)	0,14 (0,10;0,22)	-	1,46 (1,13;1,97)	1,62 (1,23;2,22)	-
$\hat{\sigma}_{TC \times E / S}^2$	-	-	0,26 (0,21;0,31)	-	-	0,31 (0,26;0,38)	-	-	1,54 (1,27;1,90)
$\hat{\sigma}_{A_{TC}}^2$	1,03 (0,72;1,61)	0,41 (0,26;0,72)	0,68 (0,49;1,00)	0,00	0,00	0,00	2,00 (1,18;4,09)	2,02 (1,14;4,55)	2,08 (1,40;3,44)
$\hat{\sigma}_{A_{TC} \times E}^2$	1,17 (0,92;1,55)	0,88 (0,69;1,15)	-	1,94 (1,57;2,44)	0,58 (0,41;0,87)	-	5,84 (4,50;7,86)	6,48 (4,93;8,88)	-
$\hat{\sigma}_{A_{TC} \times E / S}^2$	-	-	1,02 (0,86;1,24)	-	-	1,26 (1,06;1,52)	-	-	6,16 (5,08;7,61)
$\hat{\sigma}_Z^2$	0,10 (0,06;0,20)	0,05 (0,03;0,12)	0,05 (0,03;0,09)	0,00	0,00	0,00	0,49 (0,26;1,22)	0,42 (0,21;1,22)	0,34 (0,20;0,69)
$\hat{\sigma}_{Z \times S}^2$	-	-	0,06 (0,03;0,14)	-	-	0,00	-	-	0,24 (0,10;1,47)
$\hat{h}_{\bar{X}_{TC}}^2$	0,71 (0,60;0,78)	0,57 (0,40;0,68)	0,79 (0,71;0,84)	0,00	0,00	0,00	0,47 (0,27;0,61)	0,44 (0,22;0,58)	0,63 (0,50;0,72)

- Variância não obtida pela análise de variância conjunta em questão.

Intervalos de confiança a 0,95 de probabilidade.

^a Variâncias multiplicadas por 10³.

Tabela 12. Estimativas das variâncias fenotípicas com base em médias de testecrosses ($\hat{\sigma}_{\bar{F}_{TC}}^2$), genéticas de testecrosses ($\hat{\sigma}_{TC}^2$), da interação testecrosses x ambientes ($\hat{\sigma}_{TC \times E}^2$) e testecrosses x ambientes dentro de grupos ($\hat{\sigma}_{TC \times E / S}^2$), variâncias aditivas de testecrosses ($\hat{\sigma}_{A_{TC}}^2$), da interação aditiva de testecrosses x ambientes ($\hat{\sigma}_{A_{TC} \times E}^2$) e de testecrosses x ambientes dentro de grupos ($\hat{\sigma}_{A_{TC} \times E / S}^2$), variâncias epistáticas de testecrosses ($\hat{\sigma}_Z^2$), da interação epistática x grupos de ambientes ($\hat{\sigma}_{Z \times S}^2$), coeficientes de herdabilidade com base em médias ($\hat{h}_{\bar{X}_{TC}}^2$) e respectivos intervalos de confiança (entre parênteses) para os caracteres altura da planta (AP), altura da espiga (AE) e posição relativa da espiga (PRE) obtidos para os testecrosses provenientes do testador L-02-03D (TC₁) avaliados no grupo de ambientes sem estresse hídrico (SE), com estresse hídrico (CE) e considerando os dois grupos conjuntamente (EG)

Parâmetro	AP (cm pl ⁻¹)			AE (cm pl ⁻¹)			PRE ^a		
	SE	CE	EG	SE	CE	EG	SE	CE	EG
$\hat{\sigma}_{\bar{F}_{TC}}^2$	30,41 (23,44;41,04)	23,15 (17,85;31,24)	21,84 (16,84;29,48)	18,66 (14,38;25,18)	11,55 (8,90;15,59)	11,69 (9,01;15,78)	0,75 (0,58;1,01)	1,03 (0,80;1,40)	0,65 (0,50;0,88)
$\hat{\sigma}_{TC}^2$	24,37 (17,68;35,75)	12,89 (8,18;23,30)	17,77 (12,95;25,90)	14,62 (10,53;21,66)	5,62 (3,36;11,26)	9,20 (6,64;13,59)	0,49 (0,34;0,80)	0,54 (0,33;1,03)	0,47 (0,33;0,72)
$\hat{\sigma}_{TC \times E}^2$	17,59 (13,97;22,84)	34,23 (27,99;42,82)	-	10,73 (8,33;14,34)	19,42 (15,82;24,42)	-	0,54 (0,39;0,79)	1,27 (0,98;1,72)	-
$\hat{\sigma}_{TC \times E / S}^2$	-	-	25,91 (22,26;30,54)	-	-	15,07 (12,85;17,94)	-	-	0,90 (0,74;1,13)
$\hat{\sigma}_{A_{TC}}^2$	97,49 (70,73;143,00)	51,57 (32,71;93,20)	71,08 (51,81;103,58)	58,47 (42,11;86,65)	22,49 (13,45;45,05)	36,80 (26,57;54,35)	1,97 (1,34;3,19)	2,15 (1,32;4,10)	1,87 (1,31;2,89)
$\hat{\sigma}_{A_{TC} \times E}^2$	70,36 (55,87;91,36)	136,90 (111,96;171,27)	-	42,90 (33,31;57,36)	77,68 (63,27;97,67)	-	2,15 (1,56;3,14)	5,08 (3,91;6,88)	-
$\hat{\sigma}_{A_{TC} \times E / S}^2$	-	-	103,63 (89,03;122,16)	-	-	60,29 (51,39;71,74)	-	-	3,61 (2,95;4,53)
$\hat{\sigma}_Z^2$	2,63 (1,35;7,17)	6,25 (3,81;12,09)	3,95 (2,60;6,72)	1,75 (0,83;5,82)	2,58 (1,47;5,64)	1,97 (1,22;3,70)	0,17 (0,08;0,63)	0,25 (0,12;0,84)	0,17 (0,09;0,39)
$\hat{\sigma}_{Z \times S}^2$	-	-	0,00	-	-	0,00	-	-	0,00
$\hat{h}_{\bar{X}_{TC}}^2$	0,80 (0,72;0,85)	0,56 (0,39;0,67)	0,81 (0,74;0,86)	0,78 (0,70;0,84)	0,49 (0,29;0,62)	0,79 (0,71;0,84)	0,66 (0,53;0,75)	0,52 (0,33;0,64)	0,71 (0,61;0,78)

- Variância não obtida pela análise de variância conjunta em questão.

Intervalos de confiança a 0,95 de probabilidade.

^a Variâncias multiplicadas por 10⁴.

Tabela 13. Estimativas das variâncias fenotípicas com base em médias de testecrosses ($\hat{\sigma}_{\overline{F}_{TC}}^2$), genéticas de testecrosses ($\hat{\sigma}_{TC}^2$), da interação testecrosses x ambientes ($\hat{\sigma}_{TC \times E}^2$) e testecrosses x ambientes dentro de grupos ($\hat{\sigma}_{TC \times E / S}^2$), variâncias aditivas de testecrosses ($\hat{\sigma}_{ATC}^2$), da interação aditiva de testecrosses x ambientes ($\hat{\sigma}_{ATC \times E}^2$) e de testecrosses x ambientes dentro de grupos ($\hat{\sigma}_{ATC \times E / S}^2$), variâncias epistáticas de testecrosses ($\hat{\sigma}_Z^2$), da interação epistática x grupos de ambientes ($\hat{\sigma}_{Z \times S}^2$), coeficientes de herdabilidade com base em médias ($\hat{h}_{\overline{X}_{TC}}^2$) e respectivos intervalos de confiança (entre parênteses) para os caracteres florescimento masculino (FM), florescimento feminino (FF) e intervalo entre florescimentos (IF) obtidos para os testecrosses provenientes do testador L-02-03D (TC₁) avaliados no grupo de ambientes sem estresse hídrico (SE), com estresse hídrico (CE) e considerando os dois grupos conjuntamente (EG)

Parâmetro	FM (dias)			FF (dias)			IF (dias)		
	SE	CE	EG	SE	CE	EG	SE	CE	EG
$\hat{\sigma}_{\overline{F}_{TC}}^2$	0,28 (0,22;0,38)	0,36 (0,28;0,48)	0,23 (0,18;0,32)	0,29 (0,23;0,39)	0,41 (0,32;0,56)	0,28 (0,21;0,37)	0,11 (0,08;0,15)	0,09 (0,07;0,12)	0,07 (0,05;0,09)
$\hat{\sigma}_{TC}^2$	0,15 (0,09;0,28)	0,21 (0,14;0,37)	0,16 (0,11;0,26)	0,17 (0,11;0,30)	0,23 (0,14;0,42)	0,20 (0,14;0,31)	0,03 (0,02;0,12)	0,02 (0,01;0,11)	0,03 (0,02;0,07)
$\hat{\sigma}_{TC \times E}^2$	0,28 (0,21;0,40)	0,32 (0,24;0,45)	-	0,24 (0,18;0,35)	0,42 (0,33;0,58)	-	0,15 (0,11;0,22)	0,13 (0,09;0,19)	-
$\hat{\sigma}_{TC \times E / S}^2$	-	-	0,30 (0,25;0,38)	-	-	0,33 (0,27;0,42)	-	-	0,14 (0,11;0,18)
$\hat{\sigma}_{ATC}^2$	0,59 (0,36;1,12)	0,85 (0,55;1,47)	0,66 (0,46;1,02)	0,67 (0,43;1,19)	0,91 (0,57;1,66)	0,80 (0,56;1,23)	0,13 (0,06;0,49)	0,09 (0,04;0,46)	0,14 (0,08;0,27)
$\hat{\sigma}_{ATC \times E}^2$	1,14 (0,85;1,61)	1,29 (0,97;1,78)	-	0,97 (0,71;1,41)	1,70 (1,30;2,31)	-	0,61 (0,45;0,88)	0,51 (0,37;0,75)	-
$\hat{\sigma}_{ATC \times E / S}^2$	-	-	1,21 (0,99;1,53)	-	-	1,34 (1,09;1,68)	-	-	0,56 (0,45;0,72)
$\hat{\sigma}_Z^2$	0,07 (0,03;0,27)	0,00	0,04 (0,02;0,12)	0,09 (0,05;0,22)	0,00	0,06 (0,03;0,14)	0,00	0,00	0,00
$\hat{\sigma}_{Z \times S}^2$	-	-	0,00	-	-	0,00	-	-	0,00
$\hat{h}_{\overline{X}_{TC}}^2$	0,52 (0,32;0,65)	0,59 (0,43;0,70)	0,70 (0,58;0,77)	0,58 (0,41;0,69)	0,55 (0,37;0,67)	0,72 (0,62;0,79)	0,31 (0,03;0,49)	0,26 (-0,03;0,46)	0,49 (0,30;0,62)

- Variância não obtida pela análise de variância conjunta em questão.
Intervalos de confiança a 0,95 de probabilidade.

Para o TC₂, as magnitudes das $\hat{\sigma}_{A_{TC}}^2$ não diferiram entre os grupos SE e CE para todos os caracteres, com exceção do caráter AE, em que a magnitude da $\hat{\sigma}_{A_{TC}}^2$ foi superior no grupo SE. Ressalte-se que a estimativa da $\hat{\sigma}_{A_{TC}}^2$ para o caráter IF não diferiu de zero no grupo SE, ao contrário do ocorrido no grupo CE. As magnitudes das $\hat{\sigma}_{A_{TC} \times E}^2$ não diferiram entre os grupos SE e CE apenas para os caracteres PG, FM e FF. Para os caracteres PROL e de estatura da planta, as magnitudes das $\hat{\sigma}_{A_{TC} \times E}^2$ foram superiores no grupo CE em relação ao grupo SE, enquanto para ACQ e IF as magnitudes das $\hat{\sigma}_{A_{TC} \times E}^2$ foram superiores no grupo SE em relação ao CE. As magnitudes das $\hat{\sigma}_{A_{TC} \times E}^2$ foram superiores às respectivas $\hat{\sigma}_{A_{TC}}^2$ para a maioria dos caracteres em ambos os grupos de ambientes e testadores (Tabelas 11 a 16) e, portanto, a interação testecrosses x ambientes foi um componente importante na variação fenotípica dos caracteres.

Através das análises de variâncias conjuntas entre os grupos, de modo geral, as estimativas das $\hat{\sigma}_{A_{TC}}^2$ e as estimativas de variâncias da interação aditiva de testecrosses x ambientes dentro de grupos ($\hat{\sigma}_{A_{TC} \times E / S}^2$) apresentaram magnitudes intermediárias ou similares às $\hat{\sigma}_{A_{TC}}^2$ e $\hat{\sigma}_{A_{TC} \times E}^2$, respectivamente, obtidas nos grupos SE e CE para a maioria dos caracteres de ambos os testadores (Tabelas 11 a 16). As estimativas das variâncias da interação aditiva de testecrosses x grupos de ambientes diferiram de zero apenas para o caráter AE de ambos os testadores, apresentando magnitude inferior às respectivas magnitudes das $\hat{\sigma}_{A_{TC}}^2$ e $\hat{\sigma}_{A_{TC} \times E / S}^2$.

Para o caráter PG, em ambos os grupos de ambientes e considerando os dois grupos conjuntamente, houve diferenças das magnitudes das $\hat{\sigma}_{A_{TC}}^2$ entre TC₁ e TC₂, em que a linhagem testadora L-02-03D (T₁) contribuiu para uma maior magnitude da $\hat{\sigma}_{A_{TC}}^2$, o que pode ser justificado pela origem comum da linhagem testadora L-04-05F (T₂) e da linhagem genitora L-08-05F, ambas derivadas da população IG-1, reduzindo a divergência genética entre esse testador e a população em relação à linhagem testadora L-02-03D. Também, para o caráter IF no grupo SE, a estimativa da $\hat{\sigma}_{A_{TC}}^2$ diferiu de zero para o TC₁ e não diferiu para o TC₂. Enquanto que, para o caráter ACQ considerando os dois grupos conjuntamente, a estimativa da $\hat{\sigma}_{A_{TC}}^2$ diferiu de zero para o TC₂ e não diferiu para o TC₁. Os demais caracteres não apresentaram diferenças significativas entre as magnitudes das $\hat{\sigma}_{A_{TC}}^2$ (Tabelas 11 a 16).

Blum (1982) relatou que a magnitude da variância genética para produtividade na presença de estresse ambiental é comumente reduzida em relação às condições favoráveis para diversas espécies cultivadas. Avaliando seis populações de milho em ambientes sem e com estresse hídrico, Bolaños and Edmeades (1996) reportaram que as magnitudes das variâncias genéticas para produção de grãos e componentes da produção reduziram com o aumento do déficit hídrico. Esses relatos corroboram com as reduções de 60,83% e 42,06% das magnitudes das $\hat{\sigma}_{A_{TC}}^2$ para PG do TC₁ e TC₂, respectivamente, no grupo CE em relação ao grupo SE (Tabela 11 e 14).

Tabela 14. Estimativas das variâncias fenotípicas com base em médias de testecrosses ($\hat{\sigma}_{\bar{F}_{TC}}^2$), genéticas de testecrosses ($\hat{\sigma}_{TC}^2$), da interação testecrosses x ambientes ($\hat{\sigma}_{TC \times E}^2$) e testecrosses x ambientes dentro de grupos ($\hat{\sigma}_{TC \times E / S}^2$), variâncias aditivas de testecrosses ($\hat{\sigma}_{A_{TC}}^2$), da interação aditiva de testecrosses x ambientes ($\hat{\sigma}_{A_{TC} \times E}^2$) e de testecrosses x ambientes dentro de grupos ($\hat{\sigma}_{A_{TC} \times E / S}^2$), variâncias epistáticas de testecrosses ($\hat{\sigma}_Z^2$), da interação epistática x grupos de ambientes ($\hat{\sigma}_{Z \times S}^2$), coeficientes de herdabilidade com base em médias ($\hat{h}_{\bar{X}_{TC}}^2$) e respectivos intervalos de confiança (entre parênteses) para os caracteres produção de grãos (PG), prolificidade (PROL) e acamamento e quebramento de plantas (ACQ) obtidos para os testecrosses provenientes do testador L-04-05F (TC₂) avaliados no grupo de ambientes sem estresse hídrico (SE), com estresse hídrico (CE) e considerando os dois grupos conjuntamente (EG)

Parâmetro	PG (t ha ⁻¹)			ACQ (%)			PROL (esp pl ⁻¹) ^a		
	SE	CE	EG	SE	CE	EG	SE	CE	EG
$\hat{\sigma}_{\bar{F}_{TC}}^2$	0,13 (0,10;0,17)	0,10 (0,08;0,14)	0,07 (0,06;0,10)	0,14 (0,11;0,19)	0,09 (0,07;0,13)	0,07 (0,05;0,09)	0,99 (0,76;1,34)	1,02 (0,79;1,38)	0,66 (0,51;0,90)
$\hat{\sigma}_{TC}^2$	0,06 (0,04;0,13)	0,03 (0,02;0,10)	0,04 (0,02;0,07)	0,00	0,00	0,02 (0,01;0,08)	0,45 (0,26;0,97)	0,35 (0,18;1,02)	0,36 (0,23;0,66)
$\hat{\sigma}_{TC \times E}^2$	0,17 (0,13;0,23)	0,20 (0,16;0,26)	-	0,33 (0,27;0,43)	0,22 (0,17;0,30)	-	0,89 (0,59;1,48)	1,74 (1,34;2,34)	-
$\hat{\sigma}_{TC \times E / S}^2$	-	-	0,19 (0,16;0,23)	-	-	0,28 (0,23;0,33)	-	-	1,31 (1,05;1,69)
$\hat{\sigma}_{A_{TC}}^2$	0,24 (0,14;0,50)	0,14 (0,07;0,40)	0,15 (0,10;0,28)	0,00	0,00	0,07 (0,03;0,30)	1,82 (1,05;3,87)	1,41 (0,71;4,07)	1,46 (0,92;2,63)
$\hat{\sigma}_{A_{TC} \times E}^2$	0,69 (0,52;0,94)	0,81 (0,65;1,04)	-	1,34 (1,06;1,73)	0,87 (0,66;1,18)	-	3,56 (2,38;5,91)	6,96 (5,38;9,36)	-
$\hat{\sigma}_{A_{TC} \times E / S}^2$	-	-	0,75 (0,63;0,91)	-	-	1,10 (0,92;1,34)	-	-	5,26 (4,21;6,76)
$\hat{\sigma}_Z^2$	0,05 (0,02;0,15)	0,04 (0,02;0,10)	0,04 (0,02;0,08)	0,00	0,00	0,02 (0,01;0,09)	0,43 (0,19;1,79)	0,81 (0,48;1,66)	0,61 (0,39;1,10)
$\hat{\sigma}_{Z \times S}^2$	-	-	0,00	-	-	0,00	-	-	0,00
$\hat{h}_{\bar{X}_{TC}}^2$	0,47 (0,26;0,60)	0,35 (0,09;0,51)	0,54 (0,36;0,65)	0,00	0,00	0,27 (-0,01;0,45)	0,46 (0,25;0,60)	0,35 (0,09;0,51)	0,55 (0,38;0,66)

- Variância não obtida pela análise de variância conjunta em questão.

Intervalos de confiança a 0,95 de probabilidade.

^a Variâncias multiplicadas por 10³.

Tabela 15. Estimativas das variâncias fenotípicas com base em médias de testecrosses ($\hat{\sigma}_{\bar{F}_{TC}}^2$), genéticas de testecrosses ($\hat{\sigma}_{TC}^2$), da interação testecrosses x ambientes ($\hat{\sigma}_{TC \times E}^2$) e testecrosses x ambientes dentro de grupos ($\hat{\sigma}_{TC \times E / S}^2$), variâncias aditivas de testecrosses ($\hat{\sigma}_{A_{TC}}^2$), da interação aditiva de testecrosses x ambientes ($\hat{\sigma}_{A_{TC} \times E}^2$) e de testecrosses x ambientes dentro de grupos ($\hat{\sigma}_{A_{TC} \times E / S}^2$), variâncias epistáticas de testecrosses ($\hat{\sigma}_Z^2$), da interação epistática x grupos de ambientes ($\hat{\sigma}_{Z \times S}^2$), coeficientes de herdabilidade com base em médias ($\hat{h}_{\bar{X}_{TC}}^2$) e respectivos intervalos de confiança (entre parênteses) para os caracteres altura da planta (AP), altura da espiga (AE) e posição relativa da espiga (PRE) obtidos para os testecrosses provenientes do testador L-04-05F (TC₂) avaliados no grupo de ambientes sem estresse hídrico (SE), com estresse hídrico (CE) e considerando os dois grupos conjuntamente (EG)

Parâmetro	AP (cm pl ⁻¹)			AE (cm pl ⁻¹)			PRE ^a		
	SE	CE	EG	SE	CE	EG	SE	CE	EG
$\hat{\sigma}_{\bar{F}_{TC}}^2$	22,85 (17,62;30,84)	18,42 (14,20;24,85)	16,20 (12,49;21,86)	17,96 (13,84;24,24)	12,42 (9,57;16,76)	11,62 (8,96;15,68)	1,01 (0,78;1,36)	1,26 (0,97;1,70)	0,89 (0,69;1,20)
$\hat{\sigma}_{TC}^2$	16,83 (11,89;25,65)	7,82 (4,34;18,12)	12,05 (8,54;18,28)	13,51 (9,61;20,42)	6,01 (3,60;12,04)	8,91 (6,38;13,30)	0,69 (0,47;1,09)	0,73 (0,48;1,29)	0,68 (0,49;1,02)
$\hat{\sigma}_{TC \times E}^2$	17,21 (13,61;22,47)	33,84 (27,41;42,84)	-	12,20 (9,54;16,15)	19,83 (15,95;25,32)	-	0,81 (0,62;1,10)	1,28 (0,97;1,76)	-
$\hat{\sigma}_{TC \times E / S}^2$	-	-	25,52 (21,81;30,28)	-	-	16,02 (13,60;19,15)	-	-	1,04 (0,86;1,30)
$\hat{\sigma}_{A_{TC}}^2$	67,32 (47,57;102,60)	31,28 (17,35;72,46)	48,19 (34,15;73,12)	54,06 (38,42;81,68)	24,05 (14,38;48,18)	35,63 (25,54;53,21)	2,76 (1,90;4,38)	2,94 (1,90;5,14)	2,72 (1,94;4,08)
$\hat{\sigma}_{A_{TC} \times E}^2$	68,85 (54,43;89,90)	135,35 (109,63;171,36)	-	48,80 (38,17;64,61)	79,32 (63,82;101,28)	-	3,23 (2,47;4,39)	5,12 (3,89;7,05)	-
$\hat{\sigma}_{A_{TC} \times E / S}^2$	-	-	102,10 (87,23;121,14)	-	-	64,06 (54,38;76,59)	-	-	4,17 (3,43;5,19)
$\hat{\sigma}_Z^2$	5,62 (3,36;11,26)	3,39 (1,55;12,45)	3,12 (1,86;6,25)	5,77 (3,66;10,44)	0,00	2,63 (1,65;4,88)	0,37 (0,22;0,78)	0,00	0,25 (0,15;0,49)
$\hat{\sigma}_{Z \times S}^2$	-	-	2,64 (1,15;10,93)	-	-	1,80 (0,79;7,46)	-	-	0,00
$\hat{h}_{\bar{X}_{TC}}^2$	0,74 (0,63;0,80)	0,42 (0,20;0,57)	0,74 (0,65;0,81)	0,75 (0,66;0,82)	0,48 (0,28;0,62)	0,77 (0,68;0,82)	0,68 (0,56;0,77)	0,58 (0,42;0,69)	0,76 (0,68;0,82)

- Variância não obtida pela análise de variância conjunta em questão.

Intervalos de confiança a 0,95 de probabilidade.

^a Variâncias multiplicadas por 10⁴.

Tabela 16. Estimativas das variâncias fenotípicas com base em médias de testecrosses ($\hat{\sigma}_{\overline{F}_{TC}}^2$), genéticas de testecrosses ($\hat{\sigma}_{TC}^2$), da interação testecrosses x ambientes ($\hat{\sigma}_{TC \times E}^2$) e testecrosses x ambientes dentro de grupos ($\hat{\sigma}_{TC \times E / S}^2$), variâncias aditivas de testecrosses ($\hat{\sigma}_{A_{TC}}^2$), da interação aditiva de testecrosses x ambientes ($\hat{\sigma}_{A_{TC} \times E}^2$) e de testecrosses x ambientes dentro de grupos ($\hat{\sigma}_{A_{TC} \times E / S}^2$), variâncias epistáticas de testecrosses ($\hat{\sigma}_Z^2$), da interação epistática x grupos de ambientes ($\hat{\sigma}_{Z \times S}^2$), coeficientes de herdabilidade com base em médias ($\hat{h}_{\overline{X}_{TC}}^2$) e respectivos intervalos de confiança (entre parênteses) para os caracteres florescimento masculino (FM), florescimento feminino (FF) e intervalo entre florescimentos (IF) obtidos para os testecrosses provenientes do testador L-04-05F (TC₂) avaliados no grupo de ambientes sem estresse hídrico (SE), com estresse hídrico (CE) e considerando os dois grupos conjuntamente (EG)

Parâmetro	FM (dias)			FF (dias)			IF (dias)		
	SE	CE	EG	SE	CE	EG	SE	CE	EG
$\hat{\sigma}_{\overline{F}_{TC}}^2$	0,31 (0,24;0,42)	0,31 (0,24;0,42)	0,24 (0,19;0,32)	0,31 (0,24;0,42)	0,39 (0,30;0,53)	0,26 (0,20;0,35)	0,11 (0,09;0,15)	0,09 (0,07;0,12)	0,06 (0,05;0,08)
$\hat{\sigma}_{TC}^2$	0,17 (0,10;0,31)	0,16 (0,10;0,31)	0,17 (0,12;0,26)	0,18 (0,12;0,32)	0,23 (0,15;0,40)	0,19 (0,13;0,29)	0,00	0,03 (0,01;0,10)	0,02 (0,01;0,06)
$\hat{\sigma}_{TC \times E}^2$	0,33 (0,25;0,45)	0,31 (0,23;0,43)	-	0,25 (0,19;0,37)	0,34 (0,25;0,48)	-	0,18 (0,13;0,26)	0,09 (0,06;0,15)	-
$\hat{\sigma}_{TC \times E / S}^2$	-	-	0,32 (0,26;0,40)	-	-	0,29 (0,24;0,38)	-	-	0,14 (0,11;0,18)
$\hat{\sigma}_{A_{TC}}^2$	0,66 (0,41;1,24)	0,66 (0,41;1,24)	0,67 (0,47;1,05)	0,73 (0,47;1,27)	0,91 (0,58;1,60)	0,75 (0,52;1,16)	0,00	0,10 (0,05;0,38)	0,08 (0,04;0,23)
$\hat{\sigma}_{A_{TC} \times E}^2$	1,32 (1,01;1,80)	1,24 (0,93;1,74)	-	1,01 (0,74;1,46)	1,35 (0,99;1,93)	-	0,71 (0,52;1,04)	0,38 (0,25;0,62)	-
$\hat{\sigma}_{A_{TC} \times E / S}^2$	-	-	1,28 (1,05;1,60)	-	-	1,18 (0,94;1,51)	-	-	0,55 (0,42;0,73)
$\hat{\sigma}_Z^2$	0,16 (0,10;0,30)	0,11 (0,06;0,33)	0,13 (0,09;0,22)	0,10 (0,05;0,26)	0,16 (0,09;0,39)	0,12 (0,07;0,21)	0,00	0,00	0,02 (0,01;0,11)
$\hat{\sigma}_{Z \times S}^2$	-	-	0,00	-	-	0,00	-	-	0,00
$\hat{h}_{\overline{X}_{TC}}^2$	0,54 (0,35;0,66)	0,53 (0,34;0,66)	0,70 (0,59;0,77)	0,59 (0,42;0,70)	0,58 (0,41;0,69)	0,72 (0,61;0,79)	0,00	0,30 (0,02;0,48)	0,34 (0,10;0,51)

- Variância não obtida pela análise de variância conjunta em questão.
Intervalos de confiança a 0,95 de probabilidade.

Para o TC₁, as magnitudes das estimativas dos coeficientes de herdabilidade em nível de médias dos testecrosses ($\hat{h}_{\bar{X}_{TC}}^2$) foram estatisticamente superiores no grupo SE em relação ao grupo CE para o caráter PG (0,71 *vs* 0,57, respectivamente) e caracteres de estatura das plantas, sendo as magnitudes das $\hat{h}_{\bar{X}_{TC}}^2$ 19,72% e aproximadamente 30,00% menores no grupo CE para PG e caracteres de estatura das plantas, respectivamente. Para os demais caracteres não houve diferenças significativas entre as magnitudes das $\hat{h}_{\bar{X}_{TC}}^2$ nos grupos SE e CE. Em geral, no grupo SE, as magnitudes das $\hat{h}_{\bar{X}_{TC}}^2$ foram altas para os caracteres PG, AP e AE ($\hat{h}_{\bar{X}_{TC}}^2 \geq 0,70$), moderadas para PROL, PRE, FM e FF ($0,40 \leq \hat{h}_{\bar{X}_{TC}}^2 < 0,70$) e baixa para o caráter IF ($\hat{h}_{\bar{X}_{TC}}^2 < 0,40$), variando de 0,31 para IF a 0,80 para AP. Enquanto, no grupo CE, as magnitudes das $\hat{h}_{\bar{X}_{TC}}^2$ foram moderadas para todos os caracteres, exceto para o caráter IF em que a magnitude da $\hat{h}_{\bar{X}_{TC}}^2$ foi baixa e não diferiu de zero. Os valores das $\hat{h}_{\bar{X}_{TC}}^2$ variaram de 0,26 para IF a 0,59 para FM. Em ambos os grupos de ambientes as estimativas das $\hat{h}_{\bar{X}_{TC}}^2$ foram nulas para o caráter ACQ (Tabelas 11 a 13).

As magnitudes das $\hat{h}_{\bar{X}_{TC}}^2$ para o TC₂, não diferiram entre os grupos SE e CE para o caráter PG (0,47 *vs* 0,35, respectivamente), apesar da redução de 25,53% na magnitude da $\hat{h}_{\bar{X}_{TC}}^2$ no grupo CE em relação ao grupo SE. Para os demais caracteres, apenas AP e AE apresentaram magnitudes das $\hat{h}_{\bar{X}_{TC}}^2$ estatisticamente diferentes entre os grupos de ambientes, com magnitudes inferiores no grupo CE e reduções de aproximadamente 30,00% das magnitudes em relação ao grupo SE. Ressalte-se que para o caráter IF, a estimativa da $\hat{h}_{\bar{X}_{TC}}^2$ foi nula no grupo SE e diferiu de zero no grupo CE. Em geral, as magnitudes das $\hat{h}_{\bar{X}_{TC}}^2$ foram altas para os caracteres AP e AE e moderadas para os demais caracteres no grupo SE, variando de 0,46 para PROL a 0,75 para AE. Enquanto que, no grupo CE, as magnitudes das $\hat{h}_{\bar{X}_{TC}}^2$ foram baixas para os caracteres PG, PROL e IF e moderadas para os demais caracteres, variando de 0,30 para IF a 0,58 para PRE e FF. Assim como para o TC₁, as estimativas das $\hat{h}_{\bar{X}_{TC}}^2$ foram nulas para o caráter ACQ do TC₂, em ambos os grupos de ambientes. Em geral, para ambos os testadores, as magnitudes das $\hat{h}_{\bar{X}_{TC}}^2$ foram maiores considerando os grupos SE e CE conjuntamente, como já era esperado devido ao maior número de ambientes (Tabelas 11 a 16).

As magnitudes das $\hat{h}_{\bar{X}_{TC}}^2$ diferiram entre os testadores apenas para o caráter PG, nos grupos SE e CE e também considerando os dois grupos conjuntamente, sendo as magnitudes das $\hat{h}_{\bar{X}_{TC}}^2$ superiores para o TC₁. Este resultado ocorreu em função da maior variância genética de testecrosses oriundos do testador L-02-03D para PG, o qual está relacionado à origem das linhagens genitoras e testadores. Além disso, para o caráter IF, a estimativa da $\hat{h}_{\bar{X}_{TC}}^2$ diferiu de zero para TC₁ e foi nula para TC₂ no grupo SE (Tabelas 11 a 16).

As reduções ocorridas nas magnitudes das $\hat{h}_{\bar{X}_{TC}}^2$ para PG no grupo CE em relação ao SE, são decorrentes do efeito do estresse hídrico sobre as magnitudes das variâncias genéticas de testecrosses ($\hat{\sigma}_{TC}^2$) em

relação a esse efeito sobre as magnitudes das variâncias fenotípicas com base em médias de testecrosses ($\hat{\sigma}_{F_{TC}}^2$). No grupo CE, enquanto as magnitudes das $\hat{\sigma}_{F_{TC}}^2$ para PG reduziram em 51,00% e 21,71% para o TC₁ e TC₂, respectivamente, as reduções em relação ao grupo SE das magnitudes das $\hat{\sigma}_{TC}^2$ foram de 60,83% e 42,06% para o TC₁ e TC₂, respectivamente (Tabelas 11 e 14). Portanto, apesar das mudanças nas magnitudes das $\hat{\sigma}_{TC}^2$ e $\hat{\sigma}_{F_{TC}}^2$ terem a mesma direção (ambas reduziram), o efeito do estresse hídrico foi maior sobre as magnitudes das $\hat{\sigma}_{TC}^2$, reduzindo as magnitudes das $\hat{h}_{X_{TC}}^2$ para PG. Segundo Bolaños and Edmeades (1996), o coeficiente de herdabilidade para produção de grãos geralmente é menor em condições de estresse hídrico, pois a variância genética reduz mais rapidamente do que a variância ambiental com o aumento do déficit hídrico. Edmeades (2013) relatou que na presença de estresse ambiental, geralmente ocorre um aumento na variabilidade ambiental entre plantas e entre parcelas e o coeficiente de herdabilidade para o caráter produção de grãos declina. Neste sentido, nota-se que o coeficiente de variação experimental (CV) foi 43,91% e 33,81% superior no grupo CE em relação ao grupo SE para PG do TC₁ e TC₂, respectivamente (Tabelas 5 e 8). Ziyomo and Bernardo (2013) relataram magnitudes dos coeficientes de herdabilidade em nível de médias de testecrosses para PG estatisticamente superiores em ambientes sem estresse hídrico em relação aos ambientes com estresse hídrico. Beyene et al. (2016) também verificaram coeficientes de herdabilidade para PG de testecrosses com maiores magnitudes em ambientes sem estresse hídrico em relação a ambientes com estresse hídrico para dez populações de milho.

De modo geral, os caracteres de estatura das plantas apresentaram alterações dos coeficientes de herdabilidade similares às observadas para o caráter PG. No entanto, os caracteres do florescimento foram pouco afetados pelo estresse hídrico. Bolaños and Edmeades (1996) reportaram que caracteres secundários que apresentam aumento da magnitude da variância genética sobre estresse hídrico ou mesmo uma redução inferior em relação a variância genética do caráter produção de grãos, podem aumentar a eficiência de seleção para essas condições ambientais, porém, esses caracteres devem apresentar coeficientes de herdabilidade relativamente altos e serem correlacionados com o caráter PG. Assim, embora as magnitudes das $\hat{\sigma}_{TC}^2$ dos caracteres do florescimento e também do caráter PROL tenham sido menos afetadas pelo estresse hídrico, as magnitudes das $\hat{h}_{X_{TC}}^2$ foram similares ou inferiores às obtidas para o caráter principal, PG (Tabelas 11 a 16) e, portanto, a seleção direta sobre o caráter PG deve resultar em maiores respostas à seleção.

De modo geral, considerando ambos os testadores e o número de ambientes utilizados nas análises de variâncias conjuntas, os valores obtidos para as estimativas das $\hat{h}_{X_{TC}}^2$ estão próximos dos reportados na literatura para todos os caracteres, apesar dos caracteres do florescimento terem apresentado valores relativamente inferiores aos demais (Wolf et al. 2000; Silva et al. 2004; Andrade and Miranda Filho 2008; Hallauer et al. 2010; Ziyomo and Bernardo 2013).

4.4. Detecção de epistasia nas análises de variâncias

Neste estudo, foi considerada a detecção de epistasia pela fonte de variação epistasia total devido ao seu maior poder estatístico, uma vez que essa fonte possui 100 graus de liberdade, enquanto a fonte de variação TC x C₂

possui 99 e o contraste $C_2 = G_{RC1} + G_{RC2} - 2G_{RC3}$ apenas um grau de liberdade. Além disso, a detecção de epistasia pelo contraste C_2 , o qual testa o efeito epistático médio, é dificultada pela característica bidirecional dos efeitos epistáticos, os quais podem ser positivos e negativos, tendendo o efeito médio a ser nulo ou tão pequeno que não possa ser detectado.

Nas análises de variâncias individuais não foi detectada a presença de epistasia para o caráter PG em nenhum ambiente para ambos os testadores. Para os demais caracteres, de modo geral, a detecção de epistasia ocorreu em poucos ambientes para ambos os testadores (ANEXOS G a O).

Nas análises de variâncias conjuntas para o grupo SE foi detectada a presença de epistasia para todos os caracteres, exceto ACQ e IF do TC₁ e TC₂. A interação epistasia x ambiente não foi significativa para nenhum caráter do TC₁ e TC₂ (Tabelas 5 a 7).

Para o TC₁, nas análises de variâncias conjuntas para o grupo CE, foi detectada a presença de epistasia para PG, PROL e caracteres de estatura das plantas, não sendo detectada para ACQ e caracteres do florescimento. Para o TC₂, a epistasia foi significativa apenas para os caracteres PG, PROL, AP, FM e FF. Assim como no grupo SE, a interação epistasia x ambiente não foi significativa para nenhum caráter do TC₁ e TC₂ (Tabelas 8 a 10).

Nas análises de variâncias conjuntas entre os grupos, detectou-se epistasia para todos os caracteres do TC₁ e TC₂, exceto para ACQ e IF do TC₁. A interação epistasia x grupos de ambientes foi significativa ($p \leq 0,01$ ou $p \leq 0,05$) apenas para os caracteres PG e PROL do TC₁ e AP e AE do TC₂, enquanto a interação epistasia x ambientes dentro de grupos não foi significativa para nenhum caráter do TC₁ e TC₂ (Tabelas 2 a 4).

Esses resultados indicam que a epistasia está presente na população para todos os caracteres, porém as linhagens testadoras, a presença ou ausência de estresse hídrico e o agrupamento dos ambientes nas diferentes análises de variâncias conjuntas afetaram sua detecção para os diversos caracteres. Por exemplo, para o caráter PG foi detectada a presença de epistasia no grupo de ambientes sem estresse hídrico, com estresse hídrico e na análise de variância conjunta entre os grupos, entretanto a epistasia não foi significativa em nenhum dos ambientes nas análises de variâncias individuais. Já a presença ou ausência do estresse hídrico alterou a detecção de epistasia para os caracteres FM e FF do TC₁ e para os caracteres AE e PRE do TC₂. Ressalte-se que nas análises de variâncias conjuntas entre os grupos, a detecção de epistasia é maior e mais precisa, pois, com base nas esperanças matemáticas dos quadrados médios, o componente de variância epistática de testecrosses (σ_Z^2) está multiplicado pelo número de repetições (K), ambientes dentro de grupos (M) e de grupos (N) e, portanto, o numerador do teste F é maior em relação ao denominador quando comparado com as análises de variâncias conjuntas para cada grupo e individuais, em que o componente de σ_Z^2 está multiplicado por KM e por K , respectivamente. Além disso, o número de graus de liberdade da fonte de variação do denominador do teste F é maior nas análises de variâncias conjuntas entre os grupos (ANEXOS A e B).

Dentre as variações ou modificações do delineamento TTC, diversos autores têm reportado a presença de epistasia para produção de grãos e caracteres agronômicos em milho. Eta-Ndu and Openshaw (1999), utilizando o TTC com testadores, detectaram a presença de epistasia aditiva x aditiva ($a \times a$) em nível de testecrosses para produção de grãos em duas populações com dois testadores. A detecção de epistasia em nível de testecrosses é importante pela utilização direta desses nos programas de melhoramento, no entanto são poucos os relatos da detecção de epistasia em testecrosses. Silva (2011), utilizando também o TTC com testadores, detectou epistasia para PG, PROL, ACQ e caracteres de estatura das plantas e do florescimento. Bauman (1959), analisando médias de testecrosses obtidos do cruzamento de linhagens genitoras e de seus híbridos simples com testadores e, também

Gorsline (1961), em uma extensão do método de Bauman (1961) incluindo o cruzamento de híbridos duplos com testadores, reportaram a presença de epistasia para PG e caracteres agrônômicos em milho.

Utilizando o delineamento TTC com dados de desempenho *per se* das progênes de retrocruzamento, Wolf and Hallauer (1997) relataram a presença de epistasia aditiva x dominante (a x d) e/ou dominante x dominante (d x d) para PG em nível populacional. Sofi et al. (2006) verificaram, também em nível populacional, a presença de epistasia a x a, a x d e/ou d x d para PG utilizando apenas um ambiente de avaliação. A epistasia do tipo a x a, a x d e/ou d x d também tem sido relatada em nível populacional para os caracteres de estatura das plantas e caracteres do florescimento (Wolf and Hallauer 1997; Díaz 2011), porém os autores não detectaram epistasia para o caráter ACQ. Mendoza (2011) relatou a presença de epistasia a x a, a x d e/ou d x d para PROL e diversos componentes da produção utilizando a mesma população deste trabalho (L-08-05F x L-38-05D), mas sem o cruzamento com testadores. Através de análises de médias de gerações, também tem sido relatada a detecção de epistasia para PG, PROL, AP, AE, FM, FF e/ou IF, entre outros caracteres em milho (Velásquez et al. 2008; Hauck et al. 2014).

A detecção de epistasia também tem sido reportada com o auxílio de marcadores moleculares. Blanc et al. (2006) reportaram a presença de epistasia em testecrosses de milho para PG e FM analisando as interações QTL x QTL e/ou QTL x *background* considerando apenas QTL com efeitos significativos através do mapeamento por intervalo composto. Dudley and Johnson (2009) detectaram a presença da epistasia para o caráter produção de grãos em milho analisando interações entre marcadores SNP. Os autores relataram ainda que quase todas as marcas utilizadas estiveram envolvidas em interações epistáticas significativas e que aproximadamente 75,00% dessas interações incluíram ao menos uma marca em que não se detectou significância pela análise de marcas individuais. Neste sentido, alguns trabalhos em camundongos e humanos também têm indicado que a detecção de epistasia é mais frequente envolvendo locos sem efeitos individuais significativos (Lehner 2011; Jiang et al. 2016). Ainda, através de mapeamento associativo tem sido possível detectar interações epistáticas ao longo de todo o genoma e, assim, esses estudos têm revelado que a epistasia não é a exceção, mas a forma mais prevalente na arquitetura genética de caracteres quantitativos (Howard et al. 2014; Mackay 2014).

Wolf and Hallauer (1997) observaram através de análises de variâncias individuais de cinco ambientes utilizando o TTC em milho, que a epistasia parece ser mais importante em ambientes extremos, como ambientes de alta e baixa produtividade. Hauck et al. (2014), utilizando análises de médias de gerações em milho, também fizeram essa associação entre a detecção de epistasia e ambientes extremos. No entanto, neste trabalho os resultados das análises de variância individuais mostram que para o TC₁, dos quatro ambientes em que foi detectada a presença de epistasia para um ou mais caracteres (ambientes 2, 3, 5 e 8), três foram alocados no grupo SE, enquanto para o TC₂ dos cinco ambientes em que se detectou epistasia (ambientes 2, 3, 5, 9 e 10), três foram alocados no grupo SE (ANEXOS G a O). Assim, estes resultados sugerem que a detecção de epistasia não está fortemente relacionada com a presença ou ausência de estresse hídrico nos ambientes, ou seja, com ambientes extremos.

Ressalte-se que, conforme Kearsy and Pooni (1996), apenas uma pequena parte da variância epistática pode ser detectada no delineamento TTC, em que, para dados de progênes *per se*, apenas $(1/36) (\sigma_{AA}^2 + \sigma_{AD}^2 + \sigma_{DD}^2)$ é explorado pela fonte de variação epistasia total e, portanto, quando detectada a presença de epistasia nas análises de variâncias, pode-se inferir que os efeitos epistáticos são de elevada magnitude na população de referência, uma vez que apenas $(1/144)(\alpha\alpha)^2 + (1/288)[(\alpha\delta)^2 + (\delta\alpha)^2] + (1/576)(\delta\delta)^2$ é explorado em relação à proporção presente em uma população F₂, que é de $(1/4)(\alpha\alpha)^2 + (1/8)[(\alpha\delta)^2 + (\delta\alpha)^2] + (1/16)(\delta\delta)^2$, em que, $\alpha\alpha = aa + (q_2 - p_2)ad + (q_1 - p_1)da + (q_1 - p_1)(q_2 - p_2)dd$, $\alpha\delta = ad + (q_1 - p_1)dd$, $\delta\alpha = da + (q_2 - p_2)dd$ e $\delta\delta = dd$, sendo p_1 e q_1 as frequências alélicas de um loco A, para os alelos A e a, e p_2 e q_2 as frequências alélicas de um loco B, para os alelos B e b,

respectivamente (Wang and Zeng 2009). Extrapolando para dados de testecrosses, infere-se que a epistasia a x a somente é detectada quando apresenta elevada magnitude para os caracteres.

É importante destacar também que, na presença de epistasia, o componente de variância genética de testecrosses (σ_{TC}^2) contém $(1/4) \sigma_{A_{TC}}^2 + (1/16) \sigma_{AA_{TC}}^2$, desconsiderando interações inter-alélicas de ordens superiores (Bernardo 2010). Portanto, as estimativas das variâncias aditivas de testecrosses ($\hat{\sigma}_{A_{TC}}^2$) estão superestimadas por conter, além da $\sigma_{A_{TC}}^2$ *per se*, 1/4 da $\sigma_{AA_{TC}}^2$ para os caracteres em que a presença de epistasia foi detectada.

Além disso, a detecção de epistasia mostra que o modelo aditivo e dominante não é suficiente para interpretar a variância aditiva de testecrosses, $\sigma_{A_{TC}}^2 = 2p_1q_1[a + (s_1 - r_1)d]^2$ (Bernardo 2010), devendo, portanto, a epistasia ser considerada no modelo, $\sigma_{A_{TC}}^2 = 2p_1q_1[a + (s_1 - r_1)d + (p_2r_2 - q_2s_2)aa + (p_2s_2 + q_2r_2)ad + (s_1 - r_1)(p_2r_2 - q_2s_2)da + (s_1 - r_1)(p_2s_2 + q_2r_2)dd]^2$, conforme dedução apresentada no ANEXO Y, sendo r_1 e s_1 as frequências alélicas de um loco A, para os alelos A e a, e r_2 e s_2 as frequências alélicas de um loco B, para os alelos B e b, respectivamente, no testador. Neste trabalho, devido aos testadores serem endogâmicos, a frequência alélica é um ou zero para r_1 e s_1 e para r_2 e s_2 . Portanto, no modelo aditivo e dominante, $\sigma_{A_{TC}}^2 = (1/2)(a \pm d)^2$, e no modelo aditivo, dominante e epistático, $\sigma_{A_{TC}}^2 = (1/2)[a \pm d \pm (1/2)aa + (1/2)ad \pm (1/2)da \pm (1/2)dd]^2$, sendo referente à uma população não endogâmica (plantas F₂) cruzada com uma linhagem testadora e assumindo ausência de desequilíbrio de ligação.

Segundo Rawlings and Thompson (1962), na ausência de dominância a variância genética de testecrosses é independente da frequência alélica do testador, desconsiderando no modelo a presença de epistasia. Os autores também reportaram que, na presença de dominância, a frequência alélica $r = 0$ resulta em maior variância de testecrosses, suportando a hipótese apresentada por Hull (1945), de que um testador com maior frequência de alelos recessivos resulta em testecrosses com maior variância. No entanto, a decomposição da variância aditiva de testecrosses apresentada neste trabalho mostra que mesmo na ausência de dominância, a variância genética de testecrosses é dependente das frequências alélicas do testador na presença de epistasia a x a. Além disso, a variância genética de testecrosses depende também da frequência alélica do loco epistático do testador, sendo que a variância aditiva de testecrosses para um dado loco A que interage com um loco B, na presença de todos os tipos de epistasia, será maior quando $r_1 = 0$ e $r_2 = 1$ e não quando $r_1 = r_2 = 0$ como indicado no trabalho de Rawlings and Thompson (1962) (ANEXO Y).

Os resultados obtidos para as interações epistasia x ambientes ou ambientes dentro de grupos e epistasia x grupos de ambientes indicam que os efeitos epistáticos foram consistentes entre os ambientes de cada grupo para todos os caracteres e testadores, porém os efeitos epistáticos não foram consistentes entre os grupos de ambientes sem e com estresse hídrico para PG e PROL do TC₁ e AP e AE do TC₂. Ressalte-se que para esses caracteres foi detectada interação dos efeitos epistáticos x grupos de ambientes, no entanto não foi detectada interação testecrosses x grupos de ambientes, exceto para o caráter AE do TC₂ (Tabelas 2 a 4).

Díaz (2011) e Mendoza (2011), com dados de progênies *per se*, e Silva (2011), com testecrosses, não detectaram interação epistasia x ambiente para produção de grãos, utilizando a mesma população deste trabalho (L-08-05F x L-38-05D). Dentre os diversos caracteres avaliados nesta população por esses autores, apenas os caracteres FM, IF e número de fileiras de grãos da espiga apresentaram interação epistasia x ambiente significativa. Também Eta-Ndu and Openshaw (1999), com dados de testecrosses, não detectaram interação epistasia x ambiente para o

caráter PG. Eberhart and Hallauer (1967) não detectaram interação epistática a x a x ambientes para o caráter PG em diferentes grupos de híbridos. Já Wolf and Hallauer (1997) reportaram a presença de interação epistática a x a x ambientes para PG, PROL e acamamento de plantas (AC), enquanto a interação epistática a x d x ambientes e/ou d x d x ambientes foi detectada para os caracteres AP, AE e FM. Moreno-Gonzalez and Dudley (1981) detectaram interação epistática a x a x ambientes para AP e AE, porém não foi detectada para PG, enquanto as interações epistáticas a x d x ambientes e d x d x ambientes foram significativas para PG, AP e AE. Gorsline (1961) também reportou a presença de interação epistasia x ambiente para PG, AP e outros caracteres agronômicos. Darrah and Hallauer (1972) detectaram interação epistasia x ambiente para AP, AE e FF em diferentes populações, no entanto, a frequência de interações dos efeitos epistáticos x ambientes significativas foi menor que a de interações dos efeitos aditivos e de dominância x ambientes.

4.5. Desequilíbrio de ligação

A interação testecrosses x C_1 (G_{RC1} vs G_{RC2}), quando significativa, indica a presença de desequilíbrio de ligação (D_{jk}), pois, na modificação do delineamento TTC por Eta-Ndu and Openshaw (1999), a variância de dominância (σ_D^2) não está contida na variância entre testecrosses ($\sigma_D^2 = 0$). Enquanto que, no TTC original, a fonte de variação da interação progênies x C_1 é utilizada para estimar a variância de dominância, cuja magnitude pode estar altamente inflacionada na presença de desequilíbrio de ligação, ou seja, $\hat{\sigma}_{P \times C_1}^2 = \hat{\sigma}_D^2 + D_{jk}$ (Comstock and Robinson 1952; Kearsey and Jinks 1968).

Para o TC_1 foi detectada a presença de desequilíbrio de ligação para todos os caracteres, exceto para o caráter ACQ nas análises de variâncias conjuntas para os grupos SE e CE e para o caráter IF nas análises de variâncias conjuntas para o grupo SE. Já para o TC_2 , não se detectou a presença de desequilíbrio de ligação apenas para os caracteres IF e ACQ, considerando todas as análises de variâncias conjuntas (Tabelas 2 a 10).

O desequilíbrio de ligação na população já era esperado, pois esta foi obtida do cruzamento entre linhagens endogâmicas e não foi submetida a gerações de intercruzamentos para reduzir esse desequilíbrio (Comstock and Robinson 1952). Eta-Ndu and Openshaw (1999) relataram que a presença de desequilíbrio de ligação, assim como de epistasia, pode afetar as estimativas da variância aditiva de testecrosses. Neste sentido, Melchinger (1987) apresentou o impacto da epistasia aditiva x aditiva e do desequilíbrio de ligação na variância genética de testecrosses. No entanto, Comstock and Robinson (1952) relataram que o desequilíbrio de ligação pode não ser importante para o componente de variância aditiva, pois as covariâncias das fases de ligação em repulsão e associação tendem a se anular, ao contrário do que ocorre para o componente de variância de dominância em que, independente da fase de ligação, na presença de desequilíbrio esse componente estará superestimado.

4.6. Efeitos epistáticos em testecrosses de plantas F_2

No grupo SE foram detectados efeitos epistáticos significativos ($p \leq 0,01$ ou $p \leq 0,05$) para o caráter PG em onze testecrosses para o TC_1 e em oito testecrosses para o TC_2 . No entanto, enquanto o TC_1 apresentou 81,82% dos testecrosses com efeitos epistáticos significativos negativos, variando de -2,50 t ha⁻¹ a 3,13 t ha⁻¹, o TC_2 apresentou 87,50% dos testecrosses com efeitos significativos positivos, variando de -1,78 t ha⁻¹ a 3,11 t ha⁻¹. As

magnitudes dos efeitos epistáticos em relação às médias de produtividade dos testecrosses reforçam que a epistasia está envolvida na determinação da produção de grãos em milho (Bauman 1959). Para ambos os testadores, no grupo SE foram detectados um total de 19 testecrosses referentes às plantas F_2 com efeitos epistáticos significativos para PG. De modo geral, para os demais caracteres o número de testecrosses com efeitos epistáticos significativos para o TC_1 variou de quatro a dez para os caracteres AP e PROL, respectivamente, enquanto para o TC_2 variou de oito a quatorze para os caracteres FF e AE, respectivamente, desconsiderando os caracteres ACQ e IF do TC_1 e TC_2 , em que não foi detectada a presença de epistasia. Ao contrário do ocorrido para o caráter PG, a proporção entre efeitos epistáticos significativos positivos e negativos foi similar entre TC_1 e TC_2 para os demais caracteres, exceto para os caracteres AE e PRE (Tabelas 17 e 18).

No grupo CE, nove testecrosses apresentaram efeitos epistáticos significativos para PG para o TC_1 e seis para o TC_2 . Houve predomínio dos efeitos epistáticos significativos negativos (88,89%) para o TC_1 , variando de $-2,01 \text{ t ha}^{-1}$ a $1,83 \text{ t ha}^{-1}$, enquanto 50,00% dos efeitos epistáticos significativos foram positivos para o TC_2 , variando de $-1,73 \text{ t ha}^{-1}$ a $2,36 \text{ t ha}^{-1}$. Apenas um testecross apresentou efeitos epistáticos significativos para ambos os testadores, portanto, no total foram identificados 14 testecrosses com efeitos epistáticos significativos no grupo CE, considerando a soma do TC_1 e TC_2 . Para os demais caracteres, o número de testecrosses com efeitos epistáticos significativos para o TC_1 variou de cinco a oito para AE e AP, respectivamente, e para o TC_2 variou de cinco a onze para AP e FF, respectivamente, desconsiderando o caráter ACQ e caracteres do florescimento do TC_1 e os caracteres ACQ, AE, PRE e IF do TC_2 , em que não foi detectada a presença de epistasia. Todos os caracteres apresentaram efeitos epistáticos bidirecionais (positivos e negativos), exceto o caráter PROL do TC_2 , em que os efeitos epistáticos significativos foram unidirecionais (positivos) (Tabelas 17 e 18).

Para o caráter PG foi identificado maior número de testecrosses com efeitos epistáticos significativos para o TC_1 em relação ao TC_2 e para o grupo SE em relação ao grupo CE. Além disso, a amplitude de variação da magnitude dos efeitos epistáticos significativos para PG foi maior no grupo SE, quando comparada ao grupo CE, devido principalmente à maior magnitude dos efeitos epistáticos positivos. Em geral, foi identificado maior número de testecrosses com efeitos epistáticos significativos no grupo SE para a maioria dos caracteres, indicando que o estresse hídrico reduziu a detecção de epistasia em testecrosses. Considerando ambos os testadores e grupos de ambientes, 30 testecrosses referentes às plantas F_2 apresentaram efeitos epistáticos significativos para o caráter PG, 26 para PROL, 47 para os caracteres de estatura das plantas e 38 para os caracteres do florescimento (Tabelas 17 e 18).

Utilizando o TTC com dois testadores, Eta-Ndu and Openshaw (1999) detectaram efeitos epistáticos significativos para produção de grãos em 17 (32,69%) e 18 (34,62%) dos 52 testecrosses referentes às plantas F_2 para duas populações, respectivamente, resultados percentuais próximos ao observado neste trabalho (30,00%). Os autores também relataram efeitos bidirecionais e com diferentes proporções de efeitos positivos e negativos entre os testadores e entre as populações. De modo geral, considerando ambos os testadores e populações, os efeitos epistáticos variaram de $-2,40 \text{ t ha}^{-1}$ a $2,96 \text{ t ha}^{-1}$.

Wolf and Hallauer (1997), utilizando o TTC original, com dados de desempenho *per se* das progênes de retrocruzamento, sem a inclusão de testadores, detectaram efeitos epistáticos para produção de grãos em 13 das 100 plantas F_2 amostradas. Díaz (2011), utilizando também o TTC original, para a mesma população deste trabalho, L-08-05F x L-38-05D, detectaram efeitos epistáticos significativos em 25 das 100 plantas F_2 amostradas para o caráter PG e caracteres de estatura das plantas e 40 plantas F_2 para os caracteres do florescimento, sendo os efeitos também bidirecionais.

Tabela 17. Efeitos epistáticos significativos em testecrosses de plantas F₂ para o caráter produção de grãos e caracteres agrônômicos para o grupo de ambientes sem estresse hídrico (SE) e com estresse hídrico (CE), referentes aos testecrosses provenientes do testador L-02-03D (TC₁)

SE																	
Planta	PG	Planta	ACQ	Planta	PROL	Planta	AP	Planta	AE	Planta	PRE	Planta	FM	Planta	FF	Planta	IF
F ₂	(t ha ⁻¹)	F ₂	(%)	F ₂	(esp pl ⁻¹)	F ₂	(cm pl ⁻¹)	F ₂	(cm pl ⁻¹)	F ₂		F ₂	(dias)	F ₂	(dias)	F ₂	(dias)
4	-2,01*	-		13	0,32**	1	18,40**	1	11,60*	21	0,04*	48	-3,25**	15	-2,87**	-	
13	3,13**			16	0,16*	21	-16,00*	16	13,30*	26	-0,04*	59	-2,50*	17	2,13*		
49	1,96*			24	-0,18**	69	-14,10*	17	12,30*	57	-0,04**	60	-2,50*	23	2,50*		
55	-2,28*			44	0,15*	110	13,80*	64	-12,20*	69	-0,03*	66	2,25*	48	-2,63*		
64	-2,50**			48	0,14*			69	-15,60**	87	-0,05**	106	-2,25*	58	3,13**		
78	-2,28*			49	0,17*			77	-11,50*	94	0,04*	110	-2,25*	60	-2,13*		
79	-2,07*			62	-0,15*					97	-0,04*			79	-2,88**		
97	-2,33*			73	0,15*									80	-2,13*		
103	-2,04*			92	0,15*									110	-2,25*		
107	-1,89*			97	-0,19**												
108	-2,49**																
Total+	2		0		7		2		3		2		1		3		0
Total –	9		0		3		2		3		5		5		6		0

CE																	
Planta	PG	Planta	ACQ	Planta	PROL	Planta	AP	Planta	AE	Planta	PRE	Planta	FM	Planta	FF	Planta	IF
F ₂	(t ha ⁻¹)	F ₂	(%)	F ₂	(esp pl ⁻¹)	F ₂	(cm pl ⁻¹)	F ₂	(cm pl ⁻¹)	F ₂		F ₂	(dias)	F ₂	(dias)	F ₂	(dias)
7	-1,60*	-		38	-0,16*	29	19,90*	5	-13,80*	5	-0,05*	-		-		-	
14	-2,01**			44	0,19*	59	-17,60*	29	14,40*	46	-0,05*						
25	-1,57*			45	0,17*	70	-18,20*	35	12,00*	62	-0,06**						
44	1,83*			48	0,17*	72	-23,90**	59	-12,00*	66	0,04*						
59	-1,80*			49	0,19*	76	16,30*	93	15,10*	87	-0,04*						
74	-1,85*			78	-0,23**	87	20,00*			93	0,04*						
77	-1,79*			84	-0,17*	92	19,00*										
78	-1,92*					93	15,90*										
79	-1,73*																
Total+	1		0		4		5		3		2		0		0		0
Total –	8		0		3		3		2		4		0		0		0

* e ** significativo a 0,05 e 0,01 de probabilidade pelo teste *t*, respectivamente.

- Epistasia não detectada na análise de variância.

PG, ACQ, PROL, AP, AE, PRE, FM, FF e IF referem-se aos caracteres produção de grãos, acamamento e quebramento de plantas, prolificidade, altura da planta, altura da espiga, posição relativa da espiga, florescimento masculino, florescimento feminino e intervalo entre florescimentos, respectivamente.

Total + e –, referem-se ao número de testecrosses de plantas F₂ com efeitos epistáticos positivos e negativos, respectivamente.

Tabela 18. Efeitos epistáticos significativos em testecrosses de plantas F₂ para o caráter produção de grãos e caracteres agrônômicos para o grupo de ambientes sem estresse hídrico (SE) e com estresse hídrico (CE), referentes aos testecrosses provenientes do testador L-04-05F (TC₂)

SE																	
Planta F ₂	PG (t ha ⁻¹)	Planta F ₂	ACQ (%)	Planta F ₂	PROL (esp pl ⁻¹)	Planta F ₂	AP (cm pl ⁻¹)	Planta F ₂	AE (cm pl ⁻¹)	Planta F ₂	PRE	Planta F ₂	FM (dias)	Planta F ₂	FF (dias)	Planta F ₂	IF (dias)
29	1,62*	-		6	0,22**	4	15,70*	11	-14,00*	21	-0,03*	19	3,38**	19	2,25*	-	
37	-1,78*			45	0,41**	11	-15,10*	34	-16,80**	24	-0,04*	25	-2,25*	28	-2,25*		
45	3,11**			48	0,16*	34	-16,60*	37	-15,50**	40	0,06**	27	-2,25*	48	-3,50**		
70	1,95*			57	-0,17*	37	-17,30*	40	19,90**	49	-0,05**	37	-2,75**	68	-2,50*		
76	1,73*			82	0,18*	39	-18,00**	49	-14,80*	60	0,05**	40	-2,88**	70	-3,63**		
82	2,25**			88	-0,16*	48	14,80*	58	12,60*	76	0,06**	70	-2,38*	78	2,88**		
100	1,97*			99	0,16*	69	-13,90*	60	14,50*	84	0,03*	88	2,25*	87	2,12*		
101	2,55**			100	0,22**	76	18,70**	69	-14,80*	90	0,04*	90	2,38*	100	-2,63*		
				104	0,18*	77	-16,50*	76	25,40**	91	0,07**	100	-2,13*				
						79	-14,60*	81	13,40*	92	0,04*	107	-3,38**				
						93	16,30*	93	15,00*	98	0,04*						
						98	18,00**	98	19,10**	103	0,04*						
						104	15,30*	103	12,60*								
								105	13,90*								
Total +	7		0		7		6		9		9		3		3		0
Total -	1		0		2		7		5		3		7		5		0
CE																	
Planta F ₂	PG (t ha ⁻¹)	Planta F ₂	ACQ (%)	Planta F ₂	PROL (esp pl ⁻¹)	Planta F ₂	AP (cm pl ⁻¹)	Planta F ₂	AE (cm pl ⁻¹)	Planta F ₂	PRE	Planta F ₂	FM (dias)	Planta F ₂	FF (dias)	Planta F ₂	IF (dias)
10	-1,58*	-		8	0,18*	52	17,40*	-		-		6	2,25*	1	-3,63**	-	
45	1,50*			45	0,38**	60	-21,10*					19	3,00**	6	3,13*		
75	-1,43*			49	0,19*	63	-18,00*					23	-3,50**	8	-2,50*		
78	2,36**			69	0,19*	93	16,80*					37	-3,50**	10	2,88*		
91	-1,73*			78	0,22**	103	22,90**					45	-2,38*	23	-4,38**		
104	1,79**			94	0,19*							74	-3,25*	49	-3,13*		
				95	0,22**							88	3,38**	56	-3,13*		
				97	0,27**							97	-2,87**	69	-3,00*		
				98	0,16*							100	-2,50*	74	-4,38**		
														91	2,75*		
														104	-2,50*		
Total +	3		0		9		3		0		0		3		3		0
Total -	3		0		0		2		0		0		6		8		0

* e ** significativo a 0,05 e 0,01 de probabilidade pelo teste t, respectivamente.

- Epistasia não detectada na análise de variância.

PG, ACQ, PROL, AP, AE, PRE, FM, FF e IF referem-se aos caracteres produção de grãos, acamamento e quebramento de plantas, prolificidade, altura da planta, altura da espiga, posição relativa da espiga, florescimento masculino, florescimento feminino e intervalo entre florescimentos, respectivamente.

Total + e -, referem-se ao número de testecrosses de plantas F₂ com efeitos epistáticos positivos e negativos, respectivamente.

Neste trabalho, a utilização dos testadores L-02-03D e L-04-05F resultou na detecção de maior número de testecrosses com epistasia para os diversos caracteres, pois, de modo geral, cada testador revelou epistasia para diferentes testecrosses, mostrando que o genótipo do testador influencia na detecção de epistasia (Bauman 1959). Considerando todos os caracteres e grupos de ambientes conjuntamente, o testador L-02-03D (T_1) permitiu detectar a presença de epistasia para um ou mais caracteres em 51 dos 100 testecrosses, enquanto que, utilizando o testador L-04-05F (T_2), detectou-se epistasia em 56 testecrosses, sendo que desses, 28 foram coincidentes (independente do caráter) (Tabelas 17 e 18). Eta-Ndu and Openshaw (1999) também verificaram que cada testador permitiu detectar epistasia para um grupo único de testecrosses, sugerindo que o aumento no número de testadores para avaliar progênies oriundas do TTC pode aumentar a detecção de epistasia.

A formação de grupos de ambientes sem e com estresse hídrico também permitiu identificar diferentes testecrosses com epistasia em cada grupo. Considerando todos os caracteres e testadores conjuntamente, no grupo SE foram identificados 64 testecrosses com efeitos epistáticos significativos para ao menos um caráter. Já no grupo CE, a epistasia foi detectada em 48 testecrosses, sendo que desses, 33 foram coincidentes entre os grupos de ambientes (independente do caráter). Assim, de modo geral, a ausência do estresse hídrico permitiu a detecção de maior número de testecrosses com efeitos epistáticos significativos. Considerando ambos os grupos de ambientes e testadores, nota-se que dos 100 testecrosses referentes às plantas F_2 , 79 apresentaram epistasia para ao menos um caráter, enquanto em 21 não se detectou epistasia (Tabelas 17 e 18).

Em comparação com Silva (2011), o qual também avaliou a população L-08-05F x L-38-05D em cruzamento com os testadores L-02-03D e L-04-05F, porém sem a distinção dos ambientes para estresse hídrico, houve aumento do número de testecrosses com efeitos epistáticos significativos neste trabalho para os caracteres PG (30,43%), PROL (23,81%) e caracteres de estatura das plantas (17,50%), indicando que a formação de grupos de ambientes foi favorável para a detecção de epistasia nesses caracteres. Ressalte-se que mesmo não se tendo detectado a presença de epistasia no grupo CE para o TC_2 nos caracteres AE e PRE, o número total de testecrosses com efeitos epistáticos significativos foi superior ao encontrado por Silva (2011). No entanto, para os caracteres do florescimento, houve redução do número de testecrosses com efeitos epistáticos significativos de 7,32% em relação ao relatado por Silva (2011), o qual detectou epistasia para o caráter IF. Desconsiderando o caráter IF dos caracteres do florescimento, houve aumento de 11,76% do número de testecrosses com efeitos epistáticos significativos em relação ao reportado por Silva (2011). No entanto, para o caráter ACQ, Silva (2011) detectou epistasia em 15 testecrosses, o que não foi observado neste trabalho nos grupos de ambientes.

4.6.1. Coincidência de testecrosses com efeitos epistáticos

Foram identificados testecrosses com efeitos epistáticos significativos para mais de um caráter simultaneamente. No grupo SE para o TC_1 , três testecrosses apresentaram efeitos epistáticos significativos simultaneamente para os caracteres PG e PROL e para FM e FF, dois testecrosses para os caracteres AP e AE e para AP e PRE e em diversas outras combinações foi observado que um testecross apresentou epistasia simultânea para dois caracteres. Para o TC_2 , ao menos um testecross apresentou epistasia de forma simultânea para todas as combinações de caracteres dois a dois, exceto para os caracteres AE e PROL, AE e FF, PRE e PROL, e PRE e FF. O maior número de testecrosses apresentando efeitos epistáticos significativos simultaneamente ocorreu para os caracteres AP e AE (7) e para AE e PRE (6) (Tabelas 19 e 20).

No grupo CE para o TC₁, dois testecrosses apresentaram epistasia simultaneamente para os caracteres PG e PROL e um para PG e AP e para PG e AE, três testecrosses apresentaram epistasia simultaneamente para AP e AE e dois para AP e PRE e para AE e PRE. Para o TC₂, três testecrosses apresentaram epistasia simultaneamente para os caracteres PG e FF, PROL e FF, e FM e FF, dois para PG e PROL e para PROL e FM e um para PG e FM (Tabelas 19 e 20). Assim, de modo geral, no grupo CE houve menor detecção simultânea de epistasia para caracteres dois a dois e o TC₂ apresentou maior número de testecrosses com efeitos epistáticos simultâneos em relação ao TC₁ (Tabelas 19 e 20). Esses resultados sugerem indícios da ocorrência de epistasia pleiotrópica, em que mais de um caráter é afetado pela mesma interação inter-alélica (Wolf et al. 2005).

Foram observados também, testecrosses com efeitos epistáticos significativos para um mesmo caráter para o TC₁ e TC₂, simultaneamente. No grupo SE, isso ocorreu para o caráter PROL (1), AP (1), AE (1), PRE (1) e FM (1). Já no grupo CE, testecrosses apresentaram efeitos epistáticos significativos simultaneamente para o TC₁ e TC₂ para o caráter PG (1), AP (1) e PROL (3) (Tabela 21). No entanto, os valores dos efeitos epistáticos dos testecrosses coincidentes foram diferentes para o TC₁ e TC₂. Além disso, houve inversão de sinal desses efeitos, sendo observada a inversão para o caráter PRE no grupo SE e para os caracteres PG e PROL no grupo CE. Segundo Pavlicev et al. (2011b), alterações no sentido direcional dos efeitos epistáticos entre diferentes *backgrounds* genéticos não é algo raro em estudos de arquitetura genética. Eta-Ndu and Openshaw (1999) também reportaram diferenças nos valores dos efeitos epistáticos de testecrosses entre os testadores para o caráter PG. Também, Bauman (1959) reportou efeitos epistáticos de testecrosses significativamente diferentes entre testadores para PG e para AE.

Alguns testecrosses apresentaram epistasia para um mesmo caráter nos dois grupos de ambientes simultaneamente. Para o TC₁ foram observados testecrosses com efeitos epistáticos significativos no grupo SE e CE simultaneamente para o caráter PG (2), PROL (3) e PRE (1). Para o TC₂ houve testecrosses com efeitos epistáticos significativos no grupo SE e CE simultaneamente para o caráter PG (1), PROL (1), AP (1) e FM (4) (Tabelas 19 e 20). Para esses testecrosses coincidentes, não ocorreu inversão de sinal dos efeitos epistáticos entre os dois grupos, no entanto houve variação dos valores desses efeitos, indicando que a presença ou ausência de estresse hídrico não afetou o sentido direcional dos efeitos epistáticos para os testecrosses coincidentes, porém alterou a magnitude desses efeitos (Tabela 22). Neste sentido, Azizi et al. (2006), analisando os caracteres PG, AP, AE e FM em milho, reportaram que os efeitos epistáticos interagem de forma mais pronunciada com o ambiente em relação aos efeitos aditivos ou de dominância.

Tabela 19. Número de testecrosses de plantas F₂ com efeitos epistáticos significativos simultaneamente para diferentes caracteres para o grupo de ambientes sem estresse hídrico (abaixo da diagonal), com estresse hídrico (acima da diagonal) e para os mesmos caracteres entre os grupos (em negrito na diagonal), referente aos testecrosses provenientes do testador L-02-03D (TC₁)

Caráter	PG	ACQ	PROL	AP	AE	PRE	FM	FF	IF
PG (t ha ⁻¹)	2	-	2	1	1	0	-	-	-
ACQ (%)	-	-	-	-	-	-	-	-	-
PROL (esp pl ⁻¹)	3	-	3	0	0	0	-	-	-
AP (cm pl ⁻¹)	0	-	0	0	3	2	-	-	-
AE (cm pl ⁻¹)	1	-	1	2	0	2	-	-	-
PRE	1	-	1	2	1	1	-	-	-
FM (dias)	0	-	1	1	0	0	-	-	-
FF (dias)	1	-	1	1	1	0	3	-	-
IF (dias)	-	-	-	-	-	-	-	-	-

- Coincidência não obtida devido a não detecção de epistasia em ao menos um dos caracteres.

PG, ACQ, PROL, AP, AE, PRE, FM, FF e IF referem-se aos caracteres produção de grãos, acamamento e quebramento de plantas, prolificidade, altura da planta, altura da espiga, posição relativa da espiga, florescimento masculino, florescimento feminino e intervalo entre florescimentos, respectivamente.

Tabela 20. Número de testecrosses de plantas F₂ com efeitos epistáticos significativos simultaneamente para diferentes caracteres para o grupo de ambientes sem estresse hídrico (abaixo da diagonal), com estresse hídrico (acima da diagonal) e para os mesmos caracteres entre os grupos (em negrito na diagonal), referente aos testecrosses provenientes do testador L-04-05F (TC₂)

Caráter	PG	ACQ	PROL	AP	AE	PRE	FM	FF	IF
PG (t ha ⁻¹)	1	-	2	0	-	-	1	3	-
ACQ (%)	-	-	-	-	-	-	-	-	-
PROL (esp pl ⁻¹)	3	-	1	0	-	-	2	3	-
AP (cm pl ⁻¹)	2	-	2	1	-	-	0	0	-
AE (cm pl ⁻¹)	2	-	0	7	-	-	-	-	-
PRE	1	-	0	2	6	-	-	-	-
FM (dias)	3	-	2	1	2	2	4	3	-
FF (dias)	2	-	2	1	0	0	3	0	-
IF (dias)	-	-	-	-	-	-	-	-	-

- Coincidência não obtida devido a não detecção de epistasia em ao menos um dos caracteres.

PG, ACQ, PROL, AP, AE, PRE, FM, FF e IF referem-se aos caracteres produção de grãos, acamamento e quebramento de plantas, prolificidade, altura da planta, altura da espiga, posição relativa da espiga, florescimento masculino, florescimento feminino e intervalo entre florescimentos, respectivamente.

Tabela 21. Testecrosses de plantas F₂ com efeitos epistáticos significativos simultaneamente para os testadores L-02-03D (T₁) e L-04-05F (T₂) para os mesmos caracteres no grupo de ambientes sem estresse hídrico (SE) e com estresse hídrico (CE)

SE			
Caráter	Planta F ₂	T ₁	T ₂
PROL (esp pl ⁻¹)	48	0,14*	0,16*
AP (cm pl ⁻¹)	69	-14,10*	-13,90*
AE (cm pl ⁻¹)	69	-15,60**	-14,80*
PRE	21	0,04*	-0,03*
FF (dias)	48	-2,63*	-3,50**
CE			
Caráter	Planta F ₂	T ₁	T ₂
PG (t ha ⁻¹)	78	-1,92*	2,36**
PROL (esp pl ⁻¹)	45	0,17*	0,38**
PROL (esp pl ⁻¹)	49	0,19*	0,19*
PROL (esp pl ⁻¹)	78	-0,23**	0,22**
AP (cm pl ⁻¹)	93	15,90*	16,80*

* e ** significativo a 0,05 e 0,01 de probabilidade pelo teste t, respectivamente.

PG, PROL, AP, AE, PRE e FF referem-se aos caracteres produção de grãos, prolificidade, altura da planta, altura da espiga, posição relativa da espiga e florescimento feminino, respectivamente.

Tabela 22. Testecrosses de plantas F₂ com efeitos epistáticos significativos simultaneamente para os grupos de ambientes sem estresse hídrico (SE) e com estresse hídrico (CE) para os mesmos caracteres em testecrosses provenientes do testador L-02-03D (TC₁) e L-04-05F (TC₂)

TC ₁			
Caráter	Planta F ₂	SE	CE
PG (t ha ⁻¹)	78	-2,28*	-1,92*
PG (t ha ⁻¹)	79	-2,07*	-1,73*
PROL (esp pl ⁻¹)	44	0,15*	0,19*
PROL (esp pl ⁻¹)	48	0,14*	0,17*
PROL (esp pl ⁻¹)	49	0,17*	0,19*
PRE	87	-0,05**	-0,04*
TC ₂			
Caráter	Planta F ₂	SE	CE
PG (t ha ⁻¹)	45	3,11**	1,50*
PROL (esp pl ⁻¹)	45	0,41**	0,38**
AP (cm pl ⁻¹)	93	16,30*	16,80*
FM (dias)	19	3,38**	3,00**
FM (dias)	37	-2,75**	-3,50**
FM (dias)	88	2,25*	3,38**
FM (dias)	100	-2,13*	-2,50*

* e ** significativo a 0,05 e 0,01 de probabilidade pelo teste *t*, respectivamente.

PG, PROL, AP, PRE e FM referem-se aos caracteres produção de grãos, prolificidade, altura da planta, posição relativa da espiga e florescimento masculino, respectivamente.

4.7. Interação efeitos epistáticos x testadores

A interação dos efeitos epistáticos x testadores foi significativa ($p \leq 0,01$ ou $p \leq 0,05$) para todos os caracteres (Tabela 23), indicando que os efeitos epistáticos não foram consistentes entre os dois testadores, na média dos grupos de ambientes. Gorsline (1961), utilizando uma extensão do delineamento proposto por Bauman (1959), reportou interação epistasia x testador para os caracteres PG, AP, FF entre outros caracteres, utilizando três testadores, indicando que os testadores diferiram em grande parte dos locos envolvidos em interações inter-alélicas.

Os coeficientes de correlação entre os efeitos epistáticos obtidos para TC₁ e TC₂ apresentaram baixas magnitudes para todos os caracteres (Tabela 23). Esses resultados reforçam que houve expressão diferencial dos efeitos epistáticos entre testadores, demonstrando a influência do *background* genético sobre os efeitos epistáticos.

A presença de interação epistasia x testador tem implicações para o melhoramento genético de milho. Segundo Wolf and Hallauer (1997), o testador utilizado para avaliação de testecrosses pode influenciar na expressão dos efeitos epistáticos e, conseqüentemente, pode aumentar ou reduzir a detecção de linhagens com excelente capacidade específica de combinação na presença de epistasia. Com relação à capacidade geral de combinação, Gorsline (1961) reportou que a utilização de testadores de base ampla em testes de *topcross* pode incluir a epistasia em adição aos efeitos aditivos, não refletindo estritamente a capacidade geral de combinação. Além disso, a influência de diferentes *backgrounds* genéticos sobre os efeitos epistáticos pode impactar na seleção assistida por marcadores moleculares e na seleção genômica (Blanc et al. 2006; Mackay 2014).

Para ambos os testadores não foram observadas associações entre os efeitos epistáticos e as performances dos testecrosses para nenhum caráter envolvendo os dois grupos de ambientes, uma vez que as correlações entre os efeitos epistáticos e as médias dos respectivos caracteres foram baixas para todos os caracteres, não diferindo de zero, com exceção do caráter IF (Tabela 24). Esses resultados podem estar relacionados à característica bidirecional

dos efeitos epistáticos, em que mesmo os testecrosses superiores apresentaram tanto efeitos positivos como negativos.

Tabela 23. Quadrados médios e respectivas significâncias das interações dos efeitos epistáticos x testadores e estimativas dos coeficientes de correlação de Pearson (r) entre os efeitos epistáticos de testecrosses de plantas F_2 oriundos dos testadores L-02-03D e L-04-05F, para o caráter produção de grãos e caracteres agrônômicos considerando os dois grupos de ambientes conjuntamente

Caráter e r	FV	GL	QM
PG (t ha ⁻¹) $r = -0,04^{ns}$	Efeitos epistáticos x testadores	99	1,09**
	Erro	99	0,58
ACQ (%) $r = 0,05^{ns}$	Efeitos epistáticos x testadores	99	0,99**
	Erro	99	0,61
PROL (esp pl ⁻¹) ^a $r = 0,03^{ns}$	Efeitos epistáticos x testadores	99	9,96**
	Erro	99	5,83
AP (cm pl ⁻¹) $r = 0,22^{**}$	Efeitos epistáticos x testadores	99	64,54**
	Erro	99	34,68
AE (cm pl ⁻¹) $r = 0,27^{**}$	Efeitos epistáticos x testadores	99	41,14**
	Erro	99	21,00
PRE ^b $r = 0,02^{ns}$	Efeitos epistáticos x testadores	99	5,08*
	Erro	99	3,42
FM (dias) $r = 0,07^{ns}$	Efeitos epistáticos x testadores	99	1,87**
	Erro	99	1,01
FF (dias) $r = 0,07^{ns}$	Efeitos epistáticos x testadores	99	2,16**
	Erro	99	0,99
IF (dias) $r = -0,01^{ns}$	Efeitos epistáticos x testadores	99	0,95*
	Erro	99	0,65

^{ns}, * e ** não significativo, significativo a 0,05 e 0,01 de probabilidade pelo teste F (para QM) e t (para r), respectivamente.

PG, ACQ, PROL, AP, AE, PRE, FM, FF e IF referem-se aos caracteres produção de grãos, acamamento e quebramento de plantas, prolificidade, altura da planta, altura da espiga, posição relativa da espiga, florescimento masculino, florescimento feminino e intervalo entre florescimentos, respectivamente.

^a Quadrados médios multiplicados por 10^3 .

^b Quadrados médios multiplicados por 10^4 .

A correlação entre os efeitos epistáticos e as médias dos testecrosses oriundos dos retrocruzamentos com o genitor L-08-05F (RC₁) e com o genitor L-38-05D (RC₂) também foram predominantemente baixas para os caracteres em ambos os testadores, variando para o TC₁ de -0,03 para AP e AE a 0,50 para o caráter IF e variando para o TC₂ de 0,01 para AE a 0,41 para ACQ, considerando ambas as gerações de retrocruzamento (Tabela 24). Portanto, também não foi possível observar fortes associações entre os efeitos epistáticos e as performances dos testecrosses referentes às gerações de retrocruzamento, para ambos os testadores. Os testecrosses provenientes dos retrocruzamentos com a geração F_1 (RC₃) não foram considerados nesta análise, pelo fato dessa população ($F_2 \times F_1$) não ser utilizada em programas de melhoramento para o desenvolvimento de cultivares.

Eta-Ndu and Openshaw (1999) também não observaram associações entre os efeitos epistáticos estimados e a produção de grãos de testecrosses provenientes da geração F_3 e das três gerações de retrocruzamentos

do TTC (RC₁, RC₂ e RC₃). Velásquez et al. (2008), utilizando médias de gerações, também não observaram associações entre os efeitos epistáticos e a produção de grãos dos híbridos simples avaliados.

Tabela 24. Coeficientes de correlação de Pearson entre os efeitos epistáticos (Z_i) e as médias gerais de testecrosses ($\bar{x}$ Geral) e das gerações de retrocruzamento G_{RC1} e G_{RC2}, para cada caráter e testador (T₁ e T₂) envolvendo os dois grupos de ambientes

	PG (t ha ⁻¹)		
	$\bar{x}$ Geral	G _{RC1}	G _{RC2}
Z _i T ₁	-0,04 ^{ns}	0,05 ^{ns}	0,03 ^{ns}
Z _i T ₂	0,12 ^{ns}	0,19 ^{**}	0,20 ^{**}
	ACQ (%)		
	$\bar{x}$ Geral	G _{RC1}	G _{RC2}
Z _i T ₁	0,04 ^{ns}	0,31 ^{**}	0,37 ^{**}
Z _i T ₂	0,06 ^{ns}	0,30 ^{**}	0,41 ^{**}
	PROL (esp pl ⁻¹)		
	$\bar{x}$ Geral	G _{RC1}	G _{RC2}
Z _i T ₁	0,07 ^{ns}	0,28 ^{**}	0,26 ^{**}
Z _i T ₂	-0,08 ^{ns}	0,27 ^{**}	0,22 ^{**}
	AP (cm pl ⁻¹)		
	$\bar{x}$ Geral	G _{RC1}	G _{RC2}
Z _i T ₁	-0,07 ^{ns}	-0,03 ^{ns}	-0,03 ^{ns}
Z _i T ₂	-0,00 ^{ns}	0,05 ^{ns}	0,04 ^{ns}
	AE (cm pl ⁻¹)		
	$\bar{x}$ Geral	G _{RC1}	G _{RC2}
Z _i T ₁	-0,07 ^{ns}	-0,03 ^{ns}	-0,02 ^{ns}
Z _i T ₂	-0,03 ^{ns}	0,03 ^{ns}	0,01 ^{ns}
	PRE		
	$\bar{x}$ Geral	G _{RC1}	G _{RC2}
Z _i T ₁	-0,02 ^{ns}	0,06 ^{ns}	0,07 ^{ns}
Z _i T ₂	-0,06 ^{ns}	0,03 ^{ns}	0,02 ^{ns}
	FM (dias)		
	$\bar{x}$ Geral	G _{RC1}	G _{RC2}
Z _i T ₁	0,13 ^{ns}	0,28 ^{**}	0,26 ^{**}
Z _i T ₂	0,06 ^{ns}	0,22 ^{**}	0,30 ^{**}
	FF (dias)		
	$\bar{x}$ Geral	G _{RC1}	G _{RC2}
Z _i T ₁	0,09 ^{ns}	0,23 ^{**}	0,25 ^{**}
Z _i T ₂	0,06 ^{ns}	0,25 ^{**}	0,29 ^{**}
	IF (dias)		
	$\bar{x}$ Geral	G _{RC1}	G _{RC2}
Z _i T ₁	0,24 ^{**}	0,45 ^{**}	0,50 ^{**}
Z _i T ₂	-0,09 ^{ns}	0,26 ^{**}	0,32 ^{**}

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

PG, ACQ, PROL, AP, AE, PRE, FM, FF e IF referem-se aos caracteres produção de grãos, acamamento e quebramento de plantas, prolificidade, altura da planta, altura da espiga, posição relativa da espiga, florescimento masculino, florescimento feminino e intervalo entre florescimentos, respectivamente.

4.8. Variância epistática

No grupo SE, as estimativas das variâncias epistáticas de testecrosses ($\hat{\sigma}_Z^2$) para o TC₁ foram estatisticamente inferiores às respectivas estimativas das $\hat{\sigma}_{TC}^2$ para os caracteres PG, AP e AE, não diferindo para os demais caracteres. Ressalte-se que para o caráter IF, a magnitude da $\hat{\sigma}_Z^2$ não diferiu de zero, ao contrário da respectiva magnitude da $\hat{\sigma}_{TC}^2$. Para o TC₂, as magnitudes das $\hat{\sigma}_Z^2$ foram inferiores às respectivas magnitudes das $\hat{\sigma}_{TC}^2$ para os caracteres AP e AE, porém não diferiram estatisticamente para os demais caracteres (Tabelas 11 a 16).

As magnitudes das $\hat{\sigma}_Z^2$ no grupo CE foram inferiores às respectivas magnitudes das $\hat{\sigma}_{TC}^2$ para o caráter AP do TC₁, não diferindo para os demais caracteres. Ressalte-se que para os caracteres do florescimento, as magnitudes das $\hat{\sigma}_Z^2$ não diferiram de zero, enquanto as respectivas estimativas das $\hat{\sigma}_{TC}^2$ foram significativas. Para o TC₂, as magnitudes das $\hat{\sigma}_Z^2$ para os caracteres AE, PRE e IF não diferiram de zero, enquanto as respectivas magnitudes das $\hat{\sigma}_{TC}^2$ diferiram. Para os demais caracteres não houve diferenças significativas entre as magnitudes das $\hat{\sigma}_Z^2$ e $\hat{\sigma}_{TC}^2$ (Tabelas 11 a 16).

Considerando as magnitudes das $\hat{\sigma}_Z^2$ obtidas através das análises de variâncias conjuntas entre os grupos, essas foram inferiores às respectivas magnitudes das $\hat{\sigma}_{TC}^2$ para o caráter PG, FM, FF e caracteres de estatura das plantas para o TC₁ e para os caracteres de estatura das plantas para o TC₂, não diferindo para os demais caracteres. Ressalte-se que o caráter IF do TC₁ não apresentou estimativa da $\hat{\sigma}_Z^2$ significativa, ao contrário da respectiva estimativa da $\hat{\sigma}_{TC}^2$. Portanto, na média dos grupos, as magnitudes das $\hat{\sigma}_Z^2$ foram menos expressivas em relação às respectivas magnitudes das $\hat{\sigma}_{TC}^2$, principalmente para o TC₁ (Tabelas 11 a 16). Para o caráter PG, por exemplo, enquanto a estimativa da $\hat{\sigma}_Z^2$ para o TC₁ representou cerca de 30,00% da magnitude da respectiva $\hat{\sigma}_{TC}^2$, para o TC₂ a magnitude da $\hat{\sigma}_Z^2$ foi muito similar à respectiva magnitude da $\hat{\sigma}_{TC}^2$, representaram cerca de 100,00% da magnitude desta.

Apesar das magnitudes das $\hat{\sigma}_Z^2$ serem frequentemente inferiores às das $\hat{\sigma}_{TC}^2$, é importante destacar que esses componentes de variância representam uma pequena parcela da variância genética da população de referência, uma vez que os componentes de variâncias dentro de testecrosses não foram explorados nas análises de variâncias. Em nível populacional, a epistasia pode gerar uma quantidade enorme de variabilidade, contribuindo de forma expressiva para a variância genética. Kearsey and Pooni (1996) relataram que, apesar de improvável, é possível que a variância devido à epistasia seja muitas vezes maior que a variância devido aos efeitos aditivos e de dominância dos locos.

As magnitudes das $\hat{\sigma}_Z^2$ não diferiram nos grupos SE e CE para nenhum caráter de ambos os testadores, no entanto, para os caracteres FM e FF do TC₁ e AE e PRE do TC₂, as magnitudes das $\hat{\sigma}_Z^2$ não diferiram de zero no grupo CE, ao contrário do ocorrido no grupo SE. Portanto, a presença ou ausência de estresse hídrico não afetou de forma significativa a magnitude das variâncias dos efeitos epistáticos para a maioria dos caracteres. As magnitudes

das $\hat{\sigma}_Z^2$ obtidas através das análises de variâncias conjuntas entre os grupos não diferiram das obtidas para os grupos SE e CE para a maioria dos caracteres de ambos os testadores. Ressalte-se que para o TC₂, as magnitudes das $\hat{\sigma}_Z^2$ entre os grupos para os caracteres ACQ e IF diferiram de zero, enquanto que, nos grupos SE e CE, as magnitudes das $\hat{\sigma}_Z^2$ não diferiram de zero para esses caracteres. As magnitudes das $\hat{\sigma}_Z^2$ entre os grupos não diferiram para o TC₁ e TC₂ para todos os caracteres, exceto para o caráter FM, em que a magnitude da $\hat{\sigma}_Z^2$ do TC₂ foi estatisticamente superior à magnitude da $\hat{\sigma}_Z^2$ do TC₁. Para os caracteres ACQ e IF, as magnitudes das $\hat{\sigma}_Z^2$ não diferiram de zero para o TC₁, ao contrário do ocorrido para o TC₂ (Tabelas 11 a 16).

As estimativas das variâncias da interação epistasia x grupos de ambientes ($\hat{\sigma}_{Z \times S}^2$) diferiram de zero apenas para os caracteres PG e PROL do TC₁ e AP e AE do TC₂. Nota-se também, que as magnitudes das $\hat{\sigma}_{Z \times S}^2$ não diferiram das respectivas magnitudes das $\hat{\sigma}_Z^2$ para esses caracteres (Tabelas 11 a 16).

4.9. Produtos médios, covariâncias e coeficientes de correlação

4.9.1. Produtos médios

Nas análises de covariâncias conjuntas para o grupo SE para o TC₁, os produtos médios (PM_{xy}) de testecrosses diferiram de zero ($p \leq 0,01$ ou $p \leq 0,05$) para todas as combinações envolvendo o caráter PG, exceto em combinação com o caráter IF. Os PM_{xy} das combinações entre os caracteres de estatura das plantas, assim como entre os caracteres do florescimento diferiram de zero, no entanto os PM_{xy} dos caracteres de estatura das plantas em combinação com os caracteres do florescimento não diferiram de zero. A maioria das combinações envolvendo o caráter PROL apresentaram PM_{xy} diferentes de zero, porém o contrário ocorreu para o caráter ACQ (ANEXOS Z a DD). Para o TC₂, os PM_{xy} de testecrosses diferiram de zero para a maioria das combinações envolvendo o caráter PG, em que apenas as combinações PGACQ e PGFM não diferiram de zero. Semelhante ao ocorrido para o TC₁, os PM_{xy} das combinações entre os caracteres de estatura das plantas e também entre os caracteres do florescimento diferiram de zero, contudo os PM_{xy} dos caracteres de estatura das plantas em combinação com os caracteres do florescimento não diferiram de zero, exceto para AEIF, PREFM e PREIF. Todas as combinações envolvendo o caráter PROL apresentaram PM_{xy} diferentes de zero, exceto PROLACQ e PROLFM, enquanto nenhuma combinação envolvendo o caráter ACQ diferiu de zero (ANEXOS EE a II).

Nas análises de covariâncias conjuntas para o grupo CE para o TC₁, as significâncias dos PM_{xy} de testecrosses foram similares às observadas no grupo SE, com exceção das combinações envolvendo o caráter ACQ, em que os PM_{xy} não diferiram de zero em nenhuma combinação e para o PM_{xy} da combinação FMIF, o qual também não diferiu de zero no grupo CE (ANEXOS JJ a NN). Também para o TC₂, as significâncias dos PM_{xy} de testecrosses foram similares às observadas no grupo SE, com exceção das combinações PGFM e PROLFM, em que os PM_{xy} diferiram de zero, e das combinações AEIF, PREFM, PREIF e FMIF, em que os PM_{xy} não diferiram de zero no grupo CE (ANEXOS OO a SS).

De modo geral, nas análises de covariâncias conjuntas entre os grupos, os únicos resultados não observados nas análises de covariâncias para cada grupo em relação às significâncias dos PM_{xy} de testecrosses, foram

os PM_{xy} que diferiram de zero para as combinações PGIF e PROLIF do TC₁ e para as combinações APFM e AEFM do TC₂ (ANEXOS TT a CCC).

Com relação às significâncias dos PM_{xy} para a fonte de covariação epistasia total, no grupo SE para o TC₁, os PM_{xy} diferiram de zero para a maioria das combinações envolvendo o caráter PG, não diferindo apenas para as combinações PGACQ, PGFM e PGIF. Porém, para os demais caracteres, os PM_{xy} em geral não diferiram de zero para a maioria das combinações de caracteres dois a dois, diferindo apenas para PROLFM, PROLFF, APAE, AEPRE e entre os caracteres do florescimento (ANEXOS Z a DD). Para o TC₂, os PM_{xy} envolvendo o caráter PG diferiram de zero apenas para as combinações PGPROL e PGFF. As demais combinações de caracteres dois a dois que apresentaram PM_{xy} diferentes de zero foram ACQPRE, PROLFF, entre os caracteres de estatura das plantas e entre os caracteres do florescimento (ANEXOS EE a II).

No grupo CE, os PM_{xy} para epistasia total para o TC₁ diferiram de zero para todas as combinações envolvendo o caráter PG, exceto para a combinação PGPRE. Considerando as demais combinações de caracteres dois a dois, de modo geral, houve maior número de PM_{xy} significativos no grupo CE em relação ao grupo SE para o TC₁ (ANEXOS JJ a NN). Para o TC₂, os PM_{xy} para epistasia total envolvendo o caráter PG foram significativos para a maioria das combinações de caracteres, não diferindo de zero apenas para PGAE, PGPRE e PGIF. Assim, também para o TC₂ houve maior número de combinações de pares de caracteres com PM_{xy} diferentes de zero no grupo CE em relação ao grupo SE (ANEXOS OO a SS).

Nas análises de covariâncias conjuntas entre os grupos, os únicos resultados não observados nas análises de covariâncias para cada grupo em relação às significâncias dos PM_{xy} para a fonte de covariação epistasia total, foi o PM_{xy} diferente de zero para a combinação ACQPROL e não diferente de zero para PROLFM do TC₁ e os PM_{xy} diferentes de zero para as combinações AEFM e PREFM do TC₂ (ANEXOS TT a CCC).

Esses resultados mostram que, de modo geral, enquanto a presença ou ausência de estresse hídrico não influenciou na detecção de PM_{xy} significativos para testecrosses, detectou-se maior número de PM_{xy} significativos na presença de estresse hídrico para epistasia total para ambos TC₁ e TC₂. Além disso, algumas combinações de caracteres apresentaram padrões de significâncias dos PM_{xy} diferentes entre os testadores.

4.9.2. Covariâncias

As estimativas das covariâncias genéticas de testecrosses ($C\hat{ov}_{TC_{xy}}$), no grupo SE para o TC₁, foram significativas para a maioria das combinações de caracteres dois a dois, sendo não significativas as combinações PGFM, PROLPRE, AEIF, FMIF e as combinações dos caracteres AP e PRE com os caracteres do florescimento. As significâncias das estimativas das $C\hat{ov}_{TC_{xy}}$ envolvendo o caráter ACQ não foram possíveis de serem obtidas, uma vez que para o teste de Pillai são utilizados componentes de variância (Silva 2015), os quais não diferiram de zero para esse caráter. Para o TC₂, as magnitudes das $C\hat{ov}_{TC_{xy}}$ diferiram de zero para todas as combinações de caracteres, exceto para PGFF e PROLFM. Da mesma forma que para o TC₁, as significâncias das estimativas das $C\hat{ov}_{TC_{xy}}$ envolvendo os caracteres ACQ e IF não foram obtidas para o TC₂ (Tabela 25).

No grupo CE para o TC₁, as estimativas das $C\hat{ov}_{TC_{xy}}$ foram significativas para todas as combinações de caracteres, exceto para as combinações PGPRE, PROLPRE, FMIF e para as combinações do caráter IF com os

caracteres de estatura das plantas. Também para o TC₂, as magnitudes das $\hat{Cov}_{TC_{xy}}$ diferiram de zero para todas as combinações de caracteres, exceto para PGPRE, APIF e AEIF. Para ambos TC₁ e TC₂, as significâncias das estimativas das $\hat{Cov}_{TC_{xy}}$ envolvendo o caráter ACQ não foram obtidas pelos mesmos motivos apresentados para o grupo SE (Tabela 26).

Nas análises de covariâncias conjuntas entre os grupos, apenas o TC₂ apresentou estimativas das $\hat{Cov}_{TC_{xy}}$ com significâncias diferentes das já relatadas nas análises de covariâncias de cada grupo, em que as combinações PGACQ, ACQPROL e AEIF foram significativas e as combinações PGFM, FMIF e ACQ com os caracteres de estatura das plantas foram não significativas (Tabela 27). Ressalte-se que as significâncias das estimativas das $\hat{Cov}_{TC_{xy}}$ do caráter ACQ em combinação com os caracteres do florescimento para o TC₂ não puderam ser obtidas, pois as estimativas das $\hat{\sigma}_{TC}^2$ não diferiram de zero para o caráter ACQ, considerando apenas os ambientes em que os caracteres do florescimento foram avaliados (dados não apresentados).

Esses resultados indicam que, em geral, tanto a presença ou ausência de estresse hídrico, como os testadores, afetaram a frequência de estimativas das $\hat{Cov}_{TC_{xy}}$ significativas. Nota-se que no grupo CE e para os testecrosses provenientes da linhagem testadora L-04-05F (TC₂) houve maior frequência de estimativas das $\hat{Cov}_{TC_{xy}}$ significativas em relação ao grupo SE e aos testecrosses provenientes da linhagem testadora L-02-03D (TC₁), respectivamente.

Para algumas combinações de caracteres do TC₁ e TC₂ nas diversas análises de covariâncias, enquanto as estimativas das $\hat{Cov}_{TC_{xy}}$ foram significativas, as respectivas estimativas das covariâncias fenotípicas de testecrosses ($\hat{Cov}_{\bar{F}_{TC_{xy}}}$) não o foram ou vice-versa. De modo geral, isso ocorreu para as combinações envolvendo o caráter PG e também para as combinações dos caracteres do florescimento com os caracteres de estatura das plantas. Como esperado, as significâncias das estimativas das $\hat{Cov}_{\bar{F}_{TC_{xy}}}$ foram idênticas às significâncias obtidas para os $PM_{TC_{xy}}$ da fonte de covariação testecrosses, pois $\hat{Cov}_{\bar{F}_{TC_{xy}}} = PM_{TC_{xy}} / KJMN$ conforme eq. (28).

As estimativas das covariâncias epistáticas totais de testecrosses ($\hat{Cov}_{Z_{xy}}$), no grupo SE para o TC₁, foram significativas para a maioria das combinações de caracteres, sendo que apenas as combinações PGFM, PGFF, PROLAE, PROLPRE, APPRE e PREFM não diferiram de zero, considerando apenas as combinações de caracteres em que o teste de Pillai pôde ser realizado. Da mesma forma, para o TC₂ todas as combinações de caracteres apresentaram $\hat{Cov}_{Z_{xy}}$ significativas, exceto para PGAP e ACQFM (Tabela 28). As significâncias das estimativas das $\hat{Cov}_{Z_{xy}}$ para o caráter AE do TC₁ e para os caracteres PG e PROL do TC₂, em combinação com os caracteres FM e FF, não puderam ser obtidas, pois as respectivas magnitudes das $\hat{\sigma}_Z^2$ não diferiram de zero para esses caracteres, considerando apenas os ambientes em que os caracteres do florescimento foram avaliados (dados não apresentados). Para o caráter ACQ do TC₂, o contrário foi observado, uma vez que a magnitude da $\hat{\sigma}_Z^2$ diferiu de zero, considerando apenas esses ambientes (dados não apresentados).

Tabela 25. Estimativas das covariâncias fenotípicas com base em médias de testecrosses (acima da diagonal), covariâncias genéticas de testecrosses (abaixo da diagonal) e respectivas significâncias envolvendo os caracteres produção de grãos (PG), acamamento e quebramento de plantas (ACQ), prolificidade (PROL), altura da planta (AP), altura da espiga (AE), posição relativa da espiga (PRE), florescimento masculino (FM), florescimento feminino (FF) e intervalo entre florescimentos (IF) em testecrosses provenientes dos testadores L-02-03D (TC₁) e L-04-05F (TC₂), para o grupo de ambientes sem estresse hídrico (SE)

Caráter	TC ₁								
	PG (t ha ⁻¹)	ACQ (%)	PROL (esp pl ⁻¹)	AP (cm pl ⁻¹)	AE (cm pl ⁻¹)	PRE	FM (dias)	FF (dias)	IF (dias)
PG (t ha ⁻¹)		-5,16*	1,54**	169,99**	132,61**	0,18**	-11,04**	-14,13**	-3,10 ^{ns}
ACQ (%)	-5,01		-0,26*	-7,99 ^{ns}	-3,57 ^{ns}	0,00 ^{ns}	-5,14*	-4,02 ^{ns}	1,12 ^{ns}
PROL (esp pl ⁻¹)	0,97**	-0,20		4,19*	3,19*	0,00 ^{ns}	-0,66**	-0,84**	-0,18 ^{ns}
AP (cm pl ⁻¹)	135,64**	-25,36	3,07**		2.154,99**	2,08**	2,54 ^{ns}	3,03 ^{ns}	0,48 ^{ns}
AE (cm pl ⁻¹)	108,08**	-19,56	2,26**	1.750,25**		2,90**	1,21 ^{ns}	-2,96 ^{ns}	-4,17 ^{ns}
PRE	0,15**	-0,02	0,00 ^{ns}	1,78**	2,14**		0,00 ^{ns}	-0,02 ^{ns}	-0,02 ^{ns}
FM (dias)	-3,45 ^{ns}	-5,20	-0,20*	36,99 ^{ns}	31,62*	0,05 ^{ns}		23,40**	-5,05**
FF (dias)	-7,05**	-3,28	-0,44**	40,19 ^{ns}	32,54*	0,04 ^{ns}	14,10**		5,83**
IF (dias)	-3,60**	1,92	-0,23**	3,19 ^{ns}	0,92 ^{ns}	-0,01 ^{ns}	-0,61 ^{ns}	2,73**	

Caráter	TC ₂								
	PG (t ha ⁻¹)	ACQ (%)	PROL (esp pl ⁻¹)	AP (cm pl ⁻¹)	AE (cm pl ⁻¹)	PRE	FM (dias)	FF (dias)	IF (dias)
PG (t ha ⁻¹)		1,27 ^{ns}	0,86**	86,13**	78,97**	0,12**	-2,30 ^{ns}	-6,55**	-4,25**
ACQ (%)	2,02		0,16 ^{ns}	24,39 ^{ns}	11,37 ^{ns}	-0,01 ^{ns}	-0,36 ^{ns}	0,37 ^{ns}	0,73 ^{ns}
PROL (esp pl ⁻¹)	0,43**	0,24		4,16**	4,45**	0,01**	-0,27 ^{ns}	-0,53**	-0,26*
AP (cm pl ⁻¹)	66,91**	15,39	3,52**		1.743,62**	1,74**	29,27 ^{ns}	0,67 ^{ns}	-28,60 ^{ns}
AE (cm pl ⁻¹)	66,18**	4,59	4,06**	1.333,76**		3,34**	46,24 ^{ns}	10,95 ^{ns}	-35,29*
PRE	0,12**	-0,02	0,01**	1,50**	2,47**		0,12*	0,05 ^{ns}	-0,08*
FM (dias)	2,17*	0,39	-0,05 ^{ns}	75,31**	88,26**	0,19**		25,30**	-5,63**
FF (dias)	-1,71 ^{ns}	1,57	-0,25**	40,92*	51,01**	0,12**	16,36**		5,67**
IF (dias)	-3,87	1,18	-0,20	-34,40	-37,25	-0,07	-0,20	1,84	

^{ns}, * e ** não significativo, significativo a 0,05 e 0,01 de probabilidade pelo teste de Pillai adaptado por Silva (2015), respectivamente.

Teste de Pillai adaptado por Silva (2015) não realizado quando ao menos uma das estimativas de variâncias envolvidas não diferiu de zero.

Covariâncias multiplicados por 10².

Tabela 26. Estimativas das covariâncias fenotípicas com base em médias de testecrosses (acima da diagonal), covariâncias genéticas de testecrosses (abaixo da diagonal) e respectivas significâncias envolvendo os caracteres produção de grãos (PG), acamamento e quebramento de plantas (ACQ), prolificidade (PROL), altura da planta (AP), altura da espiga (AE), posição relativa da espiga (PRE), florescimento masculino (FM), florescimento feminino (FF) e intervalo entre florescimentos (IF) em testecrosses provenientes dos testadores L-02-03D (TC₁) e L-04-05F (TC₂), para o grupo de ambientes com estresse hídrico (CE)

Caráter	TC ₁								
	PG (t ha ⁻¹)	ACQ (%)	PROL (esp pl ⁻¹)	AP (cm pl ⁻¹)	AE (cm pl ⁻¹)	PRE	FM (dias)	FF (dias)	IF (dias)
PG (t ha ⁻¹)		-0,27 ^{ns}	1,29 ^{**}	128,45 ^{**}	76,55 ^{**}	0,09 [*]	-8,84 ^{**}	-10,86 ^{**}	-2,02 ^{ns}
ACQ (%)	0,27		-0,06 ^{ns}	7,70 ^{ns}	4,20 ^{ns}	0,01 ^{ns}	-1,09 ^{ns}	0,42 ^{ns}	1,51 ^{ns}
PROL (esp pl ⁻¹)	0,73 ^{**}	-0,02		8,83 ^{**}	5,27 ^{**}	0,01 ^{ns}	-0,93 ^{**}	-1,15 ^{**}	-0,21 ^{ns}
AP (cm pl ⁻¹)	71,05 ^{**}	12,01	4,57 ^{**}		1.434,20 ^{**}	1,92 ^{**}	-4,89 ^{ns}	1,59 ^{ns}	6,48 ^{ns}
AE (cm pl ⁻¹)	35,50 ^{**}	5,79	2,18 ^{**}	724,75 ^{**}		2,71 ^{**}	2,19 ^{ns}	-0,95 ^{ns}	-3,14 ^{ns}
PRE	0,01 ^{ns}	0,00	0,00 ^{ns}	0,68 [*]	1,27 ^{**}		0,01 ^{ns}	-0,03 ^{ns}	-0,04 ^{ns}
FM (dias)	-3,04 [*]	-0,53	-0,35 ^{**}	61,69 ^{**}	55,75 ^{**}	0,13 ^{**}		34,01 ^{**}	-1,85 ^{ns}
FF (dias)	-4,39 ^{**}	0,98	-0,50 ^{**}	70,62 ^{**}	56,35 ^{**}	0,11 ^{**}	20,80 ^{**}		7,14 ^{**}
IF (dias)	-1,35 ^{**}	1,51	-0,15 ^{**}	8,93 ^{ns}	0,60 ^{ns}	-0,02 ^{ns}	-0,45 ^{ns}	1,91 ^{**}	

Caráter	TC ₂								
	PG (t ha ⁻¹)	ACQ (%)	PROL (esp pl ⁻¹)	AP (cm pl ⁻¹)	AE (cm pl ⁻¹)	PRE	FM (dias)	FF (dias)	IF (dias)
PG (t ha ⁻¹)		-0,85 ^{ns}	0,80 ^{**}	74,39 ^{**}	49,68 ^{**}	0,07 [*]	-7,22 ^{**}	-10,84 ^{**}	-3,62 ^{**}
ACQ (%)	-0,71		0,06 ^{ns}	6,71 ^{ns}	12,43 ^{ns}	0,05 ^{ns}	0,37 ^{ns}	-0,66 ^{ns}	-1,03 ^{ns}
PROL (esp pl ⁻¹)	0,29 ^{**}	0,06		6,20 ^{**}	4,86 ^{**}	0,01 ^{**}	-0,76 ^{**}	-1,04 ^{**}	-0,28 ^{**}
AP (cm pl ⁻¹)	23,08 ^{**}	6,45	2,09 ^{**}		1.316,48 ^{**}	2,19 ^{**}	-2,87 ^{ns}	-11,80 ^{ns}	-8,93 ^{ns}
AE (cm pl ⁻¹)	12,24 ^{**}	8,36	1,85 ^{**}	571,70 ^{**}		3,29 ^{**}	14,79 ^{ns}	1,69 ^{ns}	-13,10 ^{ns}
PRE	0,01 ^{ns}	0,03	0,00 ^{**}	1,04 ^{**}	1,81 ^{**}		0,10 ^{ns}	0,04 ^{ns}	-0,05 ^{ns}
FM (dias)	-3,91 ^{**}	1,96	-0,42 ^{**}	47,99 ^{**}	58,98 ^{**}	0,21 ^{**}		30,77 ^{**}	-0,22 ^{ns}
FF (dias)	-6,91 ^{**}	0,26	-0,62 ^{**}	52,21 ^{**}	53,04 ^{**}	0,16 ^{**}	18,25 ^{**}		8,54 ^{**}
IF (dias)	-3,00 ^{**}	-1,70	-0,19 ^{**}	4,22 ^{ns}	-5,94 ^{ns}	-0,05 ^{**}	1,78 ^{**}	4,39 ^{**}	

^{ns}, * e ** não significativo, significativo a 0,05 e 0,01 de probabilidade pelo teste de Pillai adaptado por Silva (2015), respectivamente.

Teste de Pillai adaptado por Silva (2015) não realizado quando ao menos uma das estimativas de variâncias envolvidas não diferiu de zero.

Covariâncias multiplicados por 10².

Tabela 27. Estimativas das covariâncias fenotípicas com base em médias de testecrosses (acima da diagonal), covariâncias genéticas de testecrosses (abaixo da diagonal) e respectivas significâncias envolvendo os caracteres produção de grãos (PG), acamamento e quebramento de plantas (ACQ), prolificidade (PROL), altura da planta (AP), altura da espiga (AE), posição relativa da espiga (PRE), florescimento masculino (FM), florescimento feminino (FF) e intervalo entre florescimentos (IF) em testecrosses provenientes dos testadores L-02-03D (TC₁) e L-04-05F (TC₂), entre os grupos de ambientes (EG)

Caráter	TC ₁								
	PG (t ha ⁻¹)	ACQ (%)	PROL (esp pl ⁻¹)	AP (cm pl ⁻¹)	AE (cm pl ⁻¹)	PRE	FM (dias)	FF (dias)	IF (dias)
PG (t ha ⁻¹)		-1,77 ^{ns}	1,16 ^{**}	119,72 ^{**}	80,37 ^{**}	0,10 [*]	-6,41 ^{**}	-9,14 ^{**}	-2,72 [*]
ACQ (%)	-1,60		-0,12 ^{ns}	-1,67 ^{ns}	2,49 ^{ns}	0,02 ^{ns}	-2,08 ^{ns}	-1,57 ^{ns}	0,50 ^{ns}
PROL (esp pl ⁻¹)	0,88 ^{**}	-0,10		5,19 ^{**}	3,40 ^{**}	0,00 ^{ns}	-0,53 ^{**}	-0,76 ^{**}	-0,23 ^{**}
AP (cm pl ⁻¹)	96,79 ^{**}	-4,93	3,85 ^{**}		1.429,90 ^{**}	1,51 ^{**}	21,22 ^{ns}	32,11 ^{ns}	10,90 ^{ns}
AE (cm pl ⁻¹)	63,98 ^{**}	-1,11	2,39 ^{**}	1.151,36 ^{**}		2,11 ^{**}	19,56 ^{ns}	21,61 ^{ns}	2,06 ^{ns}
PRE	0,07 [*]	0,01	0,00 ^{ns}	1,12 ^{**}	1,56 ^{**}		0,03 ^{ns}	0,01 ^{ns}	-0,02 ^{ns}
FM (dias)	-3,07 ^{ns}	-1,95	-0,27 ^{**}	46,47 ^{**}	40,55 ^{**}	0,07 [*]		22,12 ^{**}	-1,36 ^{ns}
FF (dias)	-5,75 ^{**}	-1,25	-0,50 ^{**}	58,66 ^{**}	44,81 ^{**}	0,06 ^{ns}	16,49 ^{**}		5,58 ^{**}
IF (dias)	-2,68 ^{**}	0,71	-0,23 ^{**}	12,19 ^{ns}	4,26 ^{ns}	-0,01 ^{ns}	0,10 ^{ns}	3,50 ^{**}	

Caráter	TC ₂								
	PG (t ha ⁻¹)	ACQ (%)	PROL (esp pl ⁻¹)	AP (cm pl ⁻¹)	AE (cm pl ⁻¹)	PRE	FM (dias)	FF (dias)	IF (dias)
PG (t ha ⁻¹)		0,40 ^{ns}	0,53 ^{**}	56,65 ^{**}	46,42 ^{**}	0,08 ^{**}	-2,20 ^{ns}	-4,75 ^{**}	-2,54 ^{**}
ACQ (%)	0,63 [*]		0,08 ^{ns}	4,38 ^{ns}	5,93 ^{ns}	0,02 ^{ns}	0,72 ^{ns}	0,60 ^{ns}	-0,12 ^{ns}
PROL (esp pl ⁻¹)	0,29 ^{**}	0,10 ^{**}		3,02 ^{**}	2,91 ^{**}	0,01 ^{**}	-0,22 ^{ns}	-0,42 ^{**}	-0,20 ^{**}
AP (cm pl ⁻¹)	39,02 ^{**}	2,07 ^{ns}	1,83 ^{**}		1.177,07 ^{**}	1,43 ^{**}	41,24 [*]	32,54 ^{ns}	-8,70 ^{ns}
AE (cm pl ⁻¹)	33,86 ^{**}	3,22 ^{ns}	2,06 ^{**}	888,41 ^{**}		2,56 ^{**}	53,26 ^{**}	35,08 ^{ns}	-18,18 [*]
PRE	0,06 ^{**}	0,01 ^{ns}	0,01 ^{**}	1,08 ^{**}	1,97 ^{**}		0,15 ^{**}	0,08 ^{ns}	-0,07 ^{**}
FM (dias)	-0,26 ^{ns}	1,30	-0,08 ^{ns}	65,47 ^{**}	74,82 ^{**}	0,19 ^{**}		22,10 ^{**}	-1,92 ^{ns}
FF (dias)	-2,55 ^{**}	1,13	-0,24 ^{**}	58,60 ^{**}	57,93 ^{**}	0,12 ^{**}	16,73 ^{**}		3,95 ^{**}
IF (dias)	-2,29 ^{**}	-0,17	-0,16 ^{**}	-6,86 ^{ns}	-16,88 ^{**}	-0,07 ^{**}	-0,06 ^{ns}	1,96 ^{**}	

^{ns}, * e ** não significativo, significativo a 0,05 e 0,01 de probabilidade pelo teste de Pillai adaptado por Silva (2015), respectivamente.

Teste de Pillai adaptado por Silva (2015) não realizado quando ao menos uma das estimativas de variâncias envolvidas não diferiu de zero.

Covariâncias multiplicados por 10².

No grupo CE para o TC₁, o teste de Pillai para as estimativas das $\hat{Cov}_{Z_{xy}}$ não pôde ser realizado para todas as combinações envolvendo os caracteres do florescimento e também o caráter ACQ, uma vez que as magnitudes das $\hat{\sigma}_Z^2$ desses caracteres não diferiram de zero. Assim, considerando apenas as combinações entre os caracteres PG, PROL e caracteres de estatura das plantas, as estimativas das $\hat{Cov}_{Z_{xy}}$ foram significativas para PGPROL, PGAP, PGAE, APAE e AEPRE. Para o TC₂, todas as combinações de caracteres em que o teste de Pillai pôde ser realizado apresentaram estimativas das $\hat{Cov}_{Z_{xy}}$ significativas, exceto para AEF (Tabela 29). As significâncias das estimativas das $\hat{Cov}_{Z_{xy}}$ para o caráter AP do TC₂, em combinação com os caracteres FM e FF, não puderam ser obtidas, pois a magnitude da $\hat{\sigma}_Z^2$ não diferiu de zero para AP, considerando apenas os ambientes em que os caracteres do florescimento foram avaliados (dados não apresentados). Para o caráter AE do TC₂, o contrário foi observado, uma vez que a magnitude da $\hat{\sigma}_Z^2$ diferiu de zero, considerando apenas esses ambientes (dados não apresentados).

Nas análises de covariâncias entre os grupos para o TC₁, as estimativas das $\hat{Cov}_{Z_{xy}}$ para as combinações de caracteres PGFM, AEFM, AEF e PREF foram significativas, enquanto para PROLFM e PROLFF não diferiram de zero, sendo estes resultados os únicos não observados nas análises de covariâncias para cada grupo de ambientes. Para o TC₂ foi detectado maior número de estimativas das $\hat{Cov}_{Z_{xy}}$ significativas em relação às análises de covariâncias para cada grupo, principalmente envolvendo os caracteres ACQ e IF (Tabela 30).

No grupo SE, as estimativas das covariâncias entre caracteres utilizando as estimativas dos efeitos epistáticos de testecrosses referentes às plantas F₂ ($\hat{Cov}_{Zi_{xy}}$) foram significativas para um número menor de combinações de caracteres em comparação com as estimativas das $\hat{Cov}_{Z_{xy}}$, obtidas nas análises de covariâncias (ANCOVAS), para ambos TC₁ e TC₂. Diversas combinações de caracteres em que as estimativas das $\hat{Cov}_{Z_{xy}}$ foram significativas apresentaram as respectivas estimativas das $\hat{Cov}_{Zi_{xy}}$ não significativas, o inverso também ocorreu, porém em menor frequência. No entanto, como as significâncias das variâncias dos efeitos epistáticos (Z_i) não são conhecidas *a priori*, o teste de Pillai para as estimativas das $\hat{Cov}_{Zi_{xy}}$ foi realizado para todas as combinações de caracteres. Assim, detectou-se estimativas das $\hat{Cov}_{Zi_{xy}}$ significativas para as combinações de caracteres FMIF e FFIF do TC₁ e para as combinações PGFF, PGIF, ACQPRE, PROLFF, PROLIF, FMIF e FFIF do TC₂, para as quais não foram testadas as significâncias das estimativas das $\hat{Cov}_{Z_{xy}}$ (Tabela 28).

No grupo CE, ao contrário do ocorrido para o grupo SE, houve maior número de estimativas das $\hat{Cov}_{Zi_{xy}}$ significativas em relação às $\hat{Cov}_{Z_{xy}}$, para ambos TC₁ e TC₂. Porém, de modo geral, para as combinações de caracteres em que as significâncias das $\hat{Cov}_{Z_{xy}}$ puderam ser testadas, não houve diferenças em relação às respectivas significâncias das estimativas das $\hat{Cov}_{Zi_{xy}}$. Assim, para ambos TC₁ e TC₂, foram detectadas estimativas das $\hat{Cov}_{Zi_{xy}}$ significativas para diversas combinações de caracteres em que as significâncias das respectivas estimativas das $\hat{Cov}_{Z_{xy}}$ não foram obtidas, principalmente envolvendo os caracteres do florescimento (Tabela 29).

Para o TC₁, nas análises de covariâncias entre os grupos, o número de estimativas das $\hat{Cov}_{Zi_{xy}}$ significativas foi similar ao das estimativas das $\hat{Cov}_{Z_{xy}}$, porém as magnitudes das $\hat{Cov}_{Z_{xy}}$ diferiram de zero para os caracteres de estatura das plantas em combinação com os caracteres do florescimento, enquanto as magnitudes das $\hat{Cov}_{Zi_{xy}}$ não diferiram de zero para essas combinações de caracteres. Além disso, as estimativas das $\hat{Cov}_{Zi_{xy}}$ para ACQPROL, IFPG, IFFM e IFFF foram significativas, enquanto as respectivas estimativas das $\hat{Cov}_{Z_{xy}}$ não puderam ser testadas estatisticamente. Para o TC₂ houve menor número de estimativas das $\hat{Cov}_{Zi_{xy}}$ significativas em relação às estimativas das $\hat{Cov}_{Z_{xy}}$, sendo este resultado relacionado principalmente às covariâncias do caráter IF com os caracteres de estatura das plantas e covariâncias envolvendo o caráter ACQ, as quais apresentaram estimativas das $\hat{Cov}_{Z_{xy}}$ significativas, ao contrário das respectivas estimativas das $\hat{Cov}_{Zi_{xy}}$ (Tabela 30).

Esses resultados indicam que o poder de detecção de covariâncias epistáticas significativas através das análises de covariâncias (ANCOVAS) é relativamente maior em relação às estimativas obtidas diretamente dos efeitos epistáticos de testecrosses (Z_i). No entanto, o conhecimento *a priori* das significâncias das variâncias epistáticas limitou o uso do teste de Pillai, principalmente no grupo CE. A detecção de covariâncias epistáticas significativas mostra que a epistasia também compõe a covariância genética de testecrosses entre caracteres, podendo, portanto, afetar a correlação genética entre caracteres. Além disso, os resultados mostram que algumas combinações de caracteres apresentaram padrões de significância das covariâncias epistáticas diferentes entre os grupos de ambientes e entre testadores, indicando que a ausência ou presença de estresse hídrico, assim como o testador utilizado, podem afetar a significância e magnitude das estimativas de covariâncias epistáticas.

Tabela 28. Estimativas das covariâncias dos efeitos epistáticos estimados de testecrosses referentes às plantas F₂ (acima da diagonal), covariâncias epistáticas totais (abaixo da diagonal) e respectivas significâncias envolvendo os caracteres produção de grãos (PG), acamamento e quebramento de plantas (ACQ), prolificidade (PROL), altura da planta (AP), altura da espiga (AE), posição relativa da espiga (PRE), florescimento masculino (FM), florescimento feminino (FF) e intervalo entre florescimentos (IF) em testecrosses provenientes dos testadores L-02-03D (TC₁) e L-04-05F (TC₂), para o grupo de ambientes sem estresse hídrico (SE)

Caráter	TC ₁								
	PG (t ha ⁻¹)	ACQ (%)	PROL (esp pl ⁻¹)	AP (cm pl ⁻¹)	AE (cm pl ⁻¹)	PRE	FM (dias)	FF (dias)	IF (dias)
PG (t ha ⁻¹)		-10,43 ^{ns}	7,39 ^{**}	187,51 ^{**}	194,14 ^{**}	0,38 ^{ns}	-26,44 ^{ns}	-42,54 ^{**}	-16,09 ^{ns}
ACQ (%)	-0,84		-1,17 ^{ns}	-14,67 ^{ns}	41,24 ^{ns}	0,20 ^{ns}	-12,50 ^{ns}	-11,88 ^{ns}	0,62 ^{ns}
PROL (esp pl ⁻¹)	0,62 ^{**}	-0,15		6,79 ^{ns}	4,67 ^{ns}	0,00 ^{ns}	-2,60 [*]	-3,30 ^{**}	-0,70 ^{ns}
AP (cm pl ⁻¹)	15,62 ^{**}	-15,93	0,73 [*]		2.610,93 ^{**}	0,75 ^{ns}	-30,73 ^{ns}	10,26 ^{ns}	40,98 ^{ns}
AE (cm pl ⁻¹)	23,64 ^{**}	-6,51	0,54 ^{ns}	139,51 ^{**}		8,38 ^{**}	-34,03 ^{ns}	-55,10 ^{ns}	-21,08 ^{ns}
PRE	0,06 ^{**}	0,01	0,00 ^{ns}	-0,03 ^{ns}	0,40 ^{**}		-0,06 ^{ns}	-0,25 ^{ns}	-0,19 ^{ns}
FM (dias)	1,68 ^{ns}	-0,11	-0,20 ^{**}	11,99 ^{**}	12,08	0,03 ^{**}		86,51 ^{**}	-40,56 ^{**}
FF (dias)	-0,22 ^{ns}	0,02	-0,21 ^{**}	16,74 ^{**}	9,92	0,00 ^{ns}	6,42 ^{**}		47,05 ^{**}
IF (dias)	-1,89	0,13	-0,01	4,75	-2,16	-0,02	-0,11	2,59	

Caráter	TC ₂								
	PG (t ha ⁻¹)	ACQ (%)	PROL (esp pl ⁻¹)	AP (cm pl ⁻¹)	AE (cm pl ⁻¹)	PRE	FM (dias)	FF (dias)	IF (dias)
PG (t ha ⁻¹)		-10,93 ^{ns}	5,50 ^{**}	109,67 ^{ns}	101,25 ^{ns}	0,14 ^{ns}	-16,98 ^{ns}	-35,58 ^{**}	-18,60 [*]
ACQ (%)	-1,32		-0,76 ^{ns}	-8,54 ^{ns}	117,68 ^{ns}	0,57 ^{**}	8,53 ^{ns}	23,24 ^{ns}	14,71 ^{ns}
PROL (esp pl ⁻¹)	0,38 ^{**}	-0,12		11,70 ^{ns}	10,91 ^{ns}	0,01 ^{ns}	-0,31 ^{ns}	-2,51 [*]	-2,20 [*]
AP (cm pl ⁻¹)	6,92 ^{ns}	-6,20	1,75 ^{**}		5.292,36 ^{**}	5,27 ^{**}	169,51 ^{ns}	196,65 ^{ns}	27,14 ^{ns}
AE (cm pl ⁻¹)	15,15 ^{**}	14,56	1,92 ^{**}	489,74 ^{**}		13,98 ^{**}	172,40 ^{ns}	190,81 ^{ns}	18,41 ^{ns}
PRE	0,05 ^{**}	0,08	0,01 ^{**}	0,70 ^{**}	1,26 ^{**}		0,30 ^{ns}	0,31 ^{ns}	0,01 ^{ns}
FM (dias)	0,11	0,85 ^{ns}	0,21	44,67 ^{**}	41,97 ^{**}	0,06 ^{**}		115,92 ^{**}	-54,88 ^{**}
FF (dias)	-0,24	4,28 ^{**}	0,08	54,08 ^{**}	47,35 ^{**}	0,07 ^{**}	11,71 ^{**}		35,82 ^{**}
IF (dias)	-0,35	3,43	-0,13	9,41	5,38	0,00	-4,69	-1,79	

^{ns}, * e ** não significativo, significativo a 0,05 e 0,01 de probabilidade pelo teste de Pillai adaptado por Silva (2015), respectivamente.

Teste de Pillai adaptado por Silva (2015) não realizado quando ao menos uma das estimativas de variâncias envolvidas não diferiu de zero.

Covariâncias multiplicados por 10².

Tabela 29. Estimativas das covariâncias dos efeitos epistáticos estimados de testecrosses referentes às plantas F₂ (acima da diagonal), covariâncias epistáticas totais (abaixo da diagonal) e respectivas significâncias envolvendo os caracteres produção de grãos (PG), acamamento e quebramento de plantas (ACQ), prolificidade (PROL), altura da planta (AP), altura da espiga (AE), posição relativa da espiga (PRE), florescimento masculino (FM), florescimento feminino (FF) e intervalo entre florescimentos (IF) em testecrosses provenientes dos testadores L-02-03D (TC₁) e L-04-05F (TC₂), para o grupo de ambientes com estresse hídrico (CE)

Caráter	TC ₁								
	PG (t ha ⁻¹)	ACQ (%)	PROL (esp pl ⁻¹)	AP (cm pl ⁻¹)	AE (cm pl ⁻¹)	PRE	FM (dias)	FF (dias)	IF (dias)
PG (t ha ⁻¹)		-16,77*	5,86**	373,03**	193,81**	0,11 ^{ns}	-24,57**	-41,58**	-17,00**
ACQ (%)	-1,80		-1,08 ^{ns}	-69,81 ^{ns}	10,56 ^{ns}	0,26 ^{ns}	7,61 ^{ns}	25,80*	18,19**
PROL (esp pl ⁻¹)	0,41**	-0,07		15,40*	7,94 ^{ns}	0,01 ^{ns}	-2,19*	-3,49**	-1,30*
AP (cm pl ⁻¹)	29,47**	-10,07	0,54 ^{ns}		3.858,10**	2,62 ^{ns}	72,13 ^{ns}	-27,72 ^{ns}	-99,84 ^{ns}
AE (cm pl ⁻¹)	11,68**	4,60	-0,06 ^{ns}	329,27**		9,85**	56,39 ^{ns}	19,43 ^{ns}	-36,96 ^{ns}
PRE	-0,01 ^{ns}	0,05	0,00 ^{ns}	0,22 ^{ns}	0,57**		0,08 ^{ns}	0,13 ^{ns}	0,05 ^{ns}
FM (dias)	1,07	1,41	0,08	40,64	24,75	0,03		116,12**	-16,91 ^{ns}
FF (dias)	0,38	5,36	0,01	36,10	27,31	0,06	4,09		38,67**
IF (dias)	-0,69	3,94	-0,07	-4,55	2,56	0,03	-0,24	-1,16	

Caráter	TC ₂								
	PG (t ha ⁻¹)	ACQ (%)	PROL (esp pl ⁻¹)	AP (cm pl ⁻¹)	AE (cm pl ⁻¹)	PRE	FM (dias)	FF (dias)	IF (dias)
PG (t ha ⁻¹)		-15,09*	5,69**	185,34**	60,44 ^{ns}	-0,16 ^{ns}	-49,10**	-61,95**	-12,85 ^{ns}
ACQ (%)	-1,05		-1,64*	-87,13 ^{ns}	-4,34 ^{ns}	0,24 ^{ns}	7,97 ^{ns}	6,99 ^{ns}	-0,99 ^{ns}
PROL (esp pl ⁻¹)	0,46**	-0,13		24,42**	10,52 ^{ns}	-0,01 ^{ns}	-5,46**	-6,67**	-1,21 ^{ns}
AP (cm pl ⁻¹)	9,85**	-12,92	2,57**		3.962,22**	3,12 ^{ns}	2,14 ^{ns}	-154,20 ^{ns}	-156,34*
AE (cm pl ⁻¹)	-7,10	0,78	0,77	174,33		8,93**	97,58 ^{ns}	-63,32 ^{ns}	-160,90**
PRE	-0,06	0,04	0,00	0,01	0,23		0,52 ^{ns}	0,05 ^{ns}	-0,47*
FM (dias)	-4,48**	0,28	-0,42**	18,92	27,73**	0,10		173,50**	-15,12 ^{ns}
FF (dias)	-5,70**	-1,26	-0,47**	-1,29	4,44 ^{ns}	0,03	13,34**		65,54**
IF (dias)	-1,22	-1,54	-0,06	-20,21	-23,29	-0,08	2,06	2,85	

^{ns}, * e ** não significativo, significativo a 0,05 e 0,01 de probabilidade pelo teste de Pillai adaptado por Silva (2015), respectivamente.

Teste de Pillai adaptado por Silva (2015) não realizado quando ao menos uma das estimativas de variâncias envolvidas não diferiu de zero.

Covariâncias multiplicados por 10².

Tabela 30. Estimativas das covariâncias dos efeitos epistáticos estimados de testecrosses referentes às plantas F₂ (acima da diagonal), covariâncias epistáticas totais (abaixo da diagonal) e respectivas significâncias envolvendo os caracteres produção de grãos (PG), acamamento e quebramento de plantas (ACQ), prolificidade (PROL), altura da planta (AP), altura da espiga (AE), posição relativa da espiga (PRE), florescimento masculino (FM), florescimento feminino (FF) e intervalo entre florescimentos (IF) em testecrosses provenientes dos testadores L-02-03D (TC₁) e L-04-05F (TC₂), entre os grupos de ambientes (EG)

Caráter	TC ₁								
	PG (t ha ⁻¹)	ACQ (%)	PROL (esp pl ⁻¹)	AP (cm pl ⁻¹)	AE (cm pl ⁻¹)	PRE	FM (dias)	FF (dias)	IF (dias)
PG (t ha ⁻¹)		-10,84 [*]	3,88 ^{**}	169,83 ^{**}	106,73 ^{**}	0,11 ^{ns}	-6,79 ^{ns}	-16,67 [*]	-9,88 [*]
ACQ (%)	-1,28		-0,95 [*]	-62,42 ^{ns}	8,24 ^{ns}	0,20 ^{ns}	-1,10 ^{ns}	6,10 ^{ns}	7,20 ^{ns}
PROL (esp pl ⁻¹)	0,34 ^{**}	-0,12		6,34 ^{ns}	2,56 ^{ns}	0,00 ^{ns}	-0,93 ^{ns}	-1,49 [*]	-0,56 ^{ns}
AP (cm pl ⁻¹)	14,39 ^{**}	-13,69	0,50 ^{ns}		2.266,34 ^{**}	1,46 ^{ns}	85,41 ^{ns}	66,58 ^{ns}	-18,83 ^{ns}
AE (cm pl ⁻¹)	10,15 ^{**}	-1,36	0,04 ^{ns}	222,93 ^{**}		5,63 ^{**}	69,42 ^{ns}	57,57 ^{ns}	-11,85 ^{ns}
PRE	0,01 ^{ns}	0,03	0,00 ^{ns}	0,13 ^{ns}	0,42 ^{**}		0,14 ^{ns}	0,14 ^{ns}	0,00 ^{ns}
FM (dias)	1,78 ^{**}	0,33	0,01 ^{ns}	23,97 ^{**}	19,22 ^{**}	0,04 ^{**}		60,85 ^{**}	-12,32 [*]
FF (dias)	0,91 ^{ns}	1,78	-0,02 ^{ns}	23,42 ^{**}	19,97 ^{**}	0,04 ^{**}	4,39 ^{**}		28,83 ^{**}
IF (dias)	-0,86	1,45	-0,03	-0,54	0,76	0,01	0,35	1,61	

Caráter	TC ₂								
	PG (t ha ⁻¹)	ACQ (%)	PROL (esp pl ⁻¹)	AP (cm pl ⁻¹)	AE (cm pl ⁻¹)	PRE	FM (dias)	FF (dias)	IF (dias)
PG (t ha ⁻¹)		-9,56 [*]	3,66 ^{**}	64,62 ^{ns}	24,98 ^{ns}	-0,04 ^{ns}	-21,16 ^{**}	-26,81 ^{**}	-5,65 ^{ns}
ACQ (%)	-0,89 ^{**}		-1,11 [*]	-16,91 ^{ns}	56,35 ^{ns}	0,31 [*]	6,78 ^{ns}	11,92 ^{ns}	5,14 ^{ns}
PROL (esp pl ⁻¹)	0,40 ^{**}	-0,12 ^{**}		9,77 [*]	5,34 ^{ns}	0,00 ^{ns}	-1,66 ^{ns}	-2,24 [*]	-0,58 ^{ns}
AP (cm pl ⁻¹)	3,39 ^{ns}	-3,33 ^{ns}	1,29 ^{**}		2.623,89 ^{**}	2,52 [*]	148,21 [*]	77,99 ^{ns}	-70,22 ^{ns}
AE (cm pl ⁻¹)	1,32 ^{ns}	9,25 ^{**}	0,92 [*]	219,90 ^{**}		7,40 ^{**}	199,87 ^{**}	139,73 [*]	-60,14 ^{ns}
PRE	0,00 ^{ns}	0,05 ^{**}	0,00 ^{ns}	0,25 ^{**}	0,67 ^{**}		0,56 ^{**}	0,43 [*]	-0,13 ^{ns}
FM (dias)	-2,27 ^{**}	0,50 ^{ns}	-0,14 ^{ns}	32,24 ^{**}	37,46 ^{**}	0,09 ^{**}		102,83 ^{**}	-22,60 ^{**}
FF (dias)	-2,16 ^{**}	1,34 ^{**}	-0,13 ^{ns}	23,82 ^{**}	29,67 ^{**}	0,07 ^{**}	11,58 ^{**}		25,15 ^{**}
IF (dias)	0,12 ^{ns}	0,84 ^{**}	0,02 ^{ns}	-8,42 ^{**}	-7,79 ^{**}	-0,02 ^{**}	-1,63 ^{**}	0,15 ^{ns}	

^{ns}, ^{*} e ^{**} não significativo, significativo a 0,05 e 0,01 de probabilidade pelo teste de Pillai adaptado por Silva (2015), respectivamente.

Teste de Pillai adaptado por Silva (2015) não realizado quando ao menos uma das estimativas de variâncias envolvidas não diferiu de zero.

Covariâncias multiplicados por 10².

4.9.3. Coeficientes de correlação

As estimativas dos coeficientes de correlação genética aditiva ($\hat{r}_{G_{xy}}$) foram significativas no grupo SE para 15 e 17 combinações de caracteres dois a dois, no grupo CE para 19 e 21 combinações e entre os grupos para 21 e 25 combinações para o TC₁ e TC₂, respectivamente, dentre as 36 combinações possíveis (Tabelas 31 a 33). Portanto, em geral, na presença de estresse hídrico e com a utilização da linhagem testadora L-04-05F houve maior frequência de estimativas dos $\hat{r}_{G_{xy}}$ significativas em relação à ausência de estresse hídrico e à utilização da linhagem testadora L-02-03D, respectivamente. Além disso, o número de estimativas dos $\hat{r}_{G_{xy}}$ significativas foi inferior ao das respectivas estimativas das $C\hat{o}n_{TC_{xy}}$ (Tabelas 25 a 27).

No grupo SE para o TC₁, o caráter PG apresentou magnitude do $\hat{r}_{G_{xy}}$ alta com PROL ($\hat{r}_{G_{xy}} \geq |0,70|$), moderada com os caracteres de estatura das plantas ($|0,40| \leq \hat{r}_{G_{xy}} < |0,70|$) e baixa com os caracteres do florescimento ($\hat{r}_{G_{xy}} < |0,40|$), sendo estas últimas negativas. Em geral, as magnitudes dos $\hat{r}_{G_{xy}}$ variaram de -0,51 entre os caracteres PROL e IF a 0,93 entre os caracteres AP e AE. Para o TC₂, o caráter PG apresentou magnitude do $\hat{r}_{G_{xy}}$ alta com PROL e AE, moderada com AP e PRE e baixa com FM, sendo esta última não significativa e todas positivas. As magnitudes dos $\hat{r}_{G_{xy}}$ variaram de -0,28 entre PROL e FF a 0,94 entre FM e FF (Tabela 31).

Para o TC₁ no grupo CE, a magnitude do $\hat{r}_{G_{xy}}$ do caráter PG com os demais se manteve alta para o caráter PROL, moderada para os caracteres de estatura das plantas e baixa para os caracteres do florescimento, sendo estas últimas negativas e não significativas para FM e IF. Em geral, as magnitudes dos $\hat{r}_{G_{xy}}$ variaram de -0,41 entre PROL e FF a 1,00 entre PG e PROL. Para o TC₂, o caráter PG apresentou magnitude do $\hat{r}_{G_{xy}}$ alta com PROL e IF, positiva e negativa, respectivamente, moderada com AP, FM e FF e baixa com o caráter AE, sendo esta última não significativa. As magnitudes dos $\hat{r}_{G_{xy}}$ variaram de -0,81 entre PG e IF a 0,95 entre FM e FF (Tabela 32).

Esses resultados mostram que, em geral, as magnitudes dos $\hat{r}_{G_{xy}}$ variaram na ausência e presença de estresse hídrico para ambos TC₁ e TC₂, porém de forma mais pronunciada para o TC₂. Além disso, apesar das estimativas dos $\hat{r}_{G_{xy}}$ apresentarem sentidos semelhantes para o TC₁ e TC₂, as magnitudes dos $\hat{r}_{G_{xy}}$ foram frequentemente discrepantes nos dois grupos de testecrosses (Tabelas 31 a 33). Portanto, tanto os diferentes testadores como a presença ou ausência do estresse hídrico afetaram as magnitudes dos $\hat{r}_{G_{xy}}$.

As estimativas dos $\hat{r}_{G_{xy}}$, obtidas com base nas análises de covariâncias e variâncias conjuntas entre os grupos para o caráter PG do TC₁, apresentaram alta magnitude com o caráter PROL, magnitudes moderadas com os caracteres AP e AE e baixas magnitudes com PRE, FF e IF, variando no geral de -0,50 entre PROL e IF a 0,93 entre PG e PROL. Para o TC₂, as magnitudes dos $\hat{r}_{G_{xy}}$ do caráter PG foram altas com PROL e IF, positiva e negativa, respectivamente, moderadas com AP e AE e baixas com os demais caracteres. De modo geral, as estimativas dos $\hat{r}_{G_{xy}}$ variaram de -0,77 entre PG e IF a 0,94 entre FM e FF (Tabela 33).

Tabela 31. Estimativas dos coeficientes de correlação fenotípica (acima da diagonal), correlação genética aditiva (abaixo da diagonal) e respectivas significâncias envolvendo os caracteres produção de grãos (PG), acamamento e quebramento de plantas (ACQ), prolificidade (PROL), altura da planta (AP), altura da espiga (AE), posição relativa da espiga (PRE), florescimento masculino (FM), florescimento feminino (FF) e intervalo entre florescimentos (IF) em testecrosses provenientes dos testadores L-02-03D (TC₁) e L-04-05F (TC₂), para o grupo de ambientes sem estresse hídrico (SE)

Caráter	TC ₁								
	PG (t ha ⁻¹)	ACQ (%)	PROL (esp pl ⁻¹)	AP (cm pl ⁻¹)	AE (cm pl ⁻¹)	PRE	FM (dias)	FF (dias)	IF (dias)
PG (t ha ⁻¹)		-0,22*	0,78**	0,51**	0,51**	0,34**	-0,31**	-0,39**	0,00
ACQ (%)	0,00		-0,21*	0,00	0,00	0,00	-0,22*	0,00	0,00
PROL (esp pl ⁻¹)	0,85**	0,00		0,23*	0,23*	0,00	-0,33**	-0,42**	0,00
AP (cm pl ⁻¹)	0,54**	0,00	0,28**		0,90**	0,44**	0,00	0,00	0,00
AE (cm pl ⁻¹)	0,56**	0,00	0,26 ⁺	0,93**		0,78**	0,00	0,00	0,00
PRE	0,42**	0,00	0,00	0,51**	0,80**		0,00	0,00	0,00
FM (dias)	0,00	0,00	-0,21 ^{ns}	0,00	0,22 ^{ns}	0,00		0,81**	-0,29**
FF (dias)	-0,31*	0,00	-0,42**	0,00	0,21 ^{ns}	0,00	0,90**		0,33**
IF (dias)	-0,36*	0,00	-0,51*	0,00	0,00	0,00	0,00	0,36 ⁺	

Caráter	TC ₂								
	PG (t ha ⁻¹)	ACQ (%)	PROL (esp pl ⁻¹)	AP (cm pl ⁻¹)	AE (cm pl ⁻¹)	PRE	FM (dias)	FF (dias)	IF (dias)
PG (t ha ⁻¹)		0,00	0,76**	0,50**	0,52**	0,35**	0,00	-0,30**	-0,32**
ACQ (%)	0,00		0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
PROL (esp pl ⁻¹)	0,83**	0,00		0,28**	0,33**	0,28**	0,00	-0,28**	-0,23*
AP (cm pl ⁻¹)	0,66**	0,00	0,40**		0,86**	0,36**	0,00	0,00	0,00
AE (cm pl ⁻¹)	0,73**	0,00	0,52**	0,88**		0,79**	0,00	0,00	-0,24*
PRE	0,58**	0,00	0,49**	0,44**	0,81**		0,22*	0,00	-0,23*
FM (dias)	0,21 ^{ns}	0,00	0,00	0,46**	0,62**	0,61**		0,82**	-0,30**
FF (dias)	0,00	0,00	-0,28 ^{ns}	0,24 ⁺	0,34*	0,36*	0,94**		0,30**
IF (dias)	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	

^{ns}, ⁺, * e ** não significativo, significativo a 0,10, 0,05 e 0,01 de probabilidade pelo teste *t*, respectivamente.

Tabela 32. Estimativas dos coeficientes de correlação fenotípica (acima da diagonal), correlação genética aditiva (abaixo da diagonal) e respectivas significâncias envolvendo os caracteres produção de grãos (PG), acamamento e quebramento de plantas (ACQ), prolificidade (PROL), altura da planta (AP), altura da espiga (AE), posição relativa da espiga (PRE), florescimento masculino (FM), florescimento feminino (FF) e intervalo entre florescimentos (IF) em testecrosses provenientes dos testadores L-02-03D (TC₁) e L-04-05F (TC₂), para o grupo de ambientes com estresse hídrico (CE)

Caráter	TC ₁								
	PG (t ha ⁻¹)	ACQ (%)	PROL (esp pl ⁻¹)	AP (cm pl ⁻¹)	AE (cm pl ⁻¹)	PRE	FM (dias)	FF (dias)	IF (dias)
PG (t ha ⁻¹)		0,00	0,90**	0,63**	0,53**	0,22*	-0,36**	-0,41**	0,00
ACQ (%)	0,00		0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
PROL (esp pl ⁻¹)	1,00**	0,00		0,54**	0,46**	0,00	-0,42**	-0,48**	0,00
AP (cm pl ⁻¹)	0,62**	0,00	0,57**		0,88**	0,39**	0,00	0,00	0,00
AE (cm pl ⁻¹)	0,47**	0,00	0,41*	0,85**		0,78**	0,00	0,00	0,00
PRE	0,00	0,00	0,00	0,26+	0,73**		0,00	0,00	0,00
FM (dias)	-0,21 ^{ns}	0,00	-0,30+	0,35*	0,48**	0,38*		0,89**	0,00
FF (dias)	-0,29+	0,00	-0,41*	0,39**	0,47**	0,31*	0,95**		0,37**
IF (dias)	-0,28 ^{ns}	0,00	-0,39+	0,00	0,00	0,00	0,00	0,26 ^{ns}	

Caráter	TC ₂								
	PG (t ha ⁻¹)	ACQ (%)	PROL (esp pl ⁻¹)	AP (cm pl ⁻¹)	AE (cm pl ⁻¹)	PRE	FM (dias)	FF (dias)	IF (dias)
PG (t ha ⁻¹)		0,00	0,79**	0,55**	0,44**	0,20*	-0,40**	-0,53**	-0,38**
ACQ (%)	0,00		0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
PROL (esp pl ⁻¹)	0,84**	0,00		0,45**	0,43**	0,27**	-0,41**	-0,50**	-0,28**
AP (cm pl ⁻¹)	0,44*	0,00	0,40*		0,87**	0,46**	0,00	0,00	0,00
AE (cm pl ⁻¹)	0,27 ^{ns}	0,00	0,40*	0,83**		0,83**	0,00	0,00	0,00
PRE	0,00	0,00	0,26 ^{ns}	0,43**	0,86**		0,00	0,00	0,00
FM (dias)	-0,42**	0,00	-0,52**	0,44*	0,57**	0,55**		0,88**	0,00
FF (dias)	-0,63**	0,00	-0,64**	0,41*	0,43**	0,36*	0,95**		0,46**
IF (dias)	-0,81**	0,00	-0,60*	0,00	0,00	-0,33 ^{ns}	0,27 ^{ns}	0,57**	

^{ns}, +, * e ** não significativo, significativo a 0,10, 0,05 e 0,01 de probabilidade pelo teste *t*, respectivamente.

Tabela 33. Estimativas dos coeficientes de correlação fenotípica (acima da diagonal), correlação genética aditiva (abaixo da diagonal) e respectivas significâncias envolvendo os caracteres produção de grãos (PG), acamamento e quebramento de plantas (ACQ), prolificidade (PROL), altura da planta (AP), altura da espiga (AE), posição relativa da espiga (PRE), florescimento masculino (FM), florescimento feminino (FF) e intervalo entre florescimentos (IF) em testecrosses provenientes dos testadores L-02-03D (TC₁) e L-04-05F (TC₂), entre os grupos de ambientes (EG)

Caráter	TC ₁								
	PG (t ha ⁻¹)	ACQ (%)	PROL (esp pl ⁻¹)	AP (cm pl ⁻¹)	AE (cm pl ⁻¹)	PRE	FM (dias)	FF (dias)	IF (dias)
PG (t ha ⁻¹)		0,00	0,87**	0,55**	0,51**	0,26**	-0,27**	-0,36**	-0,21*
ACQ (%)	0,00		0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
PROL (esp pl ⁻¹)	0,93**	0,00		0,39**	0,35**	0,00	-0,35**	-0,46**	-0,28**
AP (cm pl ⁻¹)	0,56**	0,00	0,40**		0,89**	0,40**	0,00	0,00	0,00
AE (cm pl ⁻¹)	0,51**	0,00	0,35**	0,90**		0,76**	0,00	0,00	0,00
PRE	0,25*	0,00	0,00	0,39**	0,75**		0,00	0,00	0,00
FM (dias)	0,00	0,00	-0,27*	0,27*	0,32**	0,25+		0,87**	0,00
FF (dias)	-0,30*	0,00	-0,45**	0,31*	0,32**	0,00	0,91**		0,40**
IF (dias)	-0,34*	0,00	-0,50**	0,00	0,00	0,00	0,00	0,42**	

Caráter	TC ₂								
	PG (t ha ⁻¹)	ACQ (%)	PROL (esp pl ⁻¹)	AP (cm pl ⁻¹)	AE (cm pl ⁻¹)	PRE	FM (dias)	FF (dias)	IF (dias)
PG (t ha ⁻¹)		0,00	0,76**	0,52**	0,51**	0,30**	0,00	-0,33**	-0,37**
ACQ (%)	0,24 ^{ns}		0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
PROL (esp pl ⁻¹)	0,77**	0,38+		0,29**	0,33**	0,27**	0,00	-0,30**	-0,30**
AP (cm pl ⁻¹)	0,57**	0,00	0,28*		0,86**	0,38**	0,21*	0,00	0,00
AE (cm pl ⁻¹)	0,58**	0,00	0,36**	0,86**		0,79**	0,31**	0,00	-0,21*
PRE	0,36**	0,00	0,32*	0,38**	0,80**		0,31**	0,00	-0,30**
FM (dias)	0,00	0,00	0,00	0,47**	0,61**	0,55**		0,88**	0,00
FF (dias)	-0,28*	0,00	-0,29*	0,40**	0,45**	0,33**	0,94**		0,32**
IF (dias)	-0,77**	0,00	-0,59**	0,00	-0,40*	-0,58**	0,00	0,32+	

^{ns}, +, * e ** não significativo, significativo a 0,10, 0,05 e 0,01 de probabilidade pelo teste *t*, respectivamente.

A elevada magnitude positiva do $\hat{r}_{G_{sy}}$ entre os caracteres PG e PROL está de acordo com os relatos da literatura para ambientes sem e com estresse hídrico (Bolaños and Edmeades 1996; Câmara et al. 2007). Assim como observado neste trabalho, Bolaños and Edmeades (1996) reportaram maiores magnitudes dos coeficientes de correlação genética entre PG e PROL em ambientes com estresse hídrico em relação aos ambientes sem estresse. Também, a elevada magnitude negativa do $\hat{r}_{G_{sy}}$ entre os caracteres PG e IF, observada para o TC₂ no grupo CE, está de acordo com os relatos para milho em condições de déficit hídrico (Bolaños and Edmeades 1996; Ziyomo and Bernardo 2013). No entanto, para os testecrosses provenientes da linhagem testadora L-02-03D (TC₁), as magnitudes dos $\hat{r}_{G_{sy}}$ entre PG e IF foram baixas. Câmara et al. (2007), avaliando progênies F_{2:3} de uma população cuja linhagem L-02-03D foi utilizada como genitora, também relataram baixas magnitudes dos $\hat{r}_{G_{sy}}$ entre PG e IF.

Segundo Bolaños and Edmeades (1996), genótipos de milho com maior PROL e menor IF estão altamente associados com maior produção de grãos em condições de estresse hídrico e, portanto, esses caracteres secundários devem ser considerados em programas de melhoramento visando aumentar a eficiência de seleção de genótipos superiores sob déficit hídrico. Neste sentido, a construção de índices de seleção que combinem informações de caracteres altamente relacionados com a tolerância ao déficit hídrico, como os caracteres PG, PROL e IF, pode ser uma forma de aumentar a eficiência de seleção para essa condição ambiental (Ziyomo and Bernardo 2013).

Em geral, as magnitudes dos $\hat{r}_{G_{sy}}$ obtidas com base nas análises de covariâncias e variâncias conjuntas entre os grupos de ambientes envolvendo o caráter PG estão de acordo com as reportadas na literatura. Bolaños and Edmeades (1996) relataram correlação genética entre PG e ACQ de baixa magnitude e não significativa em ambientes sem e com estresse hídrico, já entre PG e PROL, a correlação genética foi de alta magnitude. Silva et al. (2004) reportaram correlação genética aditiva entre PG e AP de moderada magnitude e entre PG e PRE de baixa magnitude. Câmara et al. (2007) relataram correlação genética de baixa a moderada magnitude entre PG e os caracteres do florescimento, enquanto Ziyomo and Bernardo (2013) reportaram alta magnitude da correlação genética aditiva entre PG e IF, como também observado neste estudo. No entanto, as magnitudes dos $\hat{r}_{G_{sy}}$ deste trabalho podem estar afetadas pela presença de desequilíbrio de ligação, uma vez que este foi detectado para diversos caracteres na população (Comstock and Robinson 1952). Além disso, com base nas análises de covariâncias, várias combinações de caracteres que apresentaram estimativas dos $\hat{r}_{G_{sy}}$ significativas, também apresentaram PM_{sy} significativos para a fonte TC x C₁ (ANEXOS Z a CCC; Tabelas 2 a 10).

A presença de correlação genética entre os pares de caracteres indica a presença de locos com efeitos pleiotrópicos na população (Bernardo 2010) e, portanto, os efeitos pleiotrópicos foram afetados pelos diferentes testadores e pela presença ou ausência do estresse hídrico. Alterações nos coeficientes de correlação genética entre caracteres em função de diferenças no *background* genético, como diferentes testadores, podem ocorrer quando locos pleiotrópicos interagem com outros locos e o efeito desta interação é diferencial entre os caracteres, sendo isto referido como epistasia diferencial (Cheverud et al. 2004) ou epistasia pleiotrópica (Wolf et al. 2005). Além disso, a presença de epistasia pode influenciar os efeitos pleiotrópicos de forma variada quando diferentes interações epistáticas ocorrem entre locos que afetam múltiplos caracteres (Mackay et al. 2009) e, como visto, a ocorrência de interação epistasia x testador neste trabalho indica que os testadores diferem em relação aos locos envolvidos em

interações inter-alélicas (Gorsline 1961). Também, a ocorrência de correlação epistática entre caracteres pode influenciar as magnitudes das correlações genéticas entre os caracteres (Wolf et al. 2005).

Pavličev and Cheverud (2015) relataram que a correlação genética entre dois caracteres não depende apenas do *background* genético, mas também do ambiente, uma vez que a interação locos pleiotrópicos x ambientes pode modificar o efeito genético desses locos de forma diferencial entre os caracteres, resultando em alterações nas correlações genéticas em diferentes ambientes.

As magnitudes dos coeficientes de correlação fenotípica ($\hat{r}_{\overline{F}_{xy}}$) no grupo SE envolvendo o caráter PG para o TC₁ foram, em geral, pouco menores em relação às magnitudes dos $\hat{r}_{G_{xy}}$. No grupo CE, com exceção do caráter PROL, o inverso foi observado, sendo as magnitudes dos $\hat{r}_{\overline{F}_{xy}}$ envolvendo o caráter PG pouco maiores em relação às magnitudes dos $\hat{r}_{G_{xy}}$ (Tabelas 31 e 32).

Para o TC₂ no grupo SE, as magnitudes dos $\hat{r}_{\overline{F}_{xy}}$ envolvendo o caráter PG também foram menores que as respectivas $\hat{r}_{G_{xy}}$, porém com uma discrepância maior entre as magnitudes dos $\hat{r}_{\overline{F}_{xy}}$ e $\hat{r}_{G_{xy}}$ envolvendo PG e os caracteres de estatura das plantas. Enquanto que, no grupo CE, as magnitudes dos $\hat{r}_{\overline{F}_{xy}}$ entre PG e caracteres de estatura das plantas foram maiores que as respectivas $\hat{r}_{G_{xy}}$. Para os demais caracteres em combinação com o caráter PG, as magnitudes dos $\hat{r}_{\overline{F}_{xy}}$ foram menores do que as respectivas magnitudes dos $\hat{r}_{G_{xy}}$. Ressalte-se que a magnitude do $\hat{r}_{\overline{F}_{xy}}$ entre PG e IF foi muito inferior à respectiva magnitude do $\hat{r}_{G_{xy}}$ (Tabelas 31 e 32).

As estimativas dos coeficientes de correlação epistática total ($\hat{r}_{Z_{xy}}$) foram significativas no grupo SE apenas para seis e dez combinações de caracteres dois a dois, no grupo CE para quatro e oito combinações e entre os grupos para 11 e 11 combinações para o TC₁ e TC₂, respectivamente, dentre as 36 combinações possíveis (Tabelas 34 a 36). Portanto, o número de estimativas dos $\hat{r}_{Z_{xy}}$ significativas foi inferior ao das respectivas estimativas dos $\hat{r}_{G_{xy}}$ significativas (Tabelas 31 a 33).

Para o TC₁ no grupo SE, as estimativas dos $\hat{r}_{Z_{xy}}$ envolvendo o caráter PG foram de alta magnitude com o caráter PROL, moderada com os caracteres AE e PRE e baixa com o caráter AP, sendo esta última não significativa e todas positivas. Em geral, as magnitudes dos $\hat{r}_{Z_{xy}}$ variaram de -0,30 entre PROL e FM a 0,90 entre PG e PROL. As estimativas dos $\hat{r}_{Z_{xy}}$ entre AE e PRE e entre FM e FF também apresentaram alta magnitude. Para o TC₂, a estimativa do $\hat{r}_{Z_{xy}}$ do caráter PG também foi de alta magnitude com o caráter PROL, porém de baixa magnitude com os caracteres AE e PRE, sendo estas últimas não significativas e todas positivas. As magnitudes dos $\hat{r}_{Z_{xy}}$ variam de 0,27 entre PRE e FM a 0,92 entre FM e FF. Os pares de caracteres APAE e AEPRE também apresentam altas magnitudes dos $\hat{r}_{Z_{xy}}$ (Tabela 34).

No grupo CE, o TC₁ apresentou magnitudes dos $\hat{r}_{Z_{xy}}$ altas entre PG e PROL, AP e AE e entre AE e PRE, moderada entre PG e AP e baixa entre PG e AE, sendo esta última não significativa e todas positivas. As magnitudes dos $\hat{r}_{Z_{xy}}$ variaram de 0,32 entre PG e AE a 0,87 entre PG e PROL. Para o TC₂, as estimativas dos $\hat{r}_{Z_{xy}}$ envolvendo o caráter PG apresentaram alta magnitude com os caracteres PROL e FF, positiva e negativa,

respectivamente, moderada e negativa com FM e baixa e positiva com AP, sendo esta última não significativa. Em geral, as magnitudes dos $\hat{r}_{Z_{xy}}$ variaram de -0,70 entre PG e FF a 0,99 entre FM e FF (Tabela 35).

As estimativas dos $\hat{r}_{Z_{xy}}$ obtidas das análises de covariâncias conjuntas entre os grupos para o TC₁ envolvendo o caráter PG apresentaram alta magnitude com o caráter PROL, moderada com o caráter FM (não significativa) e baixa com os caracteres AP e AE, todas positivas. Em geral, as magnitudes dos $\hat{r}_{Z_{xy}}$ variaram de 0,34 entre PG e AP ou AE a 0,89 entre FM e FF. Os pares de caracteres APAE, AEPRE, AEFM e AEFF também apresentaram altas magnitudes dos $\hat{r}_{Z_{xy}}$. Para o TC₂, as estimativas dos $\hat{r}_{Z_{xy}}$ envolvendo o caráter PG apresentaram alta magnitude e positiva com o caráter PROL e baixas magnitudes e negativas com os caracteres ACQ, FM e FF, sendo estas últimas não significativas. As magnitudes dos $\hat{r}_{Z_{xy}}$ variaram de -0,38 entre AP e IF a 0,93 entre FM e FF. As estimativas dos $\hat{r}_{Z_{xy}}$ entre AP e AE e entre AE e PRE também apresentaram altas magnitudes (Tabela 36).

As estimativas dos coeficientes de correlação utilizando as estimativas dos efeitos epistáticos de testecrosses referentes às plantas F₂ ($\hat{r}_{Zi_{xy}}$) apresentaram o mesmo sinal e, em geral, magnitudes similares às respectivas estimativas dos $\hat{r}_{Z_{xy}}$. No entanto, para algumas combinações de caracteres, enquanto as magnitudes dos $\hat{r}_{Zi_{xy}}$ diferiram de zero, as respectivas estimativas dos $\hat{r}_{Z_{xy}}$ não diferiram de zero e vice-versa. Por exemplo, no grupo SE para o TC₁, as estimativas dos $\hat{r}_{Zi_{xy}}$ para o caráter PG em combinação com AP e FF foram significativas, ao contrário do observado para as respectivas estimativas dos $\hat{r}_{Z_{xy}}$. Para o TC₂, as estimativas dos $\hat{r}_{Zi_{xy}}$ de PG com FF e IF foram significativas, enquanto as respectivas estimativas dos $\hat{r}_{Z_{xy}}$ não puderam ser obtidas. No grupo CE, as estimativas dos $\hat{r}_{Zi_{xy}}$ de PG com ACQ, AE e caracteres do florescimento para o TC₁ e de PG com ACQ e AP para o TC₂ foram significativas, ao contrário das respectivas estimativas dos $\hat{r}_{Z_{xy}}$. Considerando as médias gerais, entre os grupos, as magnitudes dos $\hat{r}_{Zi_{xy}}$ de PG com ACQ, FF e IF para o TC₁ e de PG com ACQ, FM e FF para o TC₂ diferiram de zero, enquanto as respectivas magnitudes dos $\hat{r}_{Z_{xy}}$ não diferiram (Tabelas 34 a 36). Portanto, esses resultados mostram que a obtenção de ambas as estimativas dos $\hat{r}_{Zi_{xy}}$ e $\hat{r}_{Z_{xy}}$ elevaram a detecção de correlações epistáticas significativas entre os caracteres.

De modo geral, a maioria das combinações de pares de caracteres apresentaram as magnitudes dos $\hat{r}_{Z_{xy}}$ e $\hat{r}_{Zi_{xy}}$ inferiores às respectivas estimativas dos $\hat{r}_{G_{xy}}$. No entanto, para algumas combinações de caracteres, como entre PG e PROL no grupo SE para o TC₁ e TC₂ e entre PG e FM no grupo CE para o TC₂, as magnitudes dos $\hat{r}_{Z_{xy}}$ foram maiores do que as respectivas magnitudes dos $\hat{r}_{G_{xy}}$ (Tabelas 31 a 36).

Tabela 34. Estimativas dos coeficientes de correlação dos efeitos epistáticos estimados de testecrosses referentes às plantas F₂ (acima da diagonal), correlação epistática total (abaixo da diagonal) e respectivas significâncias envolvendo os caracteres produção de grãos (PG), acamamento e quebramento de plantas (ACQ), prolificidade (PROL), altura da planta (AP), altura da espiga (AE), posição relativa da espiga (PRE), florescimento masculino (FM), florescimento feminino (FF) e intervalo entre florescimentos (IF) em testecrosses provenientes dos testadores L-02-03D (TC₁) e L-04-05F (TC₂), para o grupo de ambientes sem estresse hídrico (SE)

Caráter	TC ₁								
	PG (t ha ⁻¹)	ACQ (%)	PROL (esp pl ⁻¹)	AP (cm pl ⁻¹)	AE (cm pl ⁻¹)	PRE	FM (dias)	FF (dias)	IF (dias)
PG (t ha ⁻¹)		0,00	0,79**	0,26**	0,31**	0,00	0,00	-0,31**	0,00
ACQ (%)	0,00		0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
PROL (esp pl ⁻¹)	0,90**	0,00		0,00	0,00	0,00	-0,24*	-0,29**	0,00
AP (cm pl ⁻¹)	0,31 ^{ns}	0,00	0,20 ^{ns}		0,67**	0,00	0,00	0,00	0,00
AE (cm pl ⁻¹)	0,58*	0,00	0,00	0,65*		0,78**	0,00	0,00	0,00
PRE	0,49 ⁺	0,00	0,00	0,00	0,73*		0,00	0,00	0,00
FM (dias)	0,00	0,00	-0,30 ^{ns}	0,30 ^{ns}	0,00	0,27 ^{ns}		0,66**	-0,38**
FF (dias)	0,00	0,00	-0,28 ^{ns}	0,36 ^{ns}	0,00	0,00	0,84**		0,43**
IF (dias)	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	

Caráter	TC ₂								
	PG (t ha ⁻¹)	ACQ (%)	PROL (esp pl ⁻¹)	AP (cm pl ⁻¹)	AE (cm pl ⁻¹)	PRE	FM (dias)	FF (dias)	IF (dias)
PG (t ha ⁻¹)		0,00	0,69**	0,00	0,00	0,00	0,00	-0,31**	-0,21*
ACQ (%)	0,00		0,00	0,00	0,00	0,27**	0,00	0,00	0,00
PROL (esp pl ⁻¹)	0,85*	0,00		0,00	0,00	0,00	0,00	-0,21*	-0,24*
AP (cm pl ⁻¹)	0,00	0,00	0,35 ^{ns}		0,80**	0,29**	0,00	0,00	0,00
AE (cm pl ⁻¹)	0,30 ^{ns}	0,00	0,39 ^{ns}	0,86**		0,81**	0,00	0,00	0,00
PRE	0,35 ^{ns}	0,00	0,29 ^{ns}	0,48*	0,86**		0,00	0,00	0,00
FM (dias)	0,00	0,00	0,00	0,44*	0,46*	0,27 ^{ns}		0,72**	-0,44**
FF (dias)	0,00	0,61*	0,00	0,68**	0,66**	0,36 ^{ns}	0,92**		0,31**
IF (dias)	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	

^{ns}, ⁺, * e ** não significativo, significativo a 0,10, 0,05 e 0,01 de probabilidade pelo teste *t*, respectivamente.

Tabela 35. Estimativas dos coeficientes de correlação dos efeitos epistáticos estimados de testecrosses referentes às plantas F₂ (acima da diagonal), correlação epistática total (abaixo da diagonal) e respectivas significâncias envolvendo os caracteres produção de grãos (PG), acamamento e quebramento de plantas (ACQ), prolificidade (PROL), altura da planta (AP), altura da espiga (AE), posição relativa da espiga (PRE), florescimento masculino (FM), florescimento feminino (FF) e intervalo entre florescimentos (IF) em testecrosses provenientes dos testadores L-02-03D (TC₁) e L-04-05F (TC₂), para o grupo de ambientes com estresse hídrico (CE)

Caráter	TC ₁								
	PG (t ha ⁻¹)	ACQ (%)	PROL (esp pl ⁻¹)	AP (cm pl ⁻¹)	AE (cm pl ⁻¹)	PRE	FM (dias)	FF (dias)	IF (dias)
PG (t ha ⁻¹)		-0,22*	0,79**	0,51**	0,38**	0,00	-0,27**	-0,42**	-0,28**
ACQ (%)	0,00		0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,22*	0,26**
PROL (esp pl ⁻¹)	0,87**	0,00		0,21*	0,00	0,00	-0,24*	-0,35**	-0,22*
AP (cm pl ⁻¹)	0,52*	0,00	0,00		0,76**	0,00	0,00	0,00	0,00
AE (cm pl ⁻¹)	0,32 ^{ns}	0,00	0,00	0,82**		0,74**	0,00	0,00	0,00
PRE	0,00	0,00	0,00	0,00	0,71*		0,00	0,00	0,00
FM (dias)	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00		0,81**	0,00
FF (dias)	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00		0,42**
IF (dias)	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	

Caráter	TC ₂								
	PG (t ha ⁻¹)	ACQ (%)	PROL (esp pl ⁻¹)	AP (cm pl ⁻¹)	AE (cm pl ⁻¹)	PRE	FM (dias)	FF (dias)	IF (dias)
PG (t ha ⁻¹)		-0,23*	0,76**	0,29**	0,00	0,00	-0,47**	-0,53**	0,00
ACQ (%)	0,00		-0,20*	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
PROL (esp pl ⁻¹)	0,78**	0,00		0,30**	0,00	0,00	-0,42**	-0,45**	0,00
AP (cm pl ⁻¹)	0,26 ^{ns}	0,00	0,49 ⁺		0,81**	0,00	0,00	0,00	-0,21*
AE (cm pl ⁻¹)	0,00	0,00	0,00	0,00		0,73**	0,00	0,00	-0,27**
PRE	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00		0,00	0,00	-0,22*
FM (dias)	-0,66**	0,00	-0,51*	0,00	0,59*	0,00		0,82**	0,00
FF (dias)	-0,70**	0,00	-0,48*	0,00	0,00	0,00	0,99**		0,47**
IF (dias)	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	

^{ns}, ⁺, * e ** não significativo, significativo a 0,10, 0,05 e 0,01 de probabilidade pelo teste *t*, respectivamente.

Tabela 36. Estimativas dos coeficientes de correlação dos efeitos epistáticos estimados de testecrosses referentes às plantas F₂ (acima da diagonal), correlação epistática total (abaixo da diagonal) e respectivas significâncias envolvendo os caracteres produção de grãos (PG), acamamento e quebramento de plantas (ACQ), prolificidade (PROL), altura da planta (AP), altura da espiga (AE), posição relativa da espiga (PRE), florescimento masculino (FM), florescimento feminino (FF) e intervalo entre florescimentos (IF) em testecrosses provenientes dos testadores L-02-03D (TC₁) e L-04-05F (TC₂), entre os grupos de ambientes (EG)

Caráter	TC ₁								
	PG (t ha ⁻¹)	ACQ (%)	PROL (esp pl ⁻¹)	AP (cm pl ⁻¹)	AE (cm pl ⁻¹)	PRE	FM (dias)	FF (dias)	IF (dias)
PG (t ha ⁻¹)		-0,22 *	0,83 **	0,38 **	0,31 **	0,00	0,00	-0,24 *	-0,21 *
ACQ (%)	0,00		-0,21 *	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
PROL (esp pl ⁻¹)	0,88 **	0,00		0,00	0,00	0,00	0,00	-0,23 *	0,00
AP (cm pl ⁻¹)	0,34 +	0,00	0,00		0,76 **	0,00	0,00	0,00	0,00
AE (cm pl ⁻¹)	0,34 +	0,00	0,00	0,80 **		0,75 **	0,00	0,00	0,00
PRE	0,00	0,00	0,00	0,00	0,73 **		0,00	0,00	0,00
FM (dias)	0,43 ^{ns}	0,00	0,00	0,60 *	0,82 **	0,57 ^{ns}		0,75 **	-0,22 *
FF (dias)	0,00	0,00	0,00	0,48 *	0,70 *	0,56 +	0,89 **		0,47 **
IF (dias)	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	

Caráter	TC ₂								
	PG (t ha ⁻¹)	ACQ (%)	PROL (esp pl ⁻¹)	AP (cm pl ⁻¹)	AE (cm pl ⁻¹)	PRE	FM (dias)	FF (dias)	IF (dias)
PG (t ha ⁻¹)		-0,21 *	0,73 **	0,00	0,00	0,00	-0,27 **	-0,34 **	0,00
ACQ (%)	-0,29 ^{ns}		-0,21 *	0,00	0,00	0,26 **	0,00	0,00	0,00
PROL (esp pl ⁻¹)	0,81 **	-0,31 ^{ns}		0,20 *	0,00	0,00	0,00	-0,26 *	0,00
AP (cm pl ⁻¹)	0,00	0,00	0,30 ^{ns}		0,77 **	0,23 *	0,21 *	0,00	0,00
AE (cm pl ⁻¹)	0,00	0,37 ^{ns}	0,23 ^{ns}	0,77 **		0,80 **	0,31 **	0,22 *	0,00
PRE	0,00	0,68 *	0,00	0,28 ^{ns}	0,83 **		0,27 **	0,20 *	0,00
FM (dias)	-0,31 ^{ns}	0,00	0,00	0,54 **	0,64 **	0,50 *		0,81 **	-0,29 **
FF (dias)	-0,31 ^{ns}	0,28 ^{ns}	0,00	0,42 +	0,54 **	0,42 *	0,93 **		0,32 **
IF (dias)	0,00	0,45 ^{ns}	0,00	-0,38 ^{ns}	-0,36 ^{ns}	-0,28 ^{ns}	-0,34 ^{ns}	0,00	

^{ns}, +, * e ** não significativo, significativo a 0,10, 0,05 e 0,01 de probabilidade pelo teste *t*, respectivamente.

As correlações epistáticas entre caracteres indicam a presença de epistasia pleiotrópica, em que há interações entre locos pleiotrópicos afetando a coexpressão de múltiplos caracteres e/ou há locos individuais com efeitos pleiotrópicos que são dependentes de alelos presentes em outros locos e, assim, a epistasia pode alterar a correlação genética entre caracteres (Cheverud et al. 2004; Wolf et al. 2005) (Figura 1).

Figura 1. Exemplos de epistasia pleiotrópica. (a) O loco a afeta o caráter X e o loco b o caráter Y, porém a interação inter-alélica afeta a expressão de ambos os caracteres, X e Y; (b) O loco a é pleiotrópico para os caracteres X e Y e o loco b afeta o caráter Y, porém a interação inter-alélica afeta a expressão de ambos os caracteres, X e Y; (c) O loco a é pleiotrópico para os caracteres X e Y, porém seu efeito pleiotrópico é afetado pela interação com o loco b; (d) Os locos a e b são pleiotrópicos e afetam os caracteres X e Y, porém a interação inter-alélica também afeta a expressão de ambos os caracteres, X e Y.

Fonte: Baseado em Armbruster et al. (2014), Cheverud et al. (2004) e Wolf et al. (2005).

No entanto, segundo Wolf et al. (2005), a epistasia pleiotrópica pode ocorrer para diversos pares de caracteres sem nenhum impacto sobre a covariância e, consequentemente, sobre a correlação entre os caracteres, uma vez que para afetar as covariâncias, ambos os caracteres devem apresentar significância para o mesmo componente epistático ($a \times a$, $a \times d$, $d \times a$ ou $d \times d$), ou seja, uma interação inter-alélica afetando dois caracteres pode resultar em epistasia $a \times a$ para um caráter, mas epistasia $a \times d$ para o outro, o que não afetaria a covariância entre esses caracteres, devido aos componentes epistáticos serem independentes (Leamy et al. 2011). Contudo, como no delineamento TTC com testadores apenas a epistasia $a \times a$ é explorada, toda a epistasia pleiotrópica pode impactar a correlação entre caracteres, ao contrário do delineamento TTC com dados de progênies *per se*, em que pode haver epistasia pleiotrópica, porém sem impactar na correlação genética entre caracteres.

Na literatura não foram encontrados relatos que confirmem a detecção de epistasia pleiotrópica para caracteres quantitativos de importância agrônômica em milho ou outras espécies vegetais, sendo o efeito da epistasia sobre a covariância e correlação entre caracteres raramente considerado. No entanto, Yi et al. (2011), analisando mutantes em milho, reportaram que o mutante *thk1* é epistático sobre o mutante *dek1*, afetando múltiplos caracteres do grão, cuja expressão é regulada pleiotropicamente. O efeito epistático do *thk1* sobre *dek1* foi confirmado por marcadores genéticos, regulando a formação de aleurona, acumulação de carotenoides e proteínas de reservas relacionadas à textura do endosperma (gamma zeínas), caracteres relacionados à qualidade dos grãos. Também para caracteres dos grãos, Cheverud et al. (2004) fazem inferência de que os efeitos pleiotrópicos para o teor de lisina e textura do endosperma presentes no mutante de milho opaco-2 foram alterados de forma diferencial entre esses caracteres em diferentes *backgrounds* genéticos devido às interações epistáticas (epistasia pleiotrópica), permitindo selecionar genótipos com alto teor de lisina e textura desejável de endosperma.

A detecção de epistasia para mais de um caráter simultaneamente em genótipos de milho tem sido reportada para diversas combinações de caracteres de importância agrônômica (Díaz 2011; Mendoza 2011; Silva

2011; Morais 2012), o que sugere indícios de epistasia pleiotrópica. No entanto, não foram obtidas estimativas de variâncias, covariâncias e correlações epistáticas para analisar a presença de epistasia pleiotrópica de forma estatisticamente significativa por esses autores. Além disso, segundo Pavlicev et al. (2011a), quando múltiplos caracteres são afetados simultaneamente pela epistasia, podem ocorrer alterações nas variâncias genéticas desses caracteres de forma diferencial, provocando mudanças na correlação genética entre caracteres, sem necessariamente ocorrer alterações na covariância genética pela presença de covariância epistática. Portanto, os efeitos epistáticos podem afetar as variâncias e covariâncias de forma diferencial (Wolf et al. 2005; Wolf et al. 2006).

A epistasia pleiotrópica é também raramente considerada e analisada em outros organismos, sendo encontrados poucos relatos de sua detecção em alguns estudos realizados em camundongos (Wolf et al. 2005; Wolf et al. 2006; Pavlicev et al. 2008; Leamy et al. 2009; Leamy et al. 2011; Pavlicev et al. 2011b) e humanos (Zhang et al. 2016). Ressalte-se que esses autores detectaram epistasia pleiotrópica em nível molecular, não havendo relatos para a detecção de epistasia pleiotrópica utilizando delineamentos genéticos, como o TTC utilizado neste trabalho.

Wolf et al. (2005) reportaram que efeitos epistáticos com o mesmo sinal podem gerar covariância positiva, enquanto efeitos epistáticos com sinais opostos podem gerar covariância negativa. Neste trabalho foi observado que para a quase totalidade dos testecrosses que apresentaram efeitos epistáticos significativos no mesmo sentido para mais de um caráter, a covariância genética foi positiva, já quando os efeitos epistáticos apresentaram sentidos opostos, a covariância genética foi negativa (Tabelas 34 a 36; ANEXOS DDD a GGG). Assim, apesar de relativamente poucos testecrosses terem apresentado efeitos epistáticos significativos simultaneamente para mais de um caráter, a relação entre o sentido dos efeitos epistáticos e a magnitude destes efeitos sobre as médias dos caracteres reforça que a epistasia pode afetar a correlação genética entre caracteres.

No entanto, para uma mesma combinação de caracteres, alguns testecrosses apresentaram sinais dos efeitos epistáticos significativos no mesmo sentido, enquanto outros apresentaram sinais em sentidos opostos, isso ocorreu no grupo SE para o TC₁ entre os caracteres AP e PRE, para o TC₂ entre os caracteres PG e FM, AE e FM e entre PRE e FM e no grupo CE para o TC₁ entre os caracteres AP e PRE (ANEXOS DDD a FFF), indicando que a epistasia pode introduzir variação tanto no sentido como na magnitude dos efeitos pleiotrópicos quando observada entre os testecrosses referentes às plantas F₂, porém, é o efeito líquido da epistasia, ou seja, na média dos testecrosses para cada testador, que irá contribuir para a correlação entre caracteres (Wolf et al. 2005).

Segundo Pavlicev and Hansen (2011), uma estimativa do $\hat{r}_{G_{xy}}$ diferente de zero sugere a presença de pleiotropia, no entanto, a ausência de correlação não implica em ausência de pleiotropia, uma vez que diferentes locos pleiotrópicos podem resultar em covariâncias positivas ou negativas entre caracteres, as quais podem se anular. Assim, os resultados deste trabalho indicam que isso pode ser estendido para a epistasia pleiotrópica, em que estimativas de coeficientes de correlação epistática não significativas não implicam necessariamente na ausência de epistasia pleiotrópica, pois tanto os efeitos ao longo do genoma podem se anular, como entre testecrosses.

Através das análises gráficas de redes ponderadas dos coeficientes de correlações ocorreu a formação de agrupamentos relativamente estáveis para os caracteres PG e PROL, caracteres de estatura das plantas e para os caracteres do florescimento para todos os coeficientes de correlações. No entanto, houve grande variação da estrutura gráfica formada entre os agrupamentos para os diferentes coeficientes de correlações, testadores e grupos de ambientes (Figuras 2 a 5). Alterações da estrutura de correlações genéticas entre caracteres devido à epistasia podem ser úteis para os programas de melhoramento genético. Assis (2016) reportou que a seleção natural afetou a estrutura de covariâncias entre caracteres de esquilos, havendo uma reorganização da covariância na direção da seleção, o que pode ter ocorrido devido à epistasia pleiotrópica. Neste sentido, se diferentes genótipos diferem para a

covariância genética entre caracteres, ou seja, se houver epistasia pleiotrópica, é possível que a covariância possa ser alterada devido a seleção (Pavlicev et al. 2011b).

Além disso, esses resultados fornecem indícios da ocorrência de pleiotropia modular, em que a ligação entre caracteres dentro de módulos ou agrupamentos é mais frequente do que a ligação entre módulos (Figuras 2 a 5) (Wang et al. 2010). Segundo Cheverud et al. (2004), dois modelos de pleiotropia determinam a magnitude das correlação entre caracteres, denominados de pleiotropia modular e pleiotropia ubíqua ou universal. Sob o modelo de pleiotropia modular, os efeitos pleiotrópicos são frequentemente restritos a conjuntos de caracteres relacionados, enquanto que, sob o modelo de pleiotropia universal, a maioria dos locos são pleiotrópicos sobre uma ampla variedade de caracteres (Figura 6). De modo geral, os estudos sobre pleiotropia têm dado suporte ao modelo de pleiotropia modular para diversas espécies (Stearns 2010).

A definição do modelo de pleiotropia, modular ou universal, tem impacto em como os locos pleiotrópicos são afetados pela seleção (Tyler et al. 2014). Na pleiotropia modular, agrupamentos de caracteres podem responder à seleção independentemente de outros agrupamentos (Polster et al. 2016), sendo, portanto, favorável ao melhoramento genético, uma vez que a combinação entre módulos com locos pleiotrópicos controlando caracteres relacionados deve facilitar a obtenção de um genótipo desejável em relação a um modelo universal, em que todos os locos pleiotrópicos podem afetar todos os caracteres (Balestre et al. 2012).

Em milho, Balestre et al. (2012), analisando a pleiotropia para produção de grãos e componentes da produção, reportaram um grande número de QTL com efeitos pleiotrópicos sobre esses caracteres. Além disso, os autores reportaram que os QTL pleiotrópicos podem ter efeitos genéticos distintos (aditivos ou de dominância) entre os caracteres, em que um mesmo QTL apresenta efeitos pleiotrópicos aditivos para determinados caracteres e de dominância para outros. Darabos et al. (2014), analisando pleiotropia e epistasia em humanos, relataram que estes dois fenômenos são confinados a módulos e, portanto, não afetam de forma generalizada pares de caracteres ou de locos do genoma.

Segundo Tyler et al. (2009), tanto a epistasia como a pleiotropia não devem ser consideradas como exceções, pelo contrário, são ubíquas e são propriedades importantes dos sistemas biológicos, resultantes de uma rede genética e molecular complexa. Neste sentido, estudos de herança dos caracteres quantitativos desconsiderando a presença de epistasia e de pleiotropia limitam a complexidade e dinamismo do genoma, podendo não refletir a realidade. Além disso, os resultados deste trabalho evidenciam que, além das implicações *per se* da epistasia e da pleiotropia, a análise conjunta destes fenômenos indica que as covariâncias e correlações entre caracteres podem se alterar, sendo também influenciadas pelos ambientes na presença e ausência de estresse hídrico.

Figura 2. Redes ponderadas dos coeficientes de correlação genética aditiva entre os caracteres produção de grãos (PG), acamamento e quebramento de plantas (ACQ), prolificidade (PRO), altura da planta (AP), altura da espiga (AE), posição relativa da espiga (PRE), florescimento masculino (FM), florescimento feminino (FF) e intervalo entre florescimentos (IF) em testecrosses provenientes dos testadores L-02-03D [TC₁ – (a), (b), (c)] e L-04-05F [TC₂ – (d), (e), (f)], no grupo de ambientes sem estresse hídrico [SE – (a), (d)], com estresse hídrico [CE – (b), (e)] e entre os grupos [EG – (c), (f)].

Figura 3. Redes ponderadas dos coeficientes de correlação fenotípica entre os caracteres produção de grãos (PG), acamamento e quebramento de plantas (ACQ), prolificidade (PRO), altura da planta (AP), altura da espiga (AE), posição relativa da espiga (PRE), florescimento masculino (FM), florescimento feminino (FF) e intervalo entre florescimentos (IF) em testecrosses provenientes dos testadores L-02-03D [TC₁ – (a), (b), (c)] e L-04-05F [TC₂ – (d), (e), (f)], no grupo de ambientes sem estresse hídrico [SE – (a), (d)], com estresse hídrico [CE – (b), (e)] e entre os grupos [EG – (c), (f)].

Figura 4. Redes ponderadas dos coeficientes de correlação epistática total entre os caracteres produção de grãos (PG), acamamento e quebraimento de plantas (ACQ), prolificidade (PRO), altura da planta (AP), altura da espiga (AE), posição relativa da espiga (PRE), florescimento masculino (FM), florescimento feminino (FF) e intervalo entre florescimentos (IF) em testecrosses provenientes dos testadores L-02-03D [TC₁ – (a), (b), (c)] e L-04-05F [TC₂ – (d), (e), (f)], no grupo de ambientes sem estresse hídrico [SE – (a), (d)], com estresse hídrico [CE – (b), (e)] e entre os grupos [EG – (c), (f)].

Figura 5. Redes ponderadas dos coeficientes de correlação dos efeitos epistáticos estimados de testecrosses referentes às plantas F₂ entre os caracteres produção de grãos (PG), acamamento e quebraamento de plantas (ACQ), prolificidade (PRO), altura da planta (AP), altura da espiga (AE), posição relativa da espiga (PRE), florescimento masculino (FM), florescimento feminino (FF) e intervalo entre florescimentos (IF) em testecrosses provenientes dos testadores L-02-03D [TC₁ – (a), (b), (c)] e L-04-05F [TC₂ – (d), (e), (f)], no grupo de ambientes sem estresse [SE – (a), (d)], com estresse hídrico [CE – (b), (e)] e entre os grupos [EG – (c), (f)].

Figura 6. Exemplo de pleiotropia modular e universal. (a) Pleiotropia modular, em que dois módulos são identificados na rede hipotética entre locos pleiotrópicos e caracteres; (b) Pleiotropia universal, em que os locos são pleiotrópicos sobre uma ampla variedade de caracteres, sem a formação de estruturas modulares.

Fonte: Adaptado de Wang et al. (2010).

5. CONSIDERAÇÕES FINAIS

Os resultados mostraram a presença de variabilidade genética entre testecrosses para todos os caracteres analisados, tanto no grupo de ambientes sem estresse hídrico (SE) como no grupo de ambientes com estresse hídrico (CE), com exceção do caráter acamamento e quebramento de plantas (ACQ) para ambos os grupos e testadores e do caráter intervalo entre florescimentos (IF) no grupo SE para os testecrosses provenientes do testador L-04-05F (TC₂). No entanto, apesar de haver variabilidade na presença e ausência de estresse hídrico, foi constatada redução significativa da variância genética de testecrosses para os caracteres produção de grãos (PG), altura da planta (AP) e altura da espiga (AE) no grupo CE em relação ao grupo SE para os testecrosses provenientes do testador L-02-03D (TC₁), o que refletiu em coeficientes de herdabilidade de menor magnitude na presença de estresse hídrico. Para o TC₂, isto também foi observado, porém apenas para o caráter AE a redução foi estatisticamente significativa. Em geral, o estresse hídrico resultou em plantas menos produtivas, de menor estatura e mais tardias, sendo o caráter PG o mais afetado pelo déficit hídrico e os caracteres do florescimento os menos afetados. Bolaños and Edmeades (1996) reportaram que maior prolificidade (PROL) e menor IF estão altamente associados com maior produção de grãos em condições de estresse hídrico. Assim, as elevadas magnitudes de correlação genética aditiva obtidas entre PG e PROL e entre PG e IF sob estresse hídrico reforçam que esses caracteres secundários devem ser considerados em programas de melhoramento visando a tolerância à seca. Contudo, apesar do impacto do estresse hídrico na média dos caracteres, não foi detectada a presença de interação testecrosses x grupos de ambientes sem e com estresse hídrico, com exceção do caráter AE para ambos os testadores.

A presença de epistasia foi detectada para todos os caracteres, no entanto esta detecção foi afetada pelo número de ambientes considerados nas análises de variâncias, pela presença ou ausência de estresse hídrico e pelas linhagens testadoras. Foi observada interação epistasia x grupos de ambientes para os caracteres PG e PROL do TC₁ e AP e AE do TC₂, além disso, houve interação epistasia x testadores para todos os caracteres.

Na presença de epistasia, a covariância genética entre testecrosses contém 1/4 da variância aditiva ($\sigma^2_{A_{TC}}$) e 1/16 da variância epistática aditiva x aditiva ($\sigma^2_{AA_{TC}}$) (Bernardo 2010), portanto, desconsiderar os efeitos epistáticos quando estes estão presentes resulta em uma superestimação da $\sigma^2_{A_{TC}}$ em 1/4 da $\sigma^2_{AA_{TC}}$. Além disso, a $\sigma^2_{A_{TC}}$ contém, além dos efeitos aditivos e de dominância, efeitos epistáticos e, portanto, sua interpretação deve ser diferente em relação a um modelo aditivo e dominante que assume ausência de epistasia. Assim, os efeitos epistáticos foram importantes componentes da variância genética de testecrosses e, consequentemente, o modelo aditivo e dominante não é o mais adequado para interpretar os componentes de variância, devendo a epistasia ser incorporada no modelo. Além da epistasia afetar os componentes de variância, os efeitos epistáticos afetaram significativamente as médias de testecrosses. No entanto, não foram observadas correlações de alta magnitude entre a performance dos testecrosses e seus respectivos efeitos epistáticos, possivelmente devido à característica bidirecional destes efeitos. Portanto, a epistasia é um componente importante da herança de caracteres quantitativos e para a determinação do fenótipo destes caracteres.

Apesar da interação da epistasia x grupos de ambientes ter sido significativa para poucos caracteres, foram observados diferentes testecrosses com efeitos epistáticos significativos em cada grupo de ambientes, sendo que, na ausência de estresse hídrico, maior número de testecrosses apresentou efeitos epistáticos significativos para diversos caracteres. De modo similar, foram detectados efeitos epistáticos significativos para um grupo específico de

testecrosses provenientes de cada testador, sugerindo que um maior número de ambientes de avaliação, assim como de testadores, pode aumentar a detecção de epistasia para os diferentes caracteres analisados.

Além de ser um importante componente da variância genética de testecrosses para cada caráter isoladamente, a epistasia também compõe a covariância genética entre caracteres, podendo, assim, afetar a correlação genética. Foram detectadas covariâncias e correlações epistáticas significativas para diversas combinações entre pares de caracteres de importância agrônômica, no entanto, algumas combinações de caracteres apresentaram padrões de significância diferentes entre os grupos de ambientes e entre testadores. A ocorrência de covariâncias e correlações epistáticas significativas indica a presença de epistasia pleiotrópica, em que os efeitos de locos pleiotrópicos são dependentes de outros locos e/ou há interações inter-alélicas afetando múltiplos caracteres. Além disso, variações na magnitude dessas estimativas indicam que a epistasia pleiotrópica pode ser afetada tanto pelo ambiente, presença ou ausência de estresse hídrico, como pelo *background* genético e diferentes testadores.

Pelas análises gráficas dos coeficientes de correlações genéticas e epistáticas, foram observadas formações de agrupamentos de caracteres relacionados, como PG e PROL, caracteres de estatura das plantas e caracteres do florescimento, sugerindo a ocorrência de pleiotropia modular. Deve-se ressaltar que a população está em desequilíbrio de ligação e, portanto, as estimativas dos coeficientes de correlações genéticas e epistáticas podem estar afetadas pelo desequilíbrio de ligação.

Portanto, esses resultados mostram que a herança dos caracteres é muito mais complexa do que vem sendo considerada em estudos cujos modelos consideram apenas os efeitos aditivos e de dominância, assumindo ausência de epistasia sem efetivamente testar tal suposição. Além disso, apesar da pleiotropia frequentemente ser considerada como tendo um efeito estável, os efeitos pleiotrópicos podem variar tanto em função do ambiente como das interações epistáticas, podendo alterar as covariâncias entre caracteres através da seleção (Assis 2016).

Nos programas de melhoramento de milho, a presença de epistasia e de epistasia pleiotrópica tem diversas implicações. Por exemplo, a presença de epistasia impacta na capacidade específica e geral de combinação dos genótipos (Gorsline 1961; Wolf and Hallauer 1997); a predição de híbridos duplos e triplos a partir de híbridos simples na presença de epistasia pode estar viesada (Stubber and Moll 1971); a epistasia tem um importante papel na base genética da heterose em milho (Melchinger et al. 2007; Tang et al. 2010; Melo et al. 2014); desconsiderar a presença de epistasia nas estimativas dos coeficientes de herdabilidade e respostas esperadas com a seleção pode ser uma das causas para as respostas observadas serem inferiores às esperadas (Cooper et al. 2002; Holland 2006). Também, a seleção assistida por marcadores e seleção genômica são influenciadas pela presença de epistasia (Blanc et al. 2006; Mackay 2014) e, neste sentido, a inclusão de epistasia no modelo preditivo pode aumentar a acurácia da seleção (Dudley and Johnson 2009). Por outro lado, há um aumento na complexidade dos modelos de predição e do tempo computacional das análises (Bernardo 2010). Logo, a complexidade do funcionamento do genoma na presença de epistasia e de epistasia pleiotrópica pode dificultar a predição de valores genotípicos utilizando marcadores moleculares, sendo indispensável para um programa de melhoramento a avaliação de genótipos em experimentos para a liberação de cultivares. Ainda, a epistasia pleiotrópica pode gerar variabilidade na correlação genética entre caracteres, permitindo que novas combinações de caracteres possam ser selecionadas e, através da seleção, a estrutura de covariância/correlação entre caracteres pode ser alterada (Wolf et al. 2005; Pavlicev et al. 2008; Pavlicev and Hansen 2011; Pavlicev et al. 2011b). Portanto, a epistasia apresenta um importante papel na base genética de caracteres quantitativos de milho e a sua exclusão dos modelos e equações de parâmetros genéticos, apenas por simplicidade, pode resultar em uma análise que não reflete a real complexidade do controle genético desses caracteres.

REFERÊNCIAS

- Aguiar AM, Carlini-Garcia LA, Silva AR, et al (2003) Combining ability of inbred lines of maize and stability of their respective single-crosses. *Sci Agric* 60:83–89
- Almeida GD, Makumbi D, Magorokosho C, et al (2013) QTL mapping in three tropical maize populations reveals a set of constitutive and adaptive genomic regions for drought tolerance. *Theor Appl Genet* 126:583–600. doi: 10.1007/s00122-012-2003-7
- Andrade JAC, Miranda Filho JB (2008) Quantitative variation in the tropical maize population, Esalq-Pb1. *Sci Agric* 65:174–182
- Aragão TR de P (2012) Testcrosses by sowing dates interaction and implications for maize breeding. Dissertation, Luiz de Queiroz College of Agriculture, University of São Paulo
- Araus JL, Serret MD, Edmeades GO (2012) Phenotyping maize for adaptation to drought. *Front Physiol* 3:1–20. doi: 10.3389/fphys.2012.00305
- Armbruster WS, Pelabon C, Bolstad GH, Hansen TF (2014) Integrated phenotypes: Understanding trait covariation in plants and animals. *Philos Trans R Soc B*. doi: 10.1098/rstb.2013.0245
- Assis APA (2016) Natural selection and climate change in chipmunks' evolutionary history (Sciuridae: *Tamias*). Thesis, University of São Paulo
- Austin DF, Lee M (1998) Detection of quantitative trait loci for grain yield and yield components in maize across generations in stress and nonstress environments. *Crop Sci* 38:1296–1308
- Azizi F, Rezai AM, Saeidi G (2006) Generation mean analysis to estimate genetic parameters for different traits in two crosses of corn inbred lines at three planting densities. *J Agric Sci Technol* 8:153–169
- Balestre M, Von Pinho RG, Souza Junior CL, Bueno Filho JSS (2012) Bayesian mapping of multiple traits in maize: The importance of pleiotropic effects in studying the inheritance of quantitative traits. *Theor Appl Genet* 125:479–493. doi: 10.1007/s00122-012-1847-1
- Bänziger M, Araus J (2007) Recent advances in breeding maize for drought and salinity stress tolerance. In: Jenks MA (ed) *Advances in mol breeding toward drought and salt tolerant crops*. Springerlink, Berlin, pp 587–601
- Bateson W (1909) *Mendel's principles of heredity*. Cambridge University Press, Cambridge
- Bauman LF (1959) Evidence of non-allelic gene interaction in determining yield, ear height, and kernel row number in corn. *Agron J* 51:531–534
- Bernardo R (2010) *Breeding for quantitative traits in plants*. Stemma Press, Woodbury
- Beyene Y, Semagn K, Crossa J, et al (2016) Improving maize grain yield under drought stress and non-stress environments in sub-saharan africa using marker-assisted recurrent selection. *Crop Sci* 56:344–353. doi: 10.2135/cropsci2015.02.0135
- Blanc G, Charcosset A, Mangin B, et al (2006) Connected populations for detecting quantitative trait loci and testing for epistasis: An application in maize. *Theor Appl Genet* 113:206–224. doi: 10.1007/s00122-006-0287-1
- Blum A (1982) Evidence for genetic variability in drought resistance and its implications for plant breeding. In: Vega MR (ed) *Drought resistance in crops with emphasis on rice*. International Rice Research Institute, Los Baños, pp 53–68
- Bolaños J, Edmeades GO (1996) The importance of the anthesis-silking interval in breeding for drought tolerance in tropical maize. *F Crop Res* 48:65–80. doi: 10.1016/0378-4290(96)00036-6

- Bryant EH, Meffert LM (1996) Nonadditive genetic structuring of morphometric variation in relation to a population bottleneck. *Heredity* (Edinb) 77:168–176
- Burdick RK, Graybill F. (1992) Confidence intervals on variance components. Marcel Dekker, New York
- Câmara TMM, Bento DAV, Alves GF, et al (2007) Genetic parameters of drought tolerance related traits in tropical maize. *Bragantia* 66:595–603
- Carlborg O, Haley CS (2004) Epistasis: Too often neglected in complex trait studies? *Nat Rev Genet* 5:618–625. doi: 10.1038/nrg1407
- Carter AJR, Hermisson J, Hansen TF (2005) The role of epistatic gene interactions in the response to selection and the evolution of evolvability. *Theor Popul Biol* 68:179–196. doi: 10.1016/j.tpb.2005.05.002
- Causse M, Chaïb J, Lecomte L, et al (2007) Both additivity and epistasis control the genetic variation for fruit quality traits in tomato. *Theor Appl Genet* 115:429–442. doi: 10.1007/s00122-007-0578-1
- Ceballos H, Pandey S, Narro L, Perez-Velázquez JC (1998) Additive, dominant, and epistatic effects for maize grain yield in acid and non-acid soils. *Theor Appl Genet* 96:662–668. doi: 10.1007/s001220050786
- Cheverud JM, Ehrich TH, Vaughn TT, et al (2004) Pleiotropic effects on mandibular morphology II: Differential epistasis and genetic variation in morphological integration. *J Exp Zool Part B Mol Dev Evol* 302:424–435. doi: 10.1002/jez.b.21008
- Cheverud JM, Routman EJ (1995) Epistasis and its contribution to genetic variance components. *Genetics* 139:1455–1461
- Cheverud JM, Routman EJ (1996) Epistasis as a source of increased additive genetic variance at population bottlenecks. *Evolution* (N Y) 50:1042–1051
- Cockerham CC (1954) An extension of the concept of partitioning hereditary variance for analysis of covariances among relatives when epistasis is present. *Genetics* 39:859–882
- Comstock RE, Robinson HF (1952) Estimation of average dominance genes. In: Gowen JW (ed) *Heterosis*. Iowa State College Press, Ames, pp 494–516
- Cooper M, Podlich DW, Micallef KP, et al (2002) Complexity, quantitative traits and plant breeding: a role for simulation modelling in the genetic improvement of crops. In: Kang MS (ed) *Quantitative Genetics, Genomics, and Plant Breeding*. CAB International, Wallingford, pp 143–166
- Crow JF (2010) On epistasis: Why it is unimportant in polygenic directional selection. *Philos Trans R Soc Lond B Biol Sci* 365:1241–1244. doi: 10.1098/rstb.2009.0275
- Darabos C, Harmon SH, Moore JH (2014) Using the bipartite human phenotype network to reveal pleiotropy and epistasis beyond the gene. *Pac Symp Biocomput* 19:188–199. doi: 10.1142/9789814583220_0019
- Darrah LL, Hallauer AR (1972) Genetic effects estimated from generation means in four diallel sets of maize inbreds. *Crop Sci* 12:615–621. doi: 10.2135/cropsci1972.0011183X001200050019x
- de Visser JAGM, Cooper TF, Elena SF (2011) The causes of epistasis. *Proc R Soc B Biol Sci* 278:3617–3624. doi: 10.1098/rspb.2011.1537
- DeLougherty RL, Crookston RK (1979) Harvest index of corn affected by population density, maturity rating, and environment. *Agron J* 71:577–580
- Díaz RJS (2011) Epistasis for yield and plant traits in maize. Thesis, Luiz de Queiroz College of Agriculture, University of São Paulo
- Dudley JW (2008) Epistatic interactions in crosses of Illinois High Oil x Illinois Low Oil and of Illinois High Protein x Illinois Low Protein corn strains. *Crop Sci* 48:59–68. doi: 10.2135/cropsci2007.04.0242

- Dudley JW, Johnson GR (2009) Epistatic models improve prediction of performance in corn. *Crop Sci* 49:763–770. doi: 10.2135/cropsci2008.08.0491
- Eberhart SA, Hallauer AR (1967) Genetic effects for yield in single, three-way, and double-cross maize hybrids. *Crop Sci* 8:377–379. doi: 10.2135/cropsci1968.0011183X000800030034x
- Edmeades GO (2013) Progress in achieving and delivering drought tolerance in maize - An Update. ISAAA, Ithaca
- Epskamp S, Cramer AOJ, Waldorp LJ, et al (2012) qgraph: Network visualizations of relationships in psychometric data. *J Stat Softw* 48:1–18. doi: 10.18637/jss.v048.i04
- Eta-Ndu JT, Openshaw SJ (1999) Epistasis for grain yield in two F₂ populations of maize. *Crop Sci* 39:346–352
- Falconer DS, Mackay TFC (1996) *Introduction to Quantitative Genetics*, 4th edn. Longman, London
- Fisher RA (1918) The correlation between relatives on the supposition of Mendelian inheritance. *Trans R Soc Edinburgh* 52:399–433
- Fisher RA (1930) *The genetical theory of natural selection*. The Clarendon Press, Oxford
- Flint J, Mackay TFC (2009) Genetic architecture of quantitative traits in mice, flies, and humans. *Genome Res* 19:723–733
- Fritsche-Neto R, Vieira RA, Scapim CA, et al (2012) Updating the ranking of the coefficients of variation from maize experiments. *Acta Sci - Agron* 34:99–101. doi: 10.4025/actasciagron.v34i1.13115
- Goodnight CJ (1988) Epistasis and the effect of founder events on the additive genetic variance. *Evolution (N Y)* 42:441–454
- Goodnight CJ (2004) Gene interaction and selection. In: Janick J (ed) *Plant Breeding Reviews: Part 1: Long-term selection: Maize*. John Wiley & Sons, Hoboken, pp 269–291
- Gorsline GW (1961) Phenotypic epistasis for ten quantitative characters in maize. *Crop Sci* 1:55–58
- Griffing B (1960) Theoretical consequences of truncation selection based on the individual phenotype. *Aust J Biol Sci* 13:307–343
- Hallander J, Waldmann P (2007) The effect of non-additive genetic interactions on selection in multi-locus genetic models. *Heredity (Edinb)* 98:349–359. doi: 10.1038/sj.hdy.6800946
- Hallauer AR (2007) History, contribution, and future of quantitative genetics in plant breeding: Lessons from maize. *Crop Sci*. doi: 10.2135/cropsci2007.04.0002IPBS
- Hallauer AR, Carena MJ, Miranda Filho JB (2010) *Quantitative Genetics in maize breeding*. Springer, New York
- Hansen TF (2013) Why epistasis is important for selection and adaptation. *Evolution (N Y)* 67:3501–3511. doi: 10.1111/evo.12214
- Hartley HO (1950) The use of range in analysis of variance. *Biometrika* 37:271–280
- Hauck AL, Richard Johnson G, Mikel MA, et al (2014) Generation means analysis of elite ex-plant variety protection commercial inbreds: A new public maize genetics resource. *Crop Sci* 54:174–189. doi: 10.2135/cropsci2013.03.0172
- Hayashi T, Makino T, Sato N, Deguchi K (2015) Barrenness and changes in tassel development and flowering habit of hybrid maize associated with low air temperatures. *Plant Prod Sci* 18:93–98. doi: 10.1626/pps.18.93
- Hayman BI (1958) The separation of epistatic from additive and dominance variation in generation means. *Heredity (Edinb)* 12:371–390
- Hicks CR, Turner KVJ (1999) *Fundamental concepts in the design of experiments*, 5th edn. Oxford University Press, New York

- Hinkossa A, Gebeyehu S, Zeleke H (2013) Generation mean analysis and heritability of drought resistance in common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). African J Agric Res 8:1319–1329. doi: 10.5897/AJAR12.2193
- Hinze LL, Lamkey KR (2003) Absence of epistasis for grain yield in elite maize hybrids. Crop Sci 43:46–56. doi: 10.2135/cropsci2003.0046
- Holland JB (2006) Theoretical and biological foundations of Plant Breeding. In: Lamkey KR, Lee M (eds) Plant Breeding: The Arnel R. Hallauer International Symposium. Blackwell Publishing, Oxford, pp 127–140
- Howard R, Carriquiry AL, Beavis WD (2014) Parametric and nonparametric statistical methods for genomic selection of traits with additive and epistatic genetic architectures. G3 (Bethesda) 4:1027–1046. doi: 10.1534/g3.114.010298
- Huang W, Richards S, Carbone MA, et al (2012) Epistasis dominates the genetic architecture of *Drosophila* quantitative traits. Proc Natl Acad Sci 109:15553–15559. doi: 10.1073/pnas.1213423109
- Hull FH (1945) Recurrent selection for specific combining ability in corn. J Am Soc Agron 37:134–145
- Hussain M, Kiani TT, Ghafoor A, Qadir G (2016) Role of genetic interactions in the inheritance of grain protein, tryptophan and lysine percentage in maize (*Zea mays* L.) under contrasting water regimes. J Anim Plant Sci 26:1002–1011
- Jannink J-L (2003) Selection dynamics and limits under additive x additive epistatic gene action. Crop Sci 43:489–497
- Jia Y, Sun X, Sun J, et al (2014) Association mapping for epistasis and environmental interaction of yield traits in 323 cotton cultivars under 9 different environments. PLoS One. doi: 10.1371/journal.pone.0095882
- Jiang L, Zhang M, Sang M, et al (2016) Evo-Devo-Epi R: a genome-wide search platform for epistatic control on the evolution of development. doi: 10.1093/bib/bbw062
- Jinks JL, Perkins JM, Pooni HS (1973) The incidence of epistasis in normal and extreme environments. Heredity (Edinb) 31:263–269
- Joshi CJ, Prasad A (2014) Epistatic interactions among metabolic genes depend upon environmental conditions. Mol Biosyst 10:2578–2589. doi: 10.1039/c4mb00181h
- Kao C-H, Zeng Z-B, Teasdale R. (1999) Multiple interval mapping for quantitative trait loci. Genetics 152:1203–1216
- Kearsey MJ, Jinks JL (1968) A general method of detecting additive, dominance and epistatic variation for metrical traits. Heredity (Edinb) 23:403–9. doi: 10.1038/hdy.1968.52
- Kearsey MJ, Pooni HS (1996) The genetical analysis of quantitative traits. Chapman and Hall, Londres
- Kempthorne O (1954) The correlations between relatives in random mating populations. Proc R Soc London Ser B - Biol Sci 143:103–113. doi: 10.1098/rspb.1954.0056
- Khan AA, McNeilly T (2005) Triple test cross analysis for salinity tolerance based upon seedling root length in maize (*Zea mays* L.). Breed Sci 55:321–325. doi: 10.1270/jsbbs.55.321
- Khan NH, Ahsan M, Naveed M, et al (2016) Genetics of drought tolerance at seedling and maturity stages in *Zea mays* L. Spanish J Agric Res. doi: 10.5424/sjar/2016143-8505
- Knapp SJ, Stroup WW, Ross WM (1985) Exact confidence intervals for heridity on a progeny mean basis. Crop Sci 25:192–194
- Lagator M, Colegrave N, Neve P (2014) Selection history and epistatic interactions impact dynamics of adaptation to novel environmental stresses. Proc R Soc London B Biol Sci. doi: 10.1098/rspb.2014.1679
- Lamkey KR, Schnicker BL, Melchinger AE (1995) Epistasis in an elite maize hybrid and choice of generation for inbred line development. Crop Sci 35:1272–1282

- Leamy LJ, Pomp D, Lightfoot JT (2011) Epistatic interactions of genes influence within-individual variation of physical activity traits in mice. *Genetica* 139:813–821. doi: 10.1007/s10709-011-9586-9
- Leamy LJ, Pomp D, Lightfoot JT (2009) Genetic variation for body weight change in mice in response to physical exercise. *BioMed Cent Genet* 10:1–11. doi: 10.1186/1471-2156-10-58
- Lehner B (2011) Molecular mechanisms of epistasis within and between genes. *Trends Genet* 27:323–331. doi: 10.1016/j.tig.2011.05.007
- Li ZK, Luo LJ, Mei HW, et al (2001) Overdominant epistatic loci are the primary genetic basis of inbreeding depression and heterosis in rice. I. Biomass and grain yield. *Genetics* 158:1737–1753
- Lynch M (1991) The genetic interpretation of inbreeding depression and outbreeding depression. *Evolution* (N Y) 45:622–629
- Ma XQ, Tang JH, Teng WT, et al (2007) Epistatic interaction is an important genetic basis of grain yield and its components in maize. *Mol Breed* 20:41–51. doi: 10.1007/s11032-006-9071-9
- Mackay TFC (2014) Epistasis and quantitative traits: Using model organisms to study gene-gene interactions. *Nat Rev Genet* 15:22–33. doi: 10.1038/nrg3627
- Mackay TFC, Stone E, Ayroles JF (2009) The genetics of quantitative traits: Challenges and prospects. *Nat Rev Genet* 10:565–577. doi: 10.1038/nrg2612
- Mather K (1949) *Biometrical Genetics: The study of continuous variation*. Dour Publications, London
- Melchinger AE (1987) Expectation of means and variances of testcrosses produced from F_2 and backcross individuals and their selfed progenies. *Heredity* (Edinb) 59:105–115
- Melchinger AE, Utz HF, Piepho HP, et al (2007) The role of epistasis in the manifestation of heterosis: A systems-oriented approach. *Genetics* 177:1815–1825. doi: 10.1534/genetics.107.077537
- Melo WMC, Balestre M, Von Pinho RG, Bueno Filho JSS (2014) Genetic control of the performance of maize hybrids using complex pedigrees and microsatellite markers. *Euphytica* 195:331–344. doi: 10.1007/s10681-013-0999-7
- Mendoza PJG (2011) Epistasis for grain yield and yield components in maize. Thesis, Luiz de Queiroz College of Agriculture, University of São Paulo
- Messmer R, Fracheboud Y, Bänziger M, et al (2009) Drought stress and tropical maize: QTL-by-environment interactions and stability of QTLs across environments for yield components and secondary traits. *Theor Appl Genet* 119:913–930. doi: 10.1007/s00122-009-1099-x
- Mihaljevic R, Utz HF, Melchinger AE (2005) No evidence for epistasis in hybrid and per se performance of elite European flint maize inbreds from generation means and QTL analyses. *Crop Sci* 45:2605–2613. doi: 10.2135/cropsci2004.0760
- Morais AA (2012) Epistasis in the inheritance of maize resistance to *Sitophilus zeamais* (Coleoptera: Curculionidae). Thesis, Luiz de Queiroz College of Agriculture, University of São Paulo
- Moreno-Gonzalez J, Dudley JW (1981) Epistasis in related and unrelated maize hybrids determined by three methods. *Crop Sci* 21:644–651
- Naciri-Graven Y, Goudet J (2003) The additive genetic variance after bottlenecks is affected by the number of loci involved in epistatic interactions. *Evolution* (N Y) 57:706–716
- Opshal B (1959) The discrimination of interactions and linkage in continuous variation. *Biometrics* 12:415–432
- Pavličev M, Cheverud JM (2015) Constraints evolve: Context dependency of gene effects allows evolution of pleiotropy. *Annu Rev Ecol Evol Syst* 46:413–434. doi: 10.1146/annurev-ecolsys-120213-091721

- Pavlicev M, Cheverud JM, Wagner GP (2011a) Evolution of adaptive phenotypic variation patterns by direct selection for evolvability. *Proc R Soc Sci* 278:1903–1912. doi: 10.1098/rspb.2010.2113
- Pavlicev M, Hansen TF (2011) Genotype-phenotype maps maximizing evolvability: Modularity revisited. *Evol Biol* 38:371–389. doi: 10.1007/s11692-011-9136-5
- Pavlicev M, Kenney-Hunt JP, Norgard EA, et al (2008) Genetic variation in pleiotropy: Differential epistasis as a source of variation in the allometric relationship between long bone lengths and body weight. *Evolution (N Y)* 62:199–213. doi: 10.1111/j.1558-5646.2007.00255.x
- Pavlicev M, Norgard EA, Fawcett GL, Cheverud JM (2011b) Evolution of pleiotropy: Epistatic interaction pattern supports a mechanistic model underlying variation in genotype-phenotype map. *J Exp Zool* 316:371–385. doi: 10.1002/jez.b.21410
- Pimentel Gomes F (2009) Experimental statistics course, 15th edn. FEALQ, Piracicaba
- Plate L (1910) Genetics and evolution. In: Hertwig R (ed) *Festschrift zum sechzigsten Geburtstag Richard Hertwigs*. Fischer, Jena, pp 536–610
- Polster R, Petropoulos CJ, Bonhoeffer S (2016) Epistasis and pleiotropy affect the modularity of the genotype-phenotype map of cross-resistance in HIV-1. *Mol Biol Evol* 1–33. doi: 10.1093/molbev/msw206
- R Development Core Team (2013) R: A language and environment for statistical computing
- Rasmusson DC, Philips RL (1997) Plant breeding progress and genetic diversity from De Novo variation and elevated epistasis. *Crop Sci* 37:303–310
- Ravi K, Vadez V, Isobe S, et al (2011) Identification of several small main-effect QTLs and a large number of epistatic QTLs for drought tolerance related traits in groundnut (*Arachis hypogaea* L.). *Theor Appl Genet* 122:1119–1132. doi: 10.1007/s00122-010-1517-0
- Rawlings JO, Thompson DL (1962) Performance level as criterion for the choice of maize testers. *Crop Sci* 2:217–220
- Saleem MA, Malik TA, Shakeel A, et al (2015) Genetics of agronomic and fiber traits in upland cotton under drought stress. *Pakistan J Agric Sci* 52:317–324
- Sandhu N, Singh A, Dixit S, et al (2014) Identification and mapping of stable QTL with main and epistasis effect on rice grain yield under upland drought stress. *BMC Genet*. doi: 10.1186/1471-2156-15-63
- Santos MF (2008) Mapping QTLs in maize testcrosses with different testers and soil acidity levels. Thesis, Luiz de Queiroz College of Agriculture, University of São Paulo
- Santos MF, Môro GV, Aguiar AM, Souza Junior CL (2005) Responses to reciprocal recurrent selection and changes in genetic variability in IG-1 and IG-2 maize populations. *Genet Mol Biol* 28:781–788
- SAS Institute Inc (2008) Statistical analysis software: SAS 9.2
- Satterthwaite FE (1946) An approximate distribution of estimates of variance components. *Biometrics Bulletin* 2:110–114
- Shapiro SS, Wilk MB (1965) An analysis of variance test for normality (complete samples). *Biometrika* 52:591–611
- Silva AR (2015) On testing genetic covariance via the mean cross-products ratio. Thesis, Luiz de Queiroz College of Agriculture, University of São Paulo
- Silva AR, Souza Jr. CL, Aguiar AM, Souza AP (2004) Estimates of genetic variance and level of dominance in a tropical maize population. I. Grain yield and plant traits. *Maydica* 49:65–71
- Silva DVF (2011) Epistasis in maize testcrosses. Thesis, Luiz de Queiroz College of Agriculture, University of São Paulo

- Silva JC, Hallauer AR (1975) Estimation of epistatic variance in Iowa Stiff Stalk Synthetic Maize. *J Hered* 66:290–296
- Singh SB, Gupta BB (2008) Triple test cross analysis to detect of epistasis for morpho-physiological traits related to drought tolerance and yield components in maize (*Zea mays* L.). *J Res* 7:202–209
- Sofi PA (2007) Genetic analysis of tassel and ear characters in maize (*Zea mays* L.) using triple test cross. *Asian J Plant Sci* 6:881–883
- Sofi PA, Rather AG, Venkatesh S (2006) Triple test cross analysis in maize (*Zea mays* L.). *Indian J Crop Sci* 1:191–193
- Sofi PA, Rather AG, Warsi MZK (2007) Implications of epistasis in maize breeding. *Int J Plant Breed Genet* 1:1–11
- Stearns FW (2010) One hundred years of pleiotropy: A retrospective. *Genetics* 186:767–773. doi: 10.1534/genetics.110.122549
- Stubber CW, Moll RH (1971) Epistasis in maize (*Zea mays* L.). II: Comparison of selected with unselected populations. *Genetics* 69:137–149
- Tang J, Yan J, Ma X, Teng W (2010) Dissection of the genetic basis of heterosis in an elite maize hybrid by QTL mapping in an immortalized F₂ population. *Theor Appl Genet* 120:333–340. doi: 10.1007/s00122-009-1213-0
- Tyler AL, Asselbergs FW, Williams SM, Moore JH (2009) Shadows of complexity: What biological networks reveal about epistasis and pleiotropy. *Bioessays* 31:220–227. doi: 10.1002/bies.200800022
- Tyler AL, Crawford DC, Pendergrass SA (2014) Detecting and characterizing pleiotropy: New methods for uncovering the connection between the complexity of genomic architecture and multiple phenotypes. *Pac Symp Biocomput* 19:183–187. doi: 10.1038/jid.2014.371
- Varshney RK, Thudi M, Nayak SN, et al (2014) Genetic dissection of drought tolerance in chickpea (*Cicer arietinum* L.). *Theor Appl Genet* 127:445–462. doi: 10.1007/s00122-013-2230-6
- Velásquez JCP, Souza Jr CL, Narro LA, et al (2008) Genetic effects for maize traits in acid and non-acid soils. *Genet Mol Biol* 97:89–97
- Veldboom LR, Lee M (1996a) Genetic mapping of quantitative trait loci in maize in stress and nonstress environments: I. Grain yield and yield components. *Crop Sci* 36:1310–1319
- Veldboom LR, Lee M (1996b) Genetic mapping of quantitative trait loci in maize in stress and nonstress environments: II. Plant height and flowering. *Crop Sci* 36:1320–1327
- Vencovsky R, Barriga P (1992) Genética Biométrica no Fitomelhoramento. *Revista Brasileira de Genética*, Ribeirão Preto
- Walsh B (2005) The struggle to exploit non-additive variation. *Aust J Agric Res* 56:873–881. doi: 10.1071/AR05152
- Wang T, Zeng Z-B (2009) Contribution of genetic effects to genetic variance components with epistasis and linkage disequilibrium. *BMC Genet*. doi: 10.1186/1471-2156-10-52
- Wang Z, Liao B-Y, Zhang J (2010) Genomic patterns of pleiotropy and the evolution of complexity. *Proc Natl Acad Sci U S A* 107:18034–18039. doi: 10.1073/pnas.1004666107
- Welch JJ, Waxman D (2003) Modularity and the cost of complexity. *Evolution (N Y)* 57:1723–1734
- Wolf DP, Hallauer AR (1997) Triple testcross analysis to detect epistasis in maize. *Crop Sci* 37:763–770. doi: 10.2135/cropsci1997.0011183X003700030012x
- Wolf DP, Peternelli LA, Hallauer AR (2000) Estimates of genetic variance in an F₂ maize population. *J Hered* 91:384–391
- Wolf JB, Leamy LJ, Routman EJ, Cheverud JM (2005) Epistatic pleiotropy and the genetic architecture of covariation within early and late-developing skull trait complexes in mice. *Genetics* 171:683–694. doi: 10.1534/genetics.104.038885

- Wolf JB, Pomp D, Eisen EJ, et al (2006) The contribution of epistatic pleiotropy to the genetic architecture of covariation among polygenic traits in mice. *Evol Dev* 8:468–476. doi: 10.1111/j.1525-142X.2006.00120.x
- Wright S (1968) *Evolution and the Genetics of Populations: Genetic and Biometric foundations*. University of Chicago Press, Chicago
- Yang W, Wang M, Yue A, et al (2014) QTLs and epistasis for drought-tolerant physiological index in soybean (*Glycine max* L.) across different environments. *Caryologia* 67:72–78. doi: 10.1080/00087114.2014.892278
- Yi G, Lauter AM, Scott MP, Becraft PW (2011) The *thick aleurone1* mutant defines a negative regulation of maize aleurone cell fate that functions downstream of *defective kernel1*. *Plant Physiol* 156:1826–1836. doi: 10.1104/pp.111.177725
- Zaidi PH, Seetharam K, Krishna G, et al (2016) Genomic regions associated with root traits under drought stress in tropical maize (*Zea mays* L.). *PLoS One* 11:1–18. doi: 10.1371/journal.pone.0164340
- Zhang F, Xie D, Liang M, Xiong M (2016) Functional regression models for epistasis analysis of multiple quantitative traits. *PLoS Genet* 12:1–26. doi: 10.1371/journal.pgen.1005965
- Ziyomo C, Bernardo R (2013) Drought tolerance in maize: Indirect selection through secondary traits versus genomewide selection. *Crop Sci* 53:1269–1275. doi: 10.2135/cropsci2012.11.0651

ANEXOS

ANEXO A. Esquema das análises de variâncias conjuntas por grupo de ambientes sem e com estresse hídrico, com as esperanças matemáticas dos quadrados médios e testes F

FV ^a	GL ^b	QM	E(QM)	F
Ambientes (E)	M – 1	QM_E	$\sigma^2 + KJ\sigma_{TC \times E}^2 + KJl\sigma_E^2$	$QM_E / QM_{TC \times E}$
Testecrosses (TC)	I – 1	QM_{TC}	$\sigma^2 + KJ\sigma_{TC \times E}^2 + KJM\sigma_{TC}^2$	$QM_{TC} / QM_{TC \times E}$
TC x E	(I – 1)(M – 1)	$QM_{TC \times E}$	$\sigma^2 + KJ\sigma_{TC \times E}^2$	$QM_{TC \times E} / QM_{\bar{E}}$
Gerações de RC (G _{RC})	J – 1	$QM_{G_{RC}}$	$\sigma^2 + K\sigma_{TC \times G_{RC} \times E}^2 + Kl\sigma_{G_{RC} \times E}^2 + KM\sigma_{TC \times G_{RC}}^2 + KIM \sum_{j=1}^3 \frac{G_{RCj}^2}{J-1}$	$QM_{G_{RC}} / (QM_{G_{RC} \times E} + QM_{TC \times G_{RC}} - QM_{TC \times G_{RC} \times E})$
G _{RC1} vs G _{RC2} (C ₁)	1	QM_{C_1}	$\sigma^2 + K\sigma_{TC \times C_1 \times E}^2 + Kl\sigma_{C_1 \times E}^2 + KM\sigma_{TC \times C_1}^2 + KIM\bar{C}_1^2$	$QM_{C_1} / (QM_{C_1 \times E} + QM_{TC \times C_1} - QM_{TC \times C_1 \times E})$
G _{RC1} + G _{RC2} vs 2G _{RC3} (C ₂)	1	QM_{C_2}	$\sigma^2 + K\sigma_{TC \times C_2 \times E}^2 + Kl\sigma_{C_2 \times E}^2 + KM\sigma_{TC \times C_2}^2 + KIM\bar{C}_2^2$	$QM_{C_2} / (QM_{C_2 \times E} + QM_{TC \times C_2} - QM_{TC \times C_2 \times E})$
G _{RC} x E	(J – 1)(M – 1)	$QM_{G_{RC} \times E}$	$\sigma^2 + K\sigma_{TC \times G_{RC} \times E}^2 + Kl\sigma_{G_{RC} \times E}^2$	$QM_{G_{RC} \times E} / QM_{TC \times G_{RC} \times E}$
C ₁ x E	M – 1	$QM_{C_1 \times E}$	$\sigma^2 + K\sigma_{TC \times C_1 \times E}^2 + Kl\sigma_{C_1 \times E}^2$	$QM_{C_1 \times E} / QM_{TC \times C_1 \times E}$
C ₂ x E	M – 1	$QM_{C_2 \times E}$	$\sigma^2 + K\sigma_{TC \times C_2 \times E}^2 + Kl\sigma_{C_2 \times E}^2$	$QM_{C_2 \times E} / QM_{TC \times C_2 \times E}$
TC x G _{RC}	(I – 1)(J – 1)	$QM_{TC \times G_{RC}}$	$\sigma^2 + K\sigma_{TC \times G_{RC} \times E}^2 + KM\sigma_{TC \times G_{RC}}^2$	$QM_{TC \times G_{RC}} / QM_{TC \times G_{RC} \times E}$
TC x C ₁	I – 1	$QM_{TC \times C_1}$	$\sigma^2 + K\sigma_{TC \times C_1 \times E}^2 + KM\sigma_{TC \times C_1}^2$	$QM_{TC \times C_1} / QM_{TC \times C_1 \times E}$
TC x C ₂	I – 1	$QM_{TC \times C_2}$	$\sigma^2 + K\sigma_{TC \times C_2 \times E}^2 + KM\sigma_{TC \times C_2}^2$	$QM_{TC \times C_2} / QM_{TC \times C_2 \times E}$
TC x G _{RC} x E	(I – 1)(J – 1)(M – 1)	$QM_{TC \times G_{RC} \times E}$	$\sigma^2 + K\sigma_{TC \times G_{RC} \times E}^2$	$QM_{TC \times G_{RC} \times E} / QM_{\bar{E}}$
TC x C ₁ x E	(I – 1)(M – 1)	$QM_{TC \times C_1 \times E}$	$\sigma^2 + K\sigma_{TC \times C_1 \times E}^2$	$QM_{TC \times C_1 \times E} / QM_{\bar{E}}$
TC x C ₂ x E	(I – 1)(M – 1)	$QM_{TC \times C_2 \times E}$	$\sigma^2 + K\sigma_{TC \times C_2 \times E}^2$	$QM_{TC \times C_2 \times E} / QM_{\bar{E}}$
Epistasia total (Z)	I	QM_Z	$\sigma^2 + K\sigma_{Z \times E}^2 + KM\sigma_Z^2$	$QM_Z / QM_{Z \times E}$
Z x E	I(M – 1)	$QM_{Z \times E}$	$\sigma^2 + K\sigma_{Z \times E}^2$	$QM_{Z \times E} / QM_{\bar{E}}$
Erro efetivo médio	M[IJ(K – 1) – (KL – 1)]	$QM_{\bar{E}}$	σ^2	----

^a TC refere-se aos testecrosses oriundos das plantas F₂; G_{RC1}, G_{RC2} e G_{RC3} referem-se aos testecrosses da geração 1 (genitor recorrente L-08-05F), 2 (genitor recorrente L-38-05D) e 3 (parental recorrente F₁) de progênie de retrocruzamento, respectivamente; Z refere-se à soma das somas de quadrados de C₂ e TC x C₂; Z x E refere-se à soma das somas de quadrados de C₂ x E e TC x C₂ x E.

^b I, J, K, L e M referem-se ao número de plantas F₂, gerações de retrocruzamento, repetições, blocos dentro de repetições e ambientes, respectivamente.

ANEXO B. Esquema da análise de variância conjunta entre os grupos de ambientes sem e com estresse hídrico, com as esperanças matemáticas dos quadrados médios e testes F

(continua)

FV ^a	GL ^b	QM	E(QM)	F
Grupos (S)	N – 1	QM_S	$\sigma^2 + KJ\sigma_{TC \times E/S}^2 + KJI\sigma_{E/S}^2 + KJM\sigma_{TC \times S}^2 + KJIM \sum_{n=1}^2 \frac{S_n^2}{N-1}$	$QM_S / (QM_{E/S} + QM_{TC \times S} - QM_{TC \times E/S})$
Ambientes/S (E/S)	N(M – 1)	$QM_{E/S}$	$\sigma^2 + KJ\sigma_{TC \times E/S}^2 + KJI\sigma_{E/S}^2$	$QM_{E/S} / QM_{TC \times E/S}$
Testecrosses (TC)	I – 1	QM_{TC}	$\sigma^2 + KJ\sigma_{TC \times E/S}^2 + KJMN\sigma_{TC}^2$	$QM_{TC} / QM_{TC \times E/S}$
TC x S	(I – 1)(N – 1)	$QM_{TC \times S}$	$\sigma^2 + KJ\sigma_{TC \times E/S}^2 + KJM\sigma_{TC \times S}^2$	$QM_{TC \times S} / QM_{TC \times E/S}$
TC x E/S	(I – 1)[N(M – 1)]	$QM_{TC \times E/S}$	$\sigma^2 + KJ\sigma_{TC \times E/S}^2$	$QM_{TC \times E/S} / QM_E$
Gerações de RC (G _{RC})	J – 1	$QM_{G_{RC}}$	$\sigma^2 + K\sigma_{TC \times G_{RC} \times E/S}^2 + KI\sigma_{G_{RC} \times E/S}^2 + KMN\sigma_{TC \times G_{RC}}^2 + KIMN \sum_{j=1}^3 \frac{G_{RCj}^2}{J-1}$	$QM_{G_{RC}} / (QM_{G_{RC} \times E/S} + QM_{TC \times G_{RC}} - QM_{TC \times G_{RC} \times E/S})$
G _{RC1} vs G _{RC2} (C ₁)	1	QM_{C_1}	$\sigma^2 + K\sigma_{TC \times C_1 \times E/S}^2 + KI\sigma_{C_1 \times E/S}^2 + KMN\sigma_{TC \times C_1}^2 + KIMN\bar{C}_1^2$	$QM_{C_1} / (QM_{C_1 \times E/S} + QM_{TC \times C_1} - QM_{TC \times C_1 \times E/S})$
G _{RC1} +G _{RC2} vs 2G _{RC3} (C ₂)	1	QM_{C_2}	$\sigma^2 + K\sigma_{TC \times C_2 \times E/S}^2 + KI\sigma_{C_2 \times E/S}^2 + KMN\sigma_{TC \times C_2}^2 + KIMN\bar{C}_2^2$	$QM_{C_2} / (QM_{C_2 \times E/S} + QM_{TC \times C_2} - QM_{TC \times C_2 \times E/S})$
G _{RC} x S	(J – 1)(N – 1)	$QM_{G_{RC} \times S}$	$\sigma^2 + K\sigma_{TC \times G_{RC} \times E/S}^2 + KI\sigma_{G_{RC} \times E/S}^2 + KM\sigma_{TC \times G_{RC} \times S}^2 + KIM\sigma_{G_{RC} \times S}^2$	$QM_{G_{RC} \times S} / (QM_{G_{RC} \times E/S} + QM_{TC \times G_{RC} \times S} - QM_{TC \times G_{RC} \times E/S})$
C ₁ x S	N – 1	$QM_{C_1 \times S}$	$\sigma^2 + K\sigma_{TC \times C_1 \times E/S}^2 + KI\sigma_{C_1 \times E/S}^2 + KM\sigma_{TC \times C_1 \times S}^2 + KIM\sigma_{C_1 \times S}^2$	$QM_{C_1 \times S} / (QM_{C_1 \times E/S} + QM_{TC \times C_1 \times S} - QM_{TC \times C_1 \times E/S})$
C ₂ x S	N – 1	$QM_{C_2 \times S}$	$\sigma^2 + K\sigma_{TC \times C_2 \times E/S}^2 + KI\sigma_{C_2 \times E/S}^2 + KM\sigma_{TC \times C_2 \times S}^2 + KIM\sigma_{C_2 \times S}^2$	$QM_{C_2 \times S} / (QM_{C_2 \times E/S} + QM_{TC \times C_2 \times S} - QM_{TC \times C_2 \times E/S})$
G _{RC} x E/S	(J – 1)[N(M – 1)]	$QM_{G_{RC} \times E/S}$	$\sigma^2 + K\sigma_{TC \times G_{RC} \times E/S}^2 + KI\sigma_{G_{RC} \times E/S}^2$	$QM_{G_{RC} \times E/S} / QM_{TC \times G_{RC} \times E/S}$
C ₁ x E/S	N(M – 1)	$QM_{C_1 \times E/S}$	$\sigma^2 + K\sigma_{TC \times C_1 \times E/S}^2 + KI\sigma_{C_1 \times E/S}^2$	$QM_{C_1 \times E/S} / QM_{TC \times C_1 \times E/S}$
C ₂ x E/S	N(M – 1)	$QM_{C_2 \times E/S}$	$\sigma^2 + K\sigma_{TC \times C_2 \times E/S}^2 + KI\sigma_{C_2 \times E/S}^2$	$QM_{C_2 \times E/S} / QM_{TC \times C_2 \times E/S}$
TC x G _{RC}	(I – 1)(J – 1)	$QM_{TC \times G_{RC}}$	$\sigma^2 + K\sigma_{TC \times G_{RC} \times E/S}^2 + KMN\sigma_{TC \times G_{RC}}^2$	$QM_{TC \times G_{RC}} / QM_{TC \times G_{RC} \times E/S}$
TC x C ₁	I – 1	$QM_{TC \times C_1}$	$\sigma^2 + K\sigma_{TC \times C_1 \times E/S}^2 + KMN\sigma_{TC \times C_1}^2$	$QM_{TC \times C_1} / QM_{TC \times C_1 \times E/S}$

ANEXO B. Esquema da análise de variância conjunta entre os grupos de ambientes sem e com estresse hídrico, com as esperanças matemáticas dos quadrados médios e testes F

(conclusão)				
FV ^a	GL ^b	QM	E(QM)	F
TC x C ₂	I – 1	$QM_{TC \times C_2}$	$\sigma^2 + K\sigma_{TC \times C_2 \times E/S}^2 + KMN\sigma_{TC \times C_2}^2$	$QM_{TC \times C_2} / QM_{TC \times C_2 \times E/S}$
TC x G _{RC} x S	(I – 1)(J – 1)(N – 1)	$QM_{TC \times G_{RC} \times S}$	$\sigma^2 + K\sigma_{TC \times G_{RC} \times E/S}^2 + KM\sigma_{TC \times G_{RC} \times S}^2$	$QM_{TC \times G_{RC} \times S} / QM_{TC \times G_{RC} \times E/S}$
TC x C ₁ x S	(I – 1)(N – 1)	$QM_{TC \times C_1 \times S}$	$\sigma^2 + K\sigma_{TC \times C_1 \times E/S}^2 + KM\sigma_{TC \times C_1 \times S}^2$	$QM_{TC \times C_1 \times S} / QM_{TC \times C_1 \times E/S}$
TC x C ₂ x S	(I – 1)(N – 1)	$QM_{TC \times C_2 \times S}$	$\sigma^2 + K\sigma_{TC \times C_2 \times E/S}^2 + KM\sigma_{TC \times C_2 \times S}^2$	$QM_{TC \times C_2 \times S} / QM_{TC \times C_2 \times E/S}$
TC x G _{RC} x E/S	(I – 1)(J – 1)[N(M – 1)]	$QM_{TC \times G_{RC} \times E/S}$	$\sigma^2 + K\sigma_{TC \times G_{RC} \times E/S}^2$	$QM_{TC \times G_{RC} \times E/S} / QM_{\bar{e}}$
TC x C ₁ x E/S	(I – 1)[N(M – 1)]	$QM_{TC \times C_1 \times E/S}$	$\sigma^2 + K\sigma_{TC \times C_1 \times E/S}^2$	$QM_{TC \times C_1 \times E/S} / QM_{\bar{e}}$
TC x C ₂ x E/S	(I – 1)[N(M – 1)]	$QM_{TC \times C_2 \times E/S}$	$\sigma^2 + K\sigma_{TC \times C_2 \times E/S}^2$	$QM_{TC \times C_2 \times E/S} / QM_{\bar{e}}$
Epistasia total (Z)	I	QM_Z	$\sigma^2 + K\sigma_{Z \times E/S}^2 + KMN\sigma_Z^2$	$QM_Z / QM_{Z \times E/S}$
Z x S	I(N – 1)	$QM_{Z \times S}$	$\sigma^2 + K\sigma_{Z \times E/S}^2 + KM\sigma_{Z \times S}^2$	$QM_{Z \times S} / QM_{Z \times E/S}$
Z x E/S	I[N(M – 1)]	$QM_{Z \times E/S}$	$\sigma^2 + K\sigma_{Z \times E/S}^2$	$QM_{Z \times E/S} / QM_{\bar{e}}$
Erro efetivo médio	NM[IJ(K – 1) – (KL – 1)]	$QM_{\bar{e}}$	σ^2	-----

^a TC refere-se aos testecrosses oriundos das plantas F₂; G_{RC1}, G_{RC2} e G_{RC3} referem-se aos testecrosses da geração 1 (genitor recorrente L-08-05F), 2 (genitor recorrente L-38-05D) e 3 (parental recorrente F₁) de progênies de retrocruzamento, respectivamente; Z refere-se à soma das somas de quadrados de C₂ e TC x C₂; Z x S refere-se à soma das somas de quadrados de C₂ x S e TC x C₂ x S; Z x E/S refere-se à soma das somas de quadrados de C₂ x E/S e TC x C₂ x E/S.

^b I, J, K, L, M e N referem-se ao número de plantas F₂, gerações de retrocruzamento, repetições, blocos dentro de repetições, ambientes dentro de grupos e grupos de ambientes, respectivamente.

ANEXO C. Estimativas das somas de quadrados (SQ) das fontes de variação C_1 , C_2 , $TC \times C_1$, $TC \times C_2$ e Epistasia total (Z)

Para as análises de variâncias conjuntas de cada grupo, as SQ dos contrastes ortogonais $C_1 = G_{RC1} - G_{RC2}$ e $C_2 = G_{RC1} + G_{RC2} - 2G_{RC3}$ são apresentadas nas eq. (39 e 40), as SQ das fontes de variação $TC \times C_1$ e $TC \times C_2$ são apresentadas nas eq. (41 e 42) e a SQ da fonte de variação Epistasia total (Z) é apresentada na eq. (43):

$$SQ_{C_1} = K \left[\sum (G_{RC1_{im}} - G_{RC2_{im}}) \right]^2 / \sum \epsilon_i^2 \quad (39)$$

em que K refere-se ao número de repetições, sendo $K = 2$; $G_{RC1_{im}}$ e $G_{RC2_{im}}$ referem-se às médias ajustadas do testecross referente à i -ésima planta F_2 na geração de retrocruzamento com o genitor recorrente L-08-05F e L-38-05D, respectivamente, no m -ésimo ambiente; $\sum \epsilon_i^2$ é o somatório dos coeficientes quadráticos do contraste C_1 ($1^2 + 1^2 = 2$).

$$SQ_{C_2} = K \left[\sum (G_{RC1_{im}} + G_{RC2_{im}} - 2G_{RC3_{im}}) \right]^2 / \sum \epsilon_2^2 \quad (40)$$

em que $G_{RC3_{im}}$ refere-se à média ajustada do testecross referente à i -ésima planta F_2 na geração de retrocruzamento com o parental F_1 , no m -ésimo ambiente; $\sum \epsilon_2^2$ é o somatório dos coeficientes quadráticos do contraste C_2 ($1^2 + 1^2 + 2^2 = 6$).

$$SQ_{TC \times C_1} = K \sum (\bar{G}_{RC1_{im}} - \bar{G}_{RC2_{im}})^2 / \sum \epsilon_1^2 - SQ_{C_1} \quad (41)$$

$$SQ_{TC \times C_2} = K \sum (\bar{G}_{RC1_{im}} + \bar{G}_{RC2_{im}} - 2\bar{G}_{RC3_{im}})^2 / \sum \epsilon_2^2 - SQ_{C_2} \quad (42)$$

$$SQ_Z = K \sum (\bar{G}_{RC1_{im}} + \bar{G}_{RC2_{im}} - 2\bar{G}_{RC3_{im}})^2 / \sum \epsilon_2^2 \quad (43)$$

Para análises de variâncias conjuntas entre os grupos, as SQ dos contrastes ortogonais C_1 e C_2 são apresentadas nas eq. (44 e 45), as SQ das fontes de variação $TC \times C_1$ e $TC \times C_2$ são apresentadas nas eq. (46 e 47) e a SQ da fonte de variação Epistasia total (Z) é apresentada na eq. (48):

$$SQ_{C_1} = K \left[\sum (G_{RC1_{im}} - G_{RC2_{im}}) \right]^2 / \sum \epsilon_i^2 \quad (44)$$

em que $G_{RC1_{im}}$ e $G_{RC2_{im}}$ referem-se às médias ajustadas do testecross referente à i -ésima planta F_2 na geração de retrocruzamento com o genitor recorrente L-08-05F e L-38-05D, respectivamente, no m -ésimo ambiente dentro do n -ésimo grupo.

$$SQ_{C_2} = K \left[\sum \left(G_{RC1_{imn}} + G_{RC2_{imn}} - 2G_{RC3_{imn}} \right)^2 \right] / \sum \epsilon_2^2 \quad (45)$$

em que $G_{RC3_{imn}}$ refere-se à média ajustada do testecross referente à i -ésima planta F_2 na geração de retrocruzamento com o parental F_1 , no m -ésimo ambiente dentro do n -ésimo grupo.

$$SQ_{TC \times C_1} = K \sum \left(\overline{G}_{RC1_{imn}} - \overline{G}_{RC2_{imn}} \right)^2 / \sum \epsilon_1^2 - SQ_{C_1} \quad (46)$$

$$SQ_{TC \times C_2} = K \sum \left(\overline{G}_{RC1_{imn}} + \overline{G}_{RC2_{imn}} - 2\overline{G}_{RC3_{imn}} \right)^2 / \sum \epsilon_2^2 - SQ_{C_2} \quad (47)$$

$$SQ_Z = K \sum \left(\overline{G}_{RC1_{imn}} + \overline{G}_{RC2_{imn}} - 2\overline{G}_{RC3_{imn}} \right)^2 / \sum \epsilon_2^2 \quad (48)$$

ANEXO D. Esquema das análises de covariâncias conjuntas por grupo de ambientes sem e com estresse hídrico, com as esperanças matemáticas dos produtos médios

(continua)

FC ^a	GL ^b	PM	E(PM)
Ambientes (E)	M – 1	$PM_{E_{xy}}$	$Cov_{xy} + KJCov_{TC \times E_{xy}} + KJICov_{E_{xy}}$
Testecrosses (TC)	I – 1	$PM_{TC_{xy}}$	$Cov_{xy} + KJCov_{TC \times E_{xy}} + KJMCov_{TC_{xy}}$
TC x E	(I – 1)(M – 1)	$PM_{TC \times E_{xy}}$	$Cov_{xy} + KJCov_{TC \times E_{xy}}$
Gerações de RC (G _{RC})	J – 1	$PM_{G_{RC} \times y}$	$Cov_{xy} + KCov_{TC \times G_{RC} \times E_{xy}} + KICov_{G_{RC} \times E_{xy}} + KMCov_{TC \times G_{RC} \times y} + KIM \sum_{j=1}^3 \frac{G_{RC_{jx}} G_{RC_{jy}}}{J-1}$
G _{RC1} vs G _{RC2} (C ₁)	1	$PM_{C_1 \times y}$	$Cov_{xy} + KCov_{TC \times C_1 \times E_{xy}} + KICov_{C_1 \times E_{xy}} + KMCov_{TC \times C_1 \times y} + KIMC_{1x} C_{1y}$
G _{RC1} + G _{RC2} vs 2G _{RC3} (C ₂)	1	$PM_{C_2 \times y}$	$Cov_{xy} + KCov_{TC \times C_2 \times E_{xy}} + KICov_{C_2 \times E_{xy}} + KMCov_{TC \times C_2 \times y} + KIMC_{2x} C_{2y}$
G _{RC} x E	(J – 1)(M – 1)	$PM_{G_{RC} \times E_{xy}}$	$Cov_{xy} + KCov_{TC \times G_{RC} \times E_{xy}} + KICov_{G_{RC} \times E_{xy}}$
C ₁ x E	M – 1	$PM_{C_1 \times E_{xy}}$	$Cov_{xy} + KCov_{TC \times C_1 \times E_{xy}} + KICov_{C_1 \times E_{xy}}$
C ₂ x E	M – 1	$PM_{C_2 \times E_{xy}}$	$Cov_{xy} + KCov_{TC \times C_2 \times E_{xy}} + KICov_{C_2 \times E_{xy}}$
TC x G _{RC}	(I – 1)(J – 1)	$PM_{TC \times G_{RC} \times y}$	$Cov_{xy} + KCov_{TC \times G_{RC} \times E_{xy}} + KMCov_{TC \times G_{RC} \times y}$
TC x C ₁	I – 1	$PM_{TC \times C_1 \times y}$	$Cov_{xy} + KCov_{TC \times C_1 \times E_{xy}} + KMCov_{TC \times C_1 \times y}$
TC x C ₂	I – 1	$PM_{TC \times C_2 \times y}$	$Cov_{xy} + KCov_{TC \times C_2 \times E_{xy}} + KMCov_{TC \times C_2 \times y}$
TC x G _{RC} x E	(I – 1)(J – 1)(M – 1)	$PM_{TC \times G_{RC} \times E_{xy}}$	$Cov_{xy} + KCov_{TC \times G_{RC} \times E_{xy}}$
TC x C ₁ x E	(I – 1)(M – 1)	$PM_{TC \times C_1 \times E_{xy}}$	$Cov_{xy} + KCov_{TC \times C_1 \times E_{xy}}$
TC x C ₂ x E	(I – 1)(M – 1)	$PM_{TC \times C_2 \times E_{xy}}$	$Cov_{xy} + KCov_{TC \times C_2 \times E_{xy}}$

ANEXO D. Esquema das análises de covariâncias conjuntas por grupo de ambientes sem e com estresse hídrico, com as esperanças matemáticas dos produtos médios

(conclusão)			
FC ^a	GL ^b	PM	E(PM)
Epistasia total (Z)	I	$PM_{Z_{xy}}$	$Cov_{xy} + KCov_{Z \times E_{xy}} + KMCov_{Z_{xy}}$
Z x E	I(M - 1)	$PM_{Z \times E_{xy}}$	$Cov_{xy} + KCov_{Z \times E_{xy}}$
Erro efetivo médio	M[IJ(K - 1) - (KL - 1)]	$PM_{\bar{e}_{xy}}$	Cov_{xy}

^a TC refere-se aos testecrosses oriundos das plantas F₂; G_{RC1}, G_{RC2} e G_{RC3} referem-se aos testecrosses da geração 1 (genitor recorrente L-08-05F), 2 (genitor recorrente L-38-05D) e 3 (parental recorrente F₁) de progênes de retrocruzamento, respectivamente; Z refere-se à soma das somas de produtos de C₂ e TC x C₂; Z x E refere-se à soma das somas de produtos de C₂ x E e TC x C₂ x E.

^b I, J, K, L e M referem-se ao número de plantas F₂, gerações de retrocruzamento, repetições, blocos dentro de repetições e ambientes, respectivamente.

ANEXO E. Esquema da análise de covariância conjunta entre os grupos de ambientes sem e com estresse hídrico, com as esperanças matemáticas dos produtos médios

(continua)

FC ^a	GL ^b	PM	E(PM)
Grupos (S)	N - 1	$PM_{S_{xy}}$	$Cov_{xy} + KJCov_{TC \times E / S_{xy}} + KJICov_{E / S_{xy}} + KJMCov_{TC \times S_{xy}} + KJIM \sum_{n=1}^2 \frac{S_{n \times} S_{n \cdot y}}{N - 1}$
Ambientes/S (E/S)	N(M - 1)	$PM_{E / S_{xy}}$	$Cov_{xy} + KJCov_{TC \times E / S_{xy}} + KJICov_{E / S_{xy}}$
Testecrosses (TC)	I - 1	$PM_{TC_{xy}}$	$Cov_{xy} + KJCov_{TC \times E / S_{xy}} + KJMN Cov_{TC_{xy}}$
TC x S	(I - 1)(N - 1)	$PM_{TC \times S_{xy}}$	$Cov_{xy} + KJCov_{TC \times E / S_{xy}} + KJMCov_{TC \times S_{xy}}$
TC x E/S	(I - 1)[N(M - 1)]	$PM_{TC \times E / S_{xy}}$	$Cov_{xy} + KJCov_{TC \times E / S_{xy}}$
Gerações de RC (GRC)	J - 1	$PM_{GRC_{xy}}$	$Cov_{xy} + KCov_{TC \times GRC \times E / S_{xy}} + KICov_{GRC \times E / S_{xy}} + KMNCov_{TC \times GRC_{xy}} + KIMN \sum_{j=1}^3 \frac{G_{RC \cdot j \times} G_{RC \cdot j \cdot y}}{J - 1}$
GRC1 vs GRC2 (C ₁)	1	$PM_{C_1_{xy}}$	$Cov_{xy} + KCov_{TC \times C_1 \times E / S_{xy}} + KICov_{C_1 \times E / S_{xy}} + KMNCov_{TC \times C_1_{xy}} + KIMNC_{1 \times} C_{1 \cdot y}$
GRC1+GRC2 vs 2GRC3 (C ₂)	1	$PM_{C_2_{xy}}$	$Cov_{xy} + KCov_{TC \times C_2 \times E / S_{xy}} + KICov_{C_2 \times E / S_{xy}} + KMNCov_{TC \times C_2_{xy}} + KIMNC_{2 \times} C_{2 \cdot y}$
GRC x S	(J - 1)(N - 1)	$PM_{GRC \times S_{xy}}$	$Cov_{xy} + KCov_{TC \times GRC \times E / S_{xy}} + KICov_{GRC \times E / S_{xy}} + KMCov_{TC \times GRC \times S_{xy}} + KIMCov_{GRC \times S_{xy}}$
C ₁ x S	N - 1	$PM_{C_1 \times S_{xy}}$	$Cov_{xy} + KCov_{TC \times C_1 \times E / S_{xy}} + KICov_{C_1 \times E / S_{xy}} + KMCov_{TC \times C_1 \times S_{xy}} + KIMCov_{C_1 \times S_{xy}}$
C ₂ x S	N - 1	$PM_{C_2 \times S_{xy}}$	$Cov_{xy} + KCov_{TC \times C_2 \times E / S_{xy}} + KICov_{C_2 \times E / S_{xy}} + KMCov_{TC \times C_2 \times S_{xy}} + KIMCov_{C_2 \times S_{xy}}$
GRC x E/S	(J - 1)[N(M - 1)]	$PM_{GRC \times E / S_{xy}}$	$Cov_{xy} + KCov_{TC \times GRC \times E / S_{xy}} + KICov_{GRC \times E / S_{xy}}$
C ₁ x E/S	N(M - 1)	$PM_{C_1 \times E / S_{xy}}$	$Cov_{xy} + KCov_{TC \times C_1 \times E / S_{xy}} + KICov_{C_1 \times E / S_{xy}}$
C ₂ x E/S	N(M - 1)	$PM_{C_2 \times E / S_{xy}}$	$Cov_{xy} + KCov_{TC \times C_2 \times E / S_{xy}} + KICov_{C_2 \times E / S_{xy}}$
TC x GRC	(I - 1)(J - 1)	$PM_{TC \times GRC_{xy}}$	$Cov_{xy} + KCov_{TC \times GRC \times E / S_{xy}} + KMNCov_{TC \times GRC_{xy}}$

ANEXO E. Esquema da análise de covariância conjunta entre os grupos de ambientes sem e com estresse hídrico, com as esperanças matemáticas dos produtos médios

(conclusão)

FC ^a	GL ^b	PM	E(PM)
TC x C ₁	I – 1	PM_{TCxC_1xy}	$Cov_{xy} + KCov_{TCxC_1xE/S_{xy}} + KMNCov_{TCxC_1xy}$
TC x C ₂	I – 1	PM_{TCxC_2xy}	$Cov_{xy} + KCov_{TCxC_2xE/S_{xy}} + KMNCov_{TCxC_2xy}$
TC x G _{RC} x S	(I – 1)(J – 1)(N – 1)	$PM_{TCxG_{RC}xS_{xy}}$	$Cov_{xy} + KCov_{TCxG_{RC}xE/S_{xy}} + KMCov_{TCxG_{RC}xS_{xy}}$
TC x C ₁ x S	(I – 1)(N – 1)	$PM_{TCxC_1xS_{xy}}$	$Cov_{xy} + KCov_{TCxC_1xE/S_{xy}} + KMCov_{TCxC_1xS_{xy}}$
TC x C ₂ x S	(I – 1)(N – 1)	$PM_{TCxC_2xS_{xy}}$	$Cov_{xy} + KCov_{TCxC_2xE/S_{xy}} + KMCov_{TCxC_2xS_{xy}}$
TC x G _{RC} x E/S	(I – 1)(J – 1)[N(M – 1)]	$PM_{TCxG_{RC}xE/S_{xy}}$	$Cov_{xy} + KCov_{TCxG_{RC}xE/S_{xy}}$
TC x C ₁ x E/S	(I – 1)[N(M – 1)]	$PM_{TCxC_1xE/S_{xy}}$	$Cov_{xy} + KCov_{TCxC_1xE/S_{xy}}$
TC x C ₂ x E/S	(I – 1)[N(M – 1)]	$PM_{TCxC_2xE/S_{xy}}$	$Cov_{xy} + KCov_{TCxC_2xE/S_{xy}}$
Epistasia total (Z)	I	PM_{Zxy}	$Cov_{xy} + KCov_{ZxE/S_{xy}} + KMNCov_{Zxy}$
Z x S	I(N – 1)	$PM_{ZxS_{xy}}$	$Cov_{xy} + KCov_{ZxE/S_{xy}} + KMCov_{ZxS_{xy}}$
Z x E/S	I[N(M – 1)]	$PM_{ZxE/S_{xy}}$	$Cov_{xy} + KCov_{ZxE/S_{xy}}$
Erro efetivo médio	NM[IJ(K – 1) – (KL – 1)]	$PM_{\bar{e}_{xy}}$	Cov_{xy}

^a TC refere-se aos testecrosses oriundos das plantas F₂; G_{RC1}, G_{RC2} e G_{RC3} referem-se aos testecrosses da geração 1 (genitor recorrente L-08-05F), 2 (genitor recorrente L-38-05D) e 3 (parental recorrente F₁) de progêies de retrocruzamento, respectivamente; Z refere-se à soma das somas de produtos de C₂ e TC x C₂; Z x S refere-se à soma das somas de produtos de C₂ x S e TC x C₂ x S; Z x E/S refere-se à soma das somas de produtos de C₂ x E/S e TC x C₂ x E/S.

^b I, J, K, L, M e N referem-se ao número de plantas F₂, gerações de retrocruzamento, repetições, blocos dentro de repetições, ambientes dentro de grupos e grupos de ambientes, respectivamente.

ANEXO F. Equações para obtenção dos desvios padrão associados às estimativas dos coeficientes de correlação genética aditiva e epistática

Desvios padrão associados às estimativas dos coeficientes de correlação genética aditiva ($\hat{\sigma}_{\hat{r}_{G_{xy}}}$), eq. (49):

$$\hat{\sigma}_{\hat{r}_{G_{xy}}} = \sqrt{\hat{\sigma}_{\hat{r}_{G_{xy}}}^2} \quad (49)$$

em que, $\hat{\sigma}_{\hat{r}_{G_{xy}}}^2$ é a estimativa da variância dos coeficientes de correlação genética aditiva ($\hat{r}_{G_{xy}}$), obtida pela eq. (50) para as análises de covariâncias conjuntas de cada grupo de ambientes e eq. (51) para as análises de covariâncias conjuntas entre os grupos de ambientes.

$$\hat{\sigma}_{r_{G_{xy}}}^2 = \frac{1}{GL_{TC}(KJM)^2 \left(\frac{\hat{\sigma}_{TC_x}^2}{\hat{\sigma}_{TC_x}^2 + \hat{\sigma}_{TCxE_x}^2 + \hat{\sigma}_x^2} \right) \left(\frac{\hat{\sigma}_{TC_y}^2}{\hat{\sigma}_{TC_y}^2 + \hat{\sigma}_{TCxE_y}^2 + \hat{\sigma}_y^2} \right)} \left[1 + (KJM - 1) \left(\frac{\hat{\sigma}_{TC_x}^2}{\hat{\sigma}_{TC_x}^2 + \hat{\sigma}_{TCxE_x}^2 + \hat{\sigma}_x^2} \right) \right] \left\{ 1 + (KJM - 2) \left(\frac{\hat{\sigma}_{TC_y}^2}{\hat{\sigma}_{TC_y}^2 + \hat{\sigma}_{TCxE_y}^2 + \hat{\sigma}_y^2} \right) + \left[\frac{C\hat{o}v_{TC_{xy}} + C\hat{o}v_{TCxE_{xy}} + C\hat{o}v_{xy}}{\sqrt{(\hat{\sigma}_{TC_x}^2 + \hat{\sigma}_{TCxE_x}^2 + \hat{\sigma}_x^2)(\hat{\sigma}_{TC_y}^2 + \hat{\sigma}_{TCxE_y}^2 + \hat{\sigma}_y^2)}} \right]^2 \right\} +$$

$$\frac{1}{GL_{TCxE}(KJM)^2 \left(\frac{\hat{\sigma}_{TC_x}^2}{\hat{\sigma}_{TC_x}^2 + \hat{\sigma}_{TCxE_x}^2 + \hat{\sigma}_x^2} \right) \left(\frac{\hat{\sigma}_{TC_y}^2}{\hat{\sigma}_{TC_y}^2 + \hat{\sigma}_{TCxE_y}^2 + \hat{\sigma}_y^2} \right)} \left\{ \left[1 - \left(\frac{\hat{\sigma}_{TC_x}^2}{\hat{\sigma}_{TC_x}^2 + \hat{\sigma}_{TCxE_x}^2 + \hat{\sigma}_x^2} \right) \right] \left[1 - \left(\frac{\hat{\sigma}_{TC_y}^2}{\hat{\sigma}_{TC_y}^2 + \hat{\sigma}_{TCxE_y}^2 + \hat{\sigma}_y^2} \right) \right] + \left[\frac{C\hat{o}v_{TC_{xy}} + C\hat{o}v_{TCxE_{xy}} + C\hat{o}v_{xy}}{\sqrt{(\hat{\sigma}_{TC_x}^2 + \hat{\sigma}_{TCxE_x}^2 + \hat{\sigma}_x^2)(\hat{\sigma}_{TC_y}^2 + \hat{\sigma}_{TCxE_y}^2 + \hat{\sigma}_y^2)}} \right]^2 \right\} \quad (50)$$

em que, GL_{TC} e GL_{TCxE} referem-se aos graus de liberdade associados às fontes de variação testecrosses e interação testecrosses x ambientes, respectivamente; K, J e M referem-se ao número de repetições, de gerações de retrocruzamento e de ambientes, respectivamente; $\hat{\sigma}_{TC}^2$, $\hat{\sigma}_{TCxE}^2$ e $\hat{\sigma}^2$ referem-se às estimativas de variâncias genéticas de testecrosses, da interação testecrosses x ambientes e do erro ($\hat{\sigma}^2 = QM_{\bar{e}}$), respectivamente, para os caracteres x ou y ; $C\hat{o}v_{TC_{xy}}$, $C\hat{o}v_{TCxE_{xy}}$ e $C\hat{o}v_{xy}$ referem-se às estimativas de covariâncias genéticas de testecrosses, da interação testecrosses x ambientes [$C\hat{o}v_{TC \ xE_{xy}} = (PM_{TCxE_{xy}} - PM_{\bar{e}_{xy}})/KJ$] e do erro ($C\hat{o}v_{xy} = PM_{\bar{e}_{xy}}$), entre os caracteres x e y .

$$\begin{aligned}
\hat{\sigma}_{\epsilon_{xy}}^2 = & \frac{1}{GL_{TC}(KJMN)^2 \left(\frac{\hat{\sigma}_{TC_x}^2}{\hat{\sigma}_{TC_x}^2 + \hat{\sigma}_{TCxE/S_x}^2 + \hat{\sigma}_x^2} \right) \left(\frac{\hat{\sigma}_{TC_y}^2}{\hat{\sigma}_{TC_y}^2 + \hat{\sigma}_{TCxE/S_y}^2 + \hat{\sigma}_y^2} \right)} \left[1 + (KJMN-1) \left(\frac{\hat{\sigma}_{TC_x}^2}{\hat{\sigma}_{TC_x}^2 + \hat{\sigma}_{TCxE/S_x}^2 + \hat{\sigma}_x^2} \right) \right] \left[1 + (KJMN-2) \left(\frac{\hat{\sigma}_{TC_y}^2}{\hat{\sigma}_{TC_y}^2 + \hat{\sigma}_{TCxE/S_y}^2 + \hat{\sigma}_y^2} \right) + \left[\frac{\hat{C}\hat{o}\hat{v}_{TC_{xy}} + \hat{C}\hat{o}\hat{v}_{TCxE/S_{xy}} + \hat{C}\hat{o}\hat{v}_{xy}}{\sqrt{(\hat{\sigma}_{TC_x}^2 + \hat{\sigma}_{TCxE/S_x}^2 + \hat{\sigma}_x^2)(\hat{\sigma}_{TC_y}^2 + \hat{\sigma}_{TCxE/S_y}^2 + \hat{\sigma}_y^2)}} \right]^2 \right] + \\
& \frac{1}{GL_{TCxE/S}(KJMN)^2 \left(\frac{\hat{\sigma}_{TC_x}^2}{\hat{\sigma}_{TC_x}^2 + \hat{\sigma}_{TCxE/S_x}^2 + \hat{\sigma}_x^2} \right) \left(\frac{\hat{\sigma}_{TC_y}^2}{\hat{\sigma}_{TC_y}^2 + \hat{\sigma}_{TCxE/S_y}^2 + \hat{\sigma}_y^2} \right)} \left\{ \left[1 - \left(\frac{\hat{\sigma}_{TC_x}^2}{\hat{\sigma}_{TC_x}^2 + \hat{\sigma}_{TCxE/S_x}^2 + \hat{\sigma}_x^2} \right) \right] \left[1 - \left(\frac{\hat{\sigma}_{TC_y}^2}{\hat{\sigma}_{TC_y}^2 + \hat{\sigma}_{TCxE/S_y}^2 + \hat{\sigma}_y^2} \right) \right] + \left[\frac{\hat{C}\hat{o}\hat{v}_{TC_{xy}} + \hat{C}\hat{o}\hat{v}_{TCxE/S_{xy}} + \hat{C}\hat{o}\hat{v}_{xy}}{\sqrt{(\hat{\sigma}_{TC_x}^2 + \hat{\sigma}_{TCxE/S_x}^2 + \hat{\sigma}_x^2)(\hat{\sigma}_{TC_y}^2 + \hat{\sigma}_{TCxE/S_y}^2 + \hat{\sigma}_y^2)}} \right]^2 \right\} \quad (51)
\end{aligned}$$

em que, $GL_{TCxE/S}$ refere-se ao grau de liberdade associado à fonte de variação interação testecrosses x ambientes dentro de grupos; N refere-se ao número de grupos de ambientes; $\hat{\sigma}_{TCxE/S}^2$ refere-se à estimativa de variância da interação testecrosses x ambientes dentro de grupos para os caracteres x ou y ; $\hat{C}\hat{o}\hat{v}_{TCxE/S_{xy}}$ refere-se à estimativa de covariância da interação testecrosses x ambientes dentro de grupos $[\hat{C}\hat{o}\hat{v}_{TCxE/S_{xy}} = (PM_{TCxE/S_{xy}} - PM_{\bar{e}_{xy}})/KJ]$ entre os caracteres x e y .

Desvios padrão associados às estimativas dos coeficientes de correlação epistática total ($\hat{\sigma}_{\hat{r}_{Z_{xy}}}$), eq. (52):

$$\hat{\sigma}_{\hat{r}_{Z_{xy}}} = \sqrt{\hat{\sigma}_{\hat{r}_{Z_{xy}}}^2} \quad (52)$$

em que, $\hat{\sigma}_{\hat{r}_{Z_{xy}}}^2$ é a estimativa da variância dos coeficientes de correlação epistática total ($\hat{r}_{Z_{xy}}$), obtida pela eq. (53) para as análises de covariâncias conjuntas de cada grupo de ambientes e eq. (54) para as análises de covariâncias conjuntas entre os grupos de ambientes.

$$\begin{aligned}
\hat{\sigma}_{r_{L_{xy}}}^2 = & \frac{1}{GL_Z(KM)^2 \left(\frac{\hat{\sigma}_{Z_x}^2}{\hat{\sigma}_{Z_x}^2 + \hat{\sigma}_{\epsilon_x}^2} \right) \left(\frac{\hat{\sigma}_{Z_y}^2}{\hat{\sigma}_{Z_y}^2 + \hat{\sigma}_{\epsilon_y}^2} \right)} \left[1 + (KM - 1) \left(\frac{\hat{\sigma}_{Z_x}^2}{\hat{\sigma}_{Z_x}^2 + \hat{\sigma}_{\epsilon_x}^2} \right) \right] \left\{ 1 + (KM - 2) \left(\frac{\hat{\sigma}_{Z_y}^2}{\hat{\sigma}_{Z_y}^2 + \hat{\sigma}_{\epsilon_y}^2} \right) + \left[\frac{C\hat{ov}_{Z_{xy}} + C\hat{ov}_{\epsilon_{xy}}}{\sqrt{(\hat{\sigma}_{Z_x}^2 + \hat{\sigma}_{\epsilon_x}^2)(\hat{\sigma}_{Z_y}^2 + \hat{\sigma}_{\epsilon_y}^2)}} \right]^2 \right\} + \\
& \frac{1}{GL_{Z \times E}(KM)^2 \left(\frac{\hat{\sigma}_{Z_x}^2}{\hat{\sigma}_{Z_x}^2 + \hat{\sigma}_{\epsilon_x}^2} \right) \left(\frac{\hat{\sigma}_{Z_y}^2}{\hat{\sigma}_{Z_y}^2 + \hat{\sigma}_{\epsilon_y}^2} \right)} \left\{ \left[1 - \left(\frac{\hat{\sigma}_{Z_x}^2}{\hat{\sigma}_{Z_x}^2 + \hat{\sigma}_{\epsilon_x}^2} \right) \right] \left[1 - \left(\frac{\hat{\sigma}_{Z_y}^2}{\hat{\sigma}_{Z_y}^2 + \hat{\sigma}_{\epsilon_y}^2} \right) \right] + \left[\frac{C\hat{ov}_{Z_{xy}} + C\hat{ov}_{\epsilon_{xy}}}{\sqrt{(\hat{\sigma}_{Z_x}^2 + \hat{\sigma}_{\epsilon_x}^2)(\hat{\sigma}_{Z_y}^2 + \hat{\sigma}_{\epsilon_y}^2)}} \right]^2 \right\}
\end{aligned} \tag{53}$$

em que, GL_Z e $GL_{Z \times E}$ referem-se aos graus de liberdade associados às fontes de variação epistasia total e interação epistasia total x ambientes, respectivamente; $\hat{\sigma}_Z^2$ e $\hat{\sigma}_\epsilon^2$ referem-se às estimativas de variâncias epistáticas de testecrosses e do erro associado à fonte de variação epistasia total ($\hat{\sigma}_\epsilon^2 = QM_{Z \times E} = \hat{\sigma}^2 + K\hat{\sigma}_{Z \times E}^2$), respectivamente, para os caracteres x ou y ; $C\hat{ov}_{Z_{xy}}$ e $C\hat{ov}_{\epsilon_{xy}}$ referem-se às estimativas de covariância epistática total de testecrosses e de covariância do erro associado à fonte de variação epistasia total (

$C\hat{ov}_{\epsilon_{xy}} = PM_{Z \times E_{xy}} = C\hat{ov}_{xy} + KC\hat{ov}_{Z \times E_{xy}}$) entre os caracteres x e y .

$$\begin{aligned}
\hat{\sigma}_{\hat{r}_{Z_{xy}}}^2 = & \frac{1}{GL_Z(KMN)^2 \left(\frac{\hat{\sigma}_{Z_x}^2}{\hat{\sigma}_{Z_x}^2 + \hat{\sigma}_{\epsilon_x}^2} \right) \left(\frac{\hat{\sigma}_{Z_y}^2}{\hat{\sigma}_{Z_y}^2 + \hat{\sigma}_{\epsilon_y}^2} \right)} \left[1 + (KMN - 1) \left(\frac{\hat{\sigma}_{Z_x}^2}{\hat{\sigma}_{Z_x}^2 + \hat{\sigma}_{\epsilon_x}^2} \right) \right] \left\{ 1 + (KMN - 2) \left(\frac{\hat{\sigma}_{Z_y}^2}{\hat{\sigma}_{Z_y}^2 + \hat{\sigma}_{\epsilon_y}^2} \right) + \left[\frac{C\acute{o}v_{Z_{xy}} + C\acute{o}v_{\epsilon_{xy}}}{\sqrt{(\hat{\sigma}_{Z_x}^2 + \hat{\sigma}_{\epsilon_x}^2)(\hat{\sigma}_{Z_y}^2 + \hat{\sigma}_{\epsilon_y}^2)}} \right]^2 \right\} + \\
& \frac{1}{GL_{Z \times E / S}(KMN)^2 \left(\frac{\hat{\sigma}_{Z_x}^2}{\hat{\sigma}_{Z_x}^2 + \hat{\sigma}_{\epsilon_x}^2} \right) \left(\frac{\hat{\sigma}_{Z_y}^2}{\hat{\sigma}_{Z_y}^2 + \hat{\sigma}_{\epsilon_y}^2} \right)} \left\{ \left[1 - \left(\frac{\hat{\sigma}_{Z_x}^2}{\hat{\sigma}_{Z_x}^2 + \hat{\sigma}_{\epsilon_x}^2} \right) \right] \left[1 - \left(\frac{\hat{\sigma}_{Z_y}^2}{\hat{\sigma}_{Z_y}^2 + \hat{\sigma}_{\epsilon_y}^2} \right) \right] + \left[\frac{C\acute{o}v_{Z_{xy}} + C\acute{o}v_{\epsilon_{xy}}}{\sqrt{(\hat{\sigma}_{Z_x}^2 + \hat{\sigma}_{\epsilon_x}^2)(\hat{\sigma}_{Z_y}^2 + \hat{\sigma}_{\epsilon_y}^2)}} \right]^2 \right\}
\end{aligned} \tag{54}$$

em que, $GL_{Z \times E / S}$ refere-se ao grau de liberdade associado à fonte de variação interação epistasia total x ambientes dentro de grupos; $\hat{\sigma}_{\epsilon}^2$ refere-se à estimativa de variância do erro associado à fonte de variação epistasia total ($\hat{\sigma}_{\epsilon}^2 = QM_{Z \times E / S} = \hat{\sigma}^2 + K\hat{\sigma}_{Z \times E / S}^2$) para os caracteres x ou y; $C\acute{o}v_{\epsilon_{xy}}$ refere-se à estimativa de covariância do erro associado à fonte de variação epistasia total ($C\acute{o}v_{\epsilon_{xy}} = PM_{Z \times E / S_{xy}} = C\acute{o}v_{xy} + KC\acute{o}v_{Z \times E / S_{xy}}$) entre os caracteres x e y.

ANEXO G. Quadrados médios e respectivas significâncias, coeficientes de variação (CV%) e médias das análises de variâncias individuais para o caráter produção de grãos (PG, t ha⁻¹) em testecrosses provenientes dos testadores L-02-03D (TC₁) e L-04-05F (TC₂) avaliados em dez ambientes (E)

FV	GL	Quadrados médios para o TC ₁									
		E ₁	E ₂	E ₃	E ₄	E ₅	E ₆	E ₇	E ₈	E ₉	E ₁₀
Repetições (Rep)	1	181,80**	4,85 ^{ns}	0,29 ^{ns}	425,54**	116,82**	30,68**	376,24**	324,91**	10,64*	24,37**
Blocos/Rep	38	3,25**	3,05**	2,45**	4,51**	2,08**	1,50**	5,77**	5,50**	1,48**	0,68**
Testecrosses (TC)	99	3,58**	3,36**	2,37**	4,47**	2,84**	1,23**	3,66**	2,87**	1,64**	0,66**
Gerações de RC (G _{RC})	2	0,34 ^{ns}	23,71**	4,34*	6,84**	5,66**	3,15**	1,95 ^{ns}	4,16 ^{ns}	0,74 ^{ns}	0,86 ^{ns}
G _{RC1} vs G _{RC2} (C ₁)	1	0,03 ^{ns}	43,76**	3,25 ^{ns}	13,52**	8,11*	3,57*	0,61 ^{ns}	7,63*	0,81 ^{ns}	1,42 ^{ns}
G _{RC1} + G _{RC2} vs 2G _{RC3} (C ₂)	1	0,64 ^{ns}	3,94 ^{ns}	5,39*	0,16 ^{ns}	3,37 ^{ns}	2,80*	3,29 ^{ns}	0,69 ^{ns}	0,66 ^{ns}	0,30 ^{ns}
TC x G _{RC}	198	1,59 ^{ns}	1,43 ^{ns}	1,20 ^{ns}	1,28 ^{ns}	1,07 ^{ns}	0,64 ^{ns}	1,39 ^{ns}	1,39 ^{ns}	0,51 ^{ns}	0,42 ^{ns}
TC x C ₁	99	1,56 ^{ns}	1,64 ^{ns}	1,17 ^{ns}	1,30 ^{ns}	1,22 ^{ns}	0,65 ^{ns}	1,26 ^{ns}	1,40 ^{ns}	0,49 ^{ns}	0,38 ^{ns}
TC x C ₂	99	1,61 ^{ns}	1,25 ^{ns}	1,23 ^{ns}	1,27 ^{ns}	0,93 ^{ns}	0,63 ^{ns}	1,52 ^{ns}	1,38 ^{ns}	0,53 ^{ns}	0,45 ^{ns}
Epistasia total	100	1,60 ^{ns}	1,27 ^{ns}	1,27 ^{ns}	1,26 ^{ns}	0,95 ^{ns}	0,65 ^{ns}	1,54 ^{ns}	1,37 ^{ns}	0,54 ^{ns}	0,45 ^{ns}
Resíduo	260	1,53	1,28	1,24	1,58	1,07	0,59	1,50	1,54	0,67	0,35
CV%		11,86	11,20	11,30	12,79	11,39	10,71	17,94	18,50	19,36	15,59
Média geral		10,42	10,09	9,87	9,84	9,07	7,16	6,83	6,72	4,24	3,81
IV		8,15;12,30	7,46;12,15	7,56;11,92	7,50;12,23	6,28;10,73	5,44;8,41	5,10;8,60	4,31;8,81	2,09;5,83	2,76;4,55

FV	GL	Quadrados médios para o TC ₂									
		E ₁	E ₂	E ₃	E ₄	E ₅	E ₆	E ₇	E ₈	E ₉	E ₁₀
Repetições (Rep)	1	77,81**	0,32 ^{ns}	0,47 ^{ns}	87,89**	23,89**	4,63*	322,42**	190,70**	48,58**	2,79*
Blocos/Rep	38	3,75**	1,48 ^{ns}	1,81**	1,82**	0,97 ^{ns}	0,75*	4,08**	3,17**	1,13**	0,49*
Testecrosses (TC)	99	1,71**	1,95**	1,42**	2,11**	0,95*	0,72*	2,61**	1,72**	1,12**	0,59**
Gerações de RC (G _{RC})	2	17,59**	54,52**	8,32**	11,52**	21,94**	2,89**	0,98 ^{ns}	4,65**	7,37**	1,06 ^{ns}
G _{RC1} vs G _{RC2} (C ₁)	1	33,72**	106,77**	8,30**	15,52**	41,92**	5,04**	1,95 ^{ns}	2,10 ^{ns}	14,15**	1,97*
G _{RC1} + G _{RC2} vs 2G _{RC3} (C ₂)	1	1,37 ^{ns}	2,54 ^{ns}	8,40**	7,51**	1,96 ^{ns}	0,72 ^{ns}	0,00 ^{ns}	7,28**	0,61 ^{ns}	0,15 ^{ns}
TC x G _{RC}	198	1,33 ^{ns}	1,43 ^{ns}	0,81 ^{ns}	0,85 ^{ns}	0,89*	0,46 ^{ns}	1,18 ^{ns}	0,86 ^{ns}	0,49 ^{ns}	0,36 ^{ns}
TC x C ₁	99	1,34 ^{ns}	1,56 ^{ns}	0,78 ^{ns}	0,70 ^{ns}	1,05**	0,49 ^{ns}	1,16 ^{ns}	0,90 ^{ns}	0,45 ^{ns}	0,38 ^{ns}
TC x C ₂	99	1,32 ^{ns}	1,28 ^{ns}	0,85 ^{ns}	1,00 ^{ns}	0,73 ^{ns}	0,42 ^{ns}	1,20 ^{ns}	0,83 ^{ns}	0,53 ^{ns}	0,35 ^{ns}
Epistasia total	100	1,32 ^{ns}	1,30 ^{ns}	0,92 ^{ns}	1,06 ^{ns}	0,75 ^{ns}	0,42 ^{ns}	1,18 ^{ns}	0,89 ^{ns}	0,53 ^{ns}	0,35 ^{ns}
Resíduo	260	1,12	1,20	0,94	0,93	0,69	0,50	1,22	0,96	0,55	0,30
CV%		10,92	11,54	11,22	11,84	9,90	10,56	15,79	15,69	15,81	14,24
Média geral		9,69	9,49	8,65	8,15	8,41	6,69	6,99	6,26	4,70	3,85
IV		8,01;11,53	7,45;11,10	7,49;10,03	6,56;10,31	7,29;9,65	5,14;7,96	4,96;9,78	4,75;8,54	3,47;6,03	3,01;4,60

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

ANEXO H. Quadrados médios e respectivas significâncias, coeficientes de variação (CV%) e médias em escala original (não transformadas) das análises de variâncias individuais para o caráter acamamento e quebramento de plantas (ACQ, %) em testecrosses provenientes dos testadores L-02-03D (TC₁) e L-04-05F (TC₂) avaliados em dez ambientes (E)

FV	GL	Quadrados médios para o TC ₁									
		E ₁	E ₂	E ₃	E ₄	E ₅	E ₆	E ₇	E ₈	E ₉	E ₁₀
Repetições (Rep)	1	32,78**	71,87**	16,40**	76,67**	134,32**	55,43**	69,48**	0,36 ^{ns}	64,89**	17,44**
Blocos/Rep	38	3,02**	1,54**	1,36*	3,16*	7,68**	4,07**	2,96**	0,28 ^{ns}	3,81**	1,95**
Testecrosses (TC)	99	2,77**	1,16*	1,47**	2,23 ^{ns}	4,82**	2,27 ^{ns}	2,46**	0,28 ^{ns}	1,56 ^{ns}	1,17**
Gerações de RC (G _{RC})	2	7,34**	6,52**	0,25 ^{ns}	13,63**	22,56**	29,75**	29,57**	0,88 ^{ns}	24,16**	1,70 ^{ns}
G _{RC1} <i>vs</i> G _{RC2} (C ₁)	1	14,57**	12,07**	0,04 ^{ns}	27,02**	44,26**	52,79**	58,27**	1,28*	48,11**	2,57 ^{ns}
G _{RC1} + G _{RC2} <i>vs</i> 2G _{RC3} (C ₂)	1	0,07 ^{ns}	0,89 ^{ns}	0,46 ^{ns}	0,24 ^{ns}	0,68 ^{ns}	7,09*	0,83 ^{ns}	0,47 ^{ns}	0,26 ^{ns}	0,81 ^{ns}
TC x G _{RC}	198	1,24 ^{ns}	0,98 ^{ns}	1,10*	1,79 ^{ns}	2,08 ^{ns}	1,66 ^{ns}	1,58 ^{ns}	0,29 ^{ns}	1,41 ^{ns}	0,93*
TC x C ₁	99	1,32 ^{ns}	0,96 ^{ns}	0,92 ^{ns}	1,77 ^{ns}	2,25 ^{ns}	1,52 ^{ns}	1,72 ^{ns}	0,32 ^{ns}	1,45 ^{ns}	0,97*
TC x C ₂	99	1,16 ^{ns}	0,99 ^{ns}	1,29**	1,81 ^{ns}	1,92 ^{ns}	1,79 ^{ns}	1,42 ^{ns}	0,27 ^{ns}	1,35 ^{ns}	0,88 ^{ns}
Epistasia total	100	1,15 ^{ns}	0,99 ^{ns}	1,28**	1,79 ^{ns}	1,91 ^{ns}	1,84 ^{ns}	1,41 ^{ns}	0,27 ^{ns}	1,34 ^{ns}	0,88 ^{ns}
Resíduo	260	1,34	0,87	0,84	1,91	2,46	1,99	1,58	0,25	1,57	0,74
CV%		59,39	70,07	67,21	54,93	25,81	46,59	56,72	57,27	31,72	66,24
Média geral		3,30	1,27	1,35	5,85	36,34	8,68	4,43	0,27	15,10	1,19
IV		0,00;15,23	0,00;10,22	0,00;8,03	0,00;19,83	6,48;100,00	1,02;21,77	0,00;14,62	0,00;2,41	5,90;35,70	0,00;6,09

FV	GL	Quadrados médios para o TC ₂									
		E ₁	E ₂	E ₃	E ₄	E ₅	E ₆	E ₇	E ₈	E ₉	E ₁₀
Repetições (Rep)	1	8,48 ^{ns}	25,94**	5,17 ^{ns}	31,53**	21,32 ^{ns}	37,93**	110,58**	3,59**	69,63**	0,50 ^{ns}
Blocos/Rep	38	5,02**	0,48 ^{ns}	1,35 ^{ns}	2,86**	5,68**	4,45**	3,71**	0,40 ^{ns}	2,03*	0,87 ^{ns}
Testecrosses (TC)	99	1,77*	0,58 ^{ns}	1,37 ^{ns}	2,26**	3,93**	2,34 ^{ns}	2,96**	0,62 ^{ns}	1,44 ^{ns}	0,95 ^{ns}
Gerações de RC (G _{RC})	2	7,29**	2,37 ^{ns}	1,34 ^{ns}	11,99**	1,96 ^{ns}	7,99*	34,76**	2,33*	31,07**	8,72**
G _{RC1} <i>vs</i> G _{RC2} (C ₁)	1	14,59**	4,57*	1,89 ^{ns}	23,97**	2,32 ^{ns}	14,93*	69,52**	3,09*	62,07**	16,26**
G _{RC1} + G _{RC2} <i>vs</i> 2G _{RC3} (C ₂)	1	0,00 ^{ns}	0,16 ^{ns}	0,78 ^{ns}	0,01 ^{ns}	1,61 ^{ns}	1,01 ^{ns}	0,00 ^{ns}	1,54 ^{ns}	0,06 ^{ns}	1,14 ^{ns}
TC x G _{RC}	198	1,14 ^{ns}	0,78 ^{ns}	0,99 ^{ns}	1,47 ^{ns}	2,07 ^{ns}	1,96 ^{ns}	1,68 ^{ns}	0,71 ^{ns}	1,42 ^{ns}	0,83 ^{ns}
TC x C ₁	99	1,21 ^{ns}	0,84 ^{ns}	0,91 ^{ns}	1,47 ^{ns}	2,09 ^{ns}	2,49*	1,91 ^{ns}	0,66 ^{ns}	1,65 ^{ns}	0,97 ^{ns}
TC x C ₂	99	1,06 ^{ns}	0,72 ^{ns}	1,07 ^{ns}	1,47 ^{ns}	2,04 ^{ns}	1,44 ^{ns}	1,46 ^{ns}	0,76 ^{ns}	1,20 ^{ns}	0,69 ^{ns}
Epistasia total	100	1,05 ^{ns}	0,71 ^{ns}	1,07 ^{ns}	1,46 ^{ns}	2,03 ^{ns}	1,43 ^{ns}	1,44 ^{ns}	0,77 ^{ns}	1,19 ^{ns}	0,70 ^{ns}
Resíduo	260	1,35	0,77	1,15	1,55	1,86	1,88	1,50	0,61	1,29	0,99
CV%		69,37	73,50	75,85	57,51	22,30	31,44	45,31	66,74	29,64	77,11
Média geral		2,32	0,92	1,49	4,17	36,83	18,51	6,84	0,87	14,17	1,16
IV		0,00;10,55	0,00;3,58	0,00;8,95	0,00;19,66	15,51;76,42	5,05;38,37	0,00;28,75	0,00;3,98	5,71;25,75	0,00;8,27

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

ANEXO I. Quadrados médios e respectivas significâncias, coeficientes de variação (CV%) e médias das análises de variâncias individuais para o caráter prolificidade (PROL, esp pl⁻¹) em testecrosses provenientes dos testadores L-02-03D (TC₁) e L-04-05F (TC₂) avaliados em dez ambientes (E)

FV	GL	Quadrados médios para o TC ₁ ^a									
		E ₁	E ₂	E ₃	E ₄	E ₅	E ₆	E ₇	E ₈	E ₉	E ₁₀
Repetições (Rep)	1	1.440,05**	0,83 ^{ns}	65,27*	656,01**	25,21 ^{ns}	151,19**	1.243,18**	991,60**	392,83**	105,92**
Blocos/Rep	38	18,95**	9,45 ^{ns}	10,23 ^{ns}	12,84**	7,76 ^{ns}	11,02**	25,45**	21,68**	15,87*	8,59 ^{ns}
Testecrosses (TC)	99	17,03**	11,45**	9,29 ^{ns}	12,01**	11,42**	8,26**	18,87**	16,22*	21,63**	9,84 ^{ns}
Gerações de RC (G _{RC})	2	15,28 ^{ns}	28,52*	1,25 ^{ns}	32,22*	27,03*	48,28**	28,25 ^{ns}	13,16 ^{ns}	23,12 ^{ns}	2,88 ^{ns}
G _{RC1} vs G _{RC2} (C ₁)	1	23,51 ^{ns}	56,99**	2,51 ^{ns}	44,67*	53,71**	79,23**	56,09 ^{ns}	26,00 ^{ns}	0,34 ^{ns}	5,76 ^{ns}
G _{RC1} + G _{RC2} vs 2G _{RC3} (C ₂)	1	7,41 ^{ns}	0,02 ^{ns}	0,00 ^{ns}	19,89 ^{ns}	0,51 ^{ns}	18,07 ^{ns}	0,43 ^{ns}	0,33 ^{ns}	45,94*	0,01 ^{ns}
TC x G _{RC}	198	11,77 ^{ns}	7,53 ^{ns}	7,77 ^{ns}	7,05 ^{ns}	7,80 ^{ns}	6,33*	15,18 ^{ns}	8,27 ^{ns}	10,05 ^{ns}	6,72 ^{ns}
TC x C ₁	99	10,78 ^{ns}	7,84 ^{ns}	7,96 ^{ns}	7,33 ^{ns}	7,57 ^{ns}	7,04*	15,36 ^{ns}	7,76 ^{ns}	10,36 ^{ns}	6,78 ^{ns}
TC x C ₂	99	12,86 ^{ns}	7,23 ^{ns}	7,72 ^{ns}	6,76 ^{ns}	7,94 ^{ns}	5,62 ^{ns}	14,92 ^{ns}	8,80 ^{ns}	9,58 ^{ns}	6,66 ^{ns}
Epistasia total	100	12,81 ^{ns}	7,16 ^{ns}	7,64 ^{ns}	6,90 ^{ns}	7,86 ^{ns}	5,75 ^{ns}	14,78 ^{ns}	8,72 ^{ns}	9,94 ^{ns}	6,60 ^{ns}
Resíduo	260	10,04	6,95	7,73	7,20	6,90	4,94	12,68	11,20	10,27	8,20
CV%		10,78	9,41	9,58	9,45	9,37	8,04	14,90	12,83	14,75	10,69
Média geral		0,93	0,89	0,92	0,90	0,89	0,87	0,76	0,83	0,69	0,85
IV		0,74;1,11	0,70;1,02	0,79;1,03	0,75;1,03	0,76;1,00	0,75;0,99	0,60;0,89	0,64;0,96	0,47;0,85	0,70;0,97

FV	GL	Quadrados médios para o TC ₂ ^a									
		E ₁	E ₂	E ₃	E ₄	E ₅	E ₆	E ₇	E ₈	E ₉	E ₁₀
Repetições (Rep)	1	1.630,53**	11,93 ^{ns}	92,42**	238,49**	204,43**	46,07 ^{ns}	891,36**	1.457,41**	1.498,24**	3,22 ^{ns}
Blocos/Rep	38	27,07**	6,13 ^{ns}	11,68 ^{ns}	13,14*	10,83 ^{ns}	12,03*	24,66**	21,18**	17,96*	9,14**
Testecrosses (TC)	99	16,92 ^{ns}	11,65 ^{ns}	11,57 ^{ns}	12,62**	13,76 ^{ns}	9,66 ^{ns}	21,13**	13,67**	15,81*	9,94**
Gerações de RC (G _{RC})	2	122,94**	222,66**	51,56**	84,85**	81,81**	77,91**	31,70 ^{ns}	55,58**	111,31**	11,61 ^{ns}
G _{RC1} vs G _{RC2} (C ₁)	1	225,63**	421,36**	35,01 ^{ns}	100,06**	129,22**	152,95**	19,04 ^{ns}	32,75 ^{ns}	212,90**	8,41 ^{ns}
G _{RC1} + G _{RC2} vs 2G _{RC3} (C ₂)	1	19,28 ^{ns}	25,64 ^{ns}	68,44**	69,56**	34,38 ^{ns}	3,06 ^{ns}	44,21 ^{ns}	79,20**	9,87 ^{ns}	14,93 ^{ns}
TC x G _{RC}	198	14,10 ^{ns}	11,60*	9,54 ^{ns}	6,96 ^{ns}	13,28 ^{ns}	8,63 ^{ns}	15,11*	10,08 ^{ns}	10,62 ^{ns}	7,39**
TC x C ₁	99	13,23 ^{ns}	12,05*	9,62 ^{ns}	5,91 ^{ns}	14,11*	8,86 ^{ns}	15,12 ^{ns}	11,43 ^{ns}	9,96 ^{ns}	6,14 ^{ns}
TC x C ₂	99	14,98 ^{ns}	11,09 ^{ns}	9,56 ^{ns}	8,02 ^{ns}	12,42 ^{ns}	8,36 ^{ns}	14,96 ^{ns}	8,76 ^{ns}	11,21 ^{ns}	8,63**
Epistasia total	100	15,02 ^{ns}	11,24 ^{ns}	10,15 ^{ns}	8,63 ^{ns}	12,64 ^{ns}	8,31 ^{ns}	15,26 ^{ns}	9,47 ^{ns}	11,20 ^{ns}	8,69**
Resíduo	260	14,72	8,99	10,33	8,22	10,79	8,18	12,14	9,26	10,97	4,80
CV%		12,40	10,43	10,77	10,08	11,35	9,44	12,72	10,91	13,27	7,71
Média geral		0,98	0,91	0,94	0,90	0,92	0,96	0,87	0,88	0,79	0,90
IV		0,86;1,16	0,77;1,08	0,84;1,05	0,76;1,05	0,78;1,07	0,83;1,07	0,65;1,06	0,74;1,01	0,60;0,94	0,77;1,00

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

^a Quadrados médios multiplicados por 10³.

ANEXO J. Quadrados médios e respectivas significâncias, coeficientes de variação (CV%) e médias das análises de variâncias individuais para o caráter altura da planta (AP, cm pl⁻¹) em testecrosses provenientes dos testadores L-02-03D (TC₁) e L-04-05F (TC₂) avaliados em dez ambientes (E)

FV	GL	Quadrados médios para o TC ₁									
		E ₁	E ₂	E ₃	E ₄	E ₅	E ₆	E ₇	E ₈	E ₉	E ₁₀
Repetições (Rep)	1	8.648,81**	1,93 ^{ns}	1.392,33*	4.298,73**	4.510,04**	16.047,68**	31.060,82**	78.272,68**	6.868,17**	1.308,33*
Blocos/Rep	38	315,02**	137,29**	203,22**	346,45**	91,35**	353,86**	632,52**	711,42**	261,15**	271,14**
Testecrosses (TC)	99	314,72**	204,96**	203,48**	265,42**	130,09**	260,20**	384,48**	276,18**	231,80**	188,21**
Gerações de RC (G _{RC})	2	322,79**	760,89**	300,02**	144,71 ^{ns}	34,39 ^{ns}	1.384,81**	415,63*	380,53*	138,32 ^{ns}	288,47*
G _{RC1} <i>vs</i> G _{RC2} (C ₁)	1	420,25*	1.497,69**	488,41**	277,22*	64,80 ^{ns}	2.611,21**	764,52**	742,56**	11,56 ^{ns}	20,70 ^{ns}
G _{RC1} + G _{RC2} <i>vs</i> 2G _{RC3} (C ₂)	1	225,33 ^{ns}	24,08 ^{ns}	111,63 ^{ns}	12,20 ^{ns}	3,97 ^{ns}	158,41 ^{ns}	66,74 ^{ns}	18,50 ^{ns}	265,08*	556,24**
TC x G _{RC}	198	65,76 ^{ns}	62,05 ^{ns}	57,18 ^{ns}	69,28 ^{ns}	40,51 ^{ns}	72,08 ^{ns}	91,46 ^{ns}	87,77 ^{ns}	63,63 ^{ns}	61,96 ^{ns}
TC x C ₁	99	65,55 ^{ns}	71,97 ^{ns}	61,98 ^{ns}	69,83 ^{ns}	43,35 ^{ns}	79,65 ^{ns}	97,86 ^{ns}	92,13 ^{ns}	62,35 ^{ns}	56,16 ^{ns}
TC x C ₂	99	65,97 ^{ns}	52,14 ^{ns}	52,39 ^{ns}	68,73 ^{ns}	37,66 ^{ns}	64,51 ^{ns}	85,06 ^{ns}	83,41 ^{ns}	64,91 ^{ns}	67,77 ^{ns}
Epistasia total	100	67,57 ^{ns}	51,86 ^{ns}	52,98 ^{ns}	68,16 ^{ns}	37,32 ^{ns}	65,45 ^{ns}	84,88 ^{ns}	82,76 ^{ns}	66,91 ^{ns}	72,65 ^{ns}
Resíduo	261	94,14	65,85	64,10	86,84	38,32	94,82	122,41	104,40	79,71	65,12
CV%		3,93	3,29	3,47	3,97	2,76	5,14	6,06	5,79	5,51	4,74
Média geral		246,60	246,57	230,89	234,80	224,34	189,61	182,52	176,45	161,93	170,22
IV		223,64;268,58	229,68;259,76	217,89;247,87	215,63;254,54	209,05;238,17	170,82;205,05	163,03;210,17	159,70;203,15	143,98;186,18	147,44;186,81

FV	GL	Quadrados médios para o TC ₂									
		E ₁	E ₂	E ₃	E ₄	E ₅	E ₆	E ₇	E ₈	E ₉	E ₁₀
Repetições (Rep)	1	9.898,28**	802,73*	702,00 ^{ns}	4.526,51**	4.890,62**	15.851,76**	33.256,82**	84.229,80**	15.240,96**	1.037,54 ^{ns}
Blocos/Rep	38	345,07**	132,92**	192,72**	292,68**	85,88**	397,73**	506,85**	650,35**	300,83**	291,16**
Testecrosses (TC)	99	253,22**	202,07**	168,14**	244,11**	111,21**	212,62**	317,34**	276,99**	225,35**	190,17**
Gerações de RC (G _{RC})	2	120,68 ^{ns}	20,63 ^{ns}	87,27 ^{ns}	150,49 ^{ns}	9,97 ^{ns}	275,53 ^{ns}	90,74 ^{ns}	66,13 ^{ns}	3,55 ^{ns}	300,26*
G _{RC1} <i>vs</i> G _{RC2} (C ₁)	1	134,56 ^{ns}	0,56 ^{ns}	7,29 ^{ns}	33,06 ^{ns}	9,30 ^{ns}	497,29*	30,25 ^{ns}	34,22 ^{ns}	7,02 ^{ns}	139,24 ^{ns}
G _{RC1} + G _{RC2} <i>vs</i> 2G _{RC3} (C ₂)	1	106,80 ^{ns}	40,70 ^{ns}	167,25 ^{ns}	267,91 ^{ns}	10,64 ^{ns}	53,76 ^{ns}	151,23 ^{ns}	98,04 ^{ns}	0,07 ^{ns}	461,28*
TC x G _{RC}	198	96,23 ^{ns}	73,71 ^{ns}	82,87**	83,24 ^{ns}	52,62 ^{ns}	94,45 ^{ns}	105,50 ^{ns}	82,35 ^{ns}	65,65 ^{ns}	74,22 ^{ns}
TC x C ₁	99	93,89 ^{ns}	92,89 ^{ns}	82,97**	84,35 ^{ns}	57,94 ^{ns}	97,81 ^{ns}	110,61 ^{ns}	70,79 ^{ns}	67,81 ^{ns}	78,98 ^{ns}
TC x C ₂	99	98,56 ^{ns}	54,53 ^{ns}	82,78**	82,12 ^{ns}	47,30 ^{ns}	91,09 ^{ns}	100,39 ^{ns}	93,92 ^{ns}	63,49 ^{ns}	69,46 ^{ns}
Epistasia total	100	98,65 ^{ns}	54,39 ^{ns}	83,62**	83,98 ^{ns}	46,93 ^{ns}	90,72 ^{ns}	100,90 ^{ns}	93,96 ^{ns}	62,85 ^{ns}	73,38 ^{ns}
Resíduo	261	95,22	76,01	54,70	85,19	48,26	105,16	128,63	139,03	87,38	64,79
CV%		4,00	3,57	3,31	4,02	3,11	5,51	6,21	6,69	5,76	4,86
Média geral		243,94	244,30	223,72	229,34	223,29	185,96	182,50	176,28	162,41	165,62
IV		225,95;265,65	227,50;262,77	207,19;238,84	211,50;245,62	210,74;236,05	169,35;202,36	164,26;204,89	156,15;196,76	140,19;187,71	147,52;187,65

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

ANEXO K. Quadrados médios e respectivas significâncias, coeficientes de variação (CV%) e médias das análises de variâncias individuais para o caráter altura da espiga (AE, cm pl⁻¹) em testecrosses provenientes dos testadores L-02-03D (TC₁) e L-04-05F (TC₂) avaliados em dez ambientes (E)

FV	GL	Quadrados médios para o TC ₁									
		E ₁	E ₂	E ₃	E ₄	E ₅	E ₆	E ₇	E ₈	E ₉	E ₁₀
Repetições (Rep)	1	1.126,14 ^{ns}	106,68 ^{ns}	480,62 ^{ns}	3.630,96 ^{**}	3.169,40 ^{**}	3.446,41 ^{**}	23.927,54 ^{**}	55.027,53 ^{**}	2.550,28 ^{**}	0,81 ^{ns}
Blocos/Rep	38	382,09 ^{**}	163,39 ^{**}	159,72 ^{**}	260,68 ^{**}	61,18 ^{**}	267,34 ^{**}	275,05 ^{**}	542,43 ^{**}	149,49 ^{**}	99,58 ^{**}
Testecrosses (TC)	99	234,23 ^{**}	114,77 ^{**}	116,57 ^{**}	187,16 ^{**}	86,79 ^{**}	147,37 ^{**}	188,56 ^{**}	197,84 ^{**}	126,89 ^{**}	79,76 ^{**}
Gerações de RC (G _{RC})	2	694,43 ^{**}	581,45 ^{**}	117,00 [*]	97,57 ^{ns}	120,79 [*]	275,18 ^{**}	345,62 ^{**}	71,32 ^{ns}	14,23 ^{ns}	208,09 ^{**}
G _{RC1} vs G _{RC2} (C ₁)	1	1.239,04 ^{**}	1.162,81 ^{**}	219,04 [*]	171,61 ^{ns}	76,56 ^{ns}	468,72 ^{**}	689,06 ^{**}	122,10 ^{ns}	0,25 ^{ns}	24,01 ^{ns}
G _{RC1} + G _{RC2} vs 2G _{RC3} (C ₂)	1	149,81 ^{ns}	0,08 ^{ns}	14,96 ^{ns}	23,52 ^{ns}	165,02 [*]	81,64 ^{ns}	2,17 ^{ns}	20,54 ^{ns}	28,21 ^{ns}	392,16 ^{**}
TC x G _{RC}	198	52,98 ^{ns}	47,54 ^{ns}	38,31 ^{ns}	52,89 ^{ns}	35,77 ^{ns}	35,86 ^{ns}	55,78 ^{ns}	56,68 ^{ns}	36,83 ^{ns}	24,23 ^{ns}
TC x C ₁	99	57,13 ^{ns}	51,76 ^{ns}	38,52 ^{ns}	51,60 ^{ns}	38,06 ^{ns}	37,28 ^{ns}	57,87 ^{ns}	60,07 ^{ns}	38,35 ^{ns}	23,79 ^{ns}
TC x C ₂	99	48,83 ^{ns}	43,32 ^{ns}	38,11 ^{ns}	54,17 ^{ns}	33,47 ^{ns}	34,43 ^{ns}	53,69 ^{ns}	53,29 ^{ns}	35,30 ^{ns}	24,68 ^{ns}
Epistasia total	100	49,84 ^{ns}	42,89 ^{ns}	37,88 ^{ns}	53,86 ^{ns}	34,79 ^{ns}	34,90 ^{ns}	53,18 ^{ns}	52,96 ^{ns}	35,23 ^{ns}	28,35 ^{ns}
Resíduo	261	76,37	49,07	41,68	63,09	30,54	51,42	71,28	82,25	47,20	27,43
CV%		6,24	4,88	5,42	6,23	4,60	7,28	9,89	10,83	9,09	6,79
Média geral		140,13	143,59	119,41	127,50	120,16	98,51	85,39	83,75	75,58	77,11
IV		121,31;158,41	129,78;153,75	101,70;136,62	111,39;143,42	105,42;129,69	82,22;109,99	69,98;99,28	69,50;106,76	63,14;96,43	66,88;86,90

FV	GL	Quadrados médios para o TC ₂									
		E ₁	E ₂	E ₃	E ₄	E ₅	E ₆	E ₇	E ₈	E ₉	E ₁₀
Repetições (Rep)	1	2.890,82 ^{**}	87,40 ^{ns}	151,00 ^{ns}	3.562,41 ^{**}	2.662,83 ^{**}	5.316,33 ^{**}	23.550,14 ^{**}	54.169,00 ^{**}	7.155,31 ^{**}	20,17 ^{ns}
Blocos/Rep	38	371,95 ^{**}	153,14 ^{**}	96,58 ^{**}	234,51 ^{**}	68,15 ^{**}	314,37 ^{**}	281,69 ^{**}	473,32 ^{**}	168,59 ^{**}	97,22 ^{**}
Testecrosses (TC)	99	187,78 ^{**}	131,27 ^{**}	123,71 ^{**}	168,05 ^{**}	98,57 ^{**}	142,97 ^{**}	186,74 ^{**}	201,17 ^{**}	139,20 ^{**}	80,39 ^{**}
Gerações de RC (G _{RC})	2	29,43 ^{ns}	161,78 ^{ns}	363,76 ^{**}	374,85 ^{**}	385,21 ^{**}	38,08 ^{ns}	398,31 ^{**}	411,55 ^{**}	89,92 ^{ns}	143,41 [*]
G _{RC1} vs G _{RC2} (C ₁)	1	26,52 ^{ns}	237,16 ^{ns}	402,00 [*]	453,69 [*]	702,25 ^{**}	0,16 ^{ns}	792,42 ^{**}	438,90 ^{**}	117,72 ^{ns}	98,01 ^{ns}
G _{RC1} + G _{RC2} vs 2G _{RC3} (C ₂)	1	32,34 ^{ns}	86,40 ^{ns}	325,52 [*]	296,01 [*]	68,16 ^{ns}	76,00 ^{ns}	4,20 ^{ns}	384,20 [*]	62,11 ^{ns}	188,81 [*]
TC x G _{RC}	198	80,25 ^{ns}	58,48 ^{ns}	62,39 ^{ns}	68,45 ^{ns}	49,34 ^{**}	56,85 ^{ns}	63,82 ^{ns}	59,36 ^{ns}	38,20 ^{ns}	40,30 ^{ns}
TC x C ₁	99	72,20 ^{ns}	74,60 [*]	60,30 ^{ns}	72,69 ^{ns}	55,62 ^{**}	53,19 ^{ns}	65,47 ^{ns}	57,53 ^{ns}	40,21 ^{ns}	46,56 [*]
TC x C ₂	99	88,30 ^{ns}	42,35 ^{ns}	64,48 ^{ns}	64,22 ^{ns}	43,06 ^{ns}	60,52 ^{ns}	62,17 ^{ns}	61,19 ^{ns}	36,19 ^{ns}	34,03 ^{ns}
Epistasia total	100	87,74 ^{ns}	42,79 ^{ns}	67,09 [*]	66,53 ^{ns}	43,31 [*]	60,67 ^{ns}	61,59 ^{ns}	64,42 ^{ns}	36,45 ^{ns}	35,58 ^{ns}
Resíduo	261	74,20	54,69	50,21	65,71	33,08	66,56	78,10	97,85	57,88	34,83
CV%		5,81	4,90	5,80	6,13	4,46	8,04	9,55	10,85	9,37	7,35
Média geral		148,27	150,80	122,17	132,28	128,92	101,48	92,49	91,13	81,21	80,30
IV		132,88;164,47	137,32;165,57	106,82;131,54	114,27;148,77	114,76;141,62	87,26;116,17	77,92;108,68	71,59;109,80	66,08;103,88	67,81;91,28

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

ANEXO L. Quadrados médios e respectivas significâncias, coeficientes de variação (CV%) e médias das análises de variâncias individuais para o caráter posição relativa da espiga (PRE) em testecrosses provenientes dos testadores L-02-03D (TC₁) e L-04-05F (TC₂) avaliados em dez ambientes (E)

FV	GL	Quadrados médios para o TC ₁ ^a									
		E ₁	E ₂	E ₃	E ₄	E ₅	E ₆	E ₇	E ₈	E ₉	E ₁₀
Repetições (Rep)	1	54,38 ^{ns}	15,08 ^{ns}	1,24 ^{ns}	111,68 ^{**}	83,04 ^{**}	13,82 ^{ns}	1.637,44 ^{**}	3.416,74 ^{**}	56,26 ^{ns}	118,02 ^{**}
Blocos/Rep	38	21,43 ^{**}	14,48 ^{**}	10,67 ^{**}	10,71 ^{**}	3,68 ^{ns}	18,98 ^{**}	19,46 ^{**}	44,48 ^{**}	18,89 ^{**}	6,44 ^{ns}
Testecrosses (TC)	99	10,24 ^{**}	5,48 [*]	7,51 ^{**}	8,89 ^{**}	6,88 ^{**}	8,73 ^{**}	11,86 ^{**}	18,60 ^{**}	12,80 ^{**}	9,80 ^{**}
Gerações de RC (G _{RC})	2	46,15 ^{**}	11,23 ^{ns}	1,69 ^{ns}	5,45 ^{ns}	21,21 ^{**}	4,36 ^{ns}	27,38 [*]	7,75 ^{ns}	1,85 ^{ns}	21,31 [*]
G _{RC1} <i>vs</i> G _{RC2} (C ₁)	1	90,18 ^{**}	21,23 [*]	2,50 ^{ns}	2,86 ^{ns}	3,90 ^{ns}	7,30 ^{ns}	51,71 ^{**}	0,64 ^{ns}	0,43 ^{ns}	15,35 ^{ns}
G _{RC1} + G _{RC2} <i>vs</i> 2G _{RC3} (C ₂)	1	2,12 ^{ns}	1,23 ^{ns}	0,89 ^{ns}	8,04 ^{ns}	38,53 ^{**}	1,42 ^{ns}	3,05 ^{ns}	14,86 ^{ns}	3,27 ^{ns}	27,27 [*]
TC x G _{RC}	198	4,23 ^{ns}	4,64 ^{ns}	3,83 ^{ns}	4,70 ^{ns}	4,30 ^{ns}	4,44 ^{ns}	6,52 ^{ns}	8,03 ^{ns}	6,03 ^{ns}	5,20 ^{ns}
TC x C ₁	99	4,68 ^{ns}	4,55 ^{ns}	3,95 ^{ns}	4,53 ^{ns}	4,20 ^{ns}	4,13 ^{ns}	5,66 ^{ns}	8,74 ^{ns}	5,52 ^{ns}	5,40 ^{ns}
TC x C ₂	99	3,78 ^{ns}	4,73 ^{ns}	3,72 ^{ns}	4,87 ^{ns}	4,39 ^{ns}	4,76 ^{ns}	7,38 ^{ns}	7,32 ^{ns}	6,55 ^{ns}	5,00 ^{ns}
Epistasia total	100	3,76 ^{ns}	4,69 ^{ns}	3,69 ^{ns}	4,91 ^{ns}	4,73 [*]	4,73 ^{ns}	7,33 ^{ns}	7,39 ^{ns}	6,51 ^{ns}	5,22 ^{ns}
Resíduo	261	4,14	3,96	4,40	4,54	3,50	4,55	7,06	10,09	6,26	5,73
CV%		3,58	3,42	4,06	3,93	3,49	4,11	5,70	6,75	5,37	5,28
Média geral		0,57	0,58	0,52	0,54	0,54	0,52	0,47	0,47	0,47	0,45
IV		0,53;0,60	0,55;0,61	0,48;0,55	0,50;0,57	0,50;0,56	0,48;0,55	0,42;0,50	0,42;0,53	0,43;0,51	0,42;0,48

FV	GL	Quadrados médios para o TC ₂ ^a									
		E ₁	E ₂	E ₃	E ₄	E ₅	E ₆	E ₇	E ₈	E ₉	E ₁₀
Repetições (Rep)	1	5,83 ^{ns}	119,84 ^{**}	0,53 ^{ns}	84,88 ^{**}	25,15 [*]	5,16 ^{ns}	1.161,37 ^{**}	2.242,47 ^{**}	202,61 ^{**}	50,00 ^{**}
Blocos/Rep	38	18,07 ^{**}	12,82 ^{**}	5,25 ^{ns}	11,40 ^{**}	4,35 ^{ns}	22,27 ^{**}	18,14 ^{**}	29,90 ^{**}	18,87 ^{**}	5,97 ^{ns}
Testecrosses (TC)	99	8,12 ^{**}	6,09 [*]	10,37 ^{**}	9,35 ^{**}	9,96 ^{**}	11,03 ^{**}	14,15 ^{**}	15,59 ^{**}	14,29 ^{**}	9,56 ^{**}
Gerações de RC (G _{RC})	2	12,76 ^{ns}	23,09 [*]	57,98 ^{**}	63,29 ^{**}	71,97 ^{**}	20,74 [*]	95,51 ^{**}	122,39 ^{**}	39,90 ^{**}	47,82 ^{**}
G _{RC1} <i>vs</i> G _{RC2} (C ₁)	1	25,52 [*]	41,62 [*]	90,88 ^{**}	117,04 ^{**}	122,34 ^{**}	36,20 [*]	188,89 ^{**}	183,84 ^{**}	57,10 ^{**}	91,97 ^{**}
G _{RC1} + G _{RC2} <i>vs</i> 2G _{RC3} (C ₂)	1	0,00 ^{ns}	4,57 ^{ns}	25,09 [*]	9,54 ^{ns}	21,59 [*]	5,28 ^{ns}	2,13 ^{ns}	60,93 ^{**}	22,71 [*]	3,66 ^{ns}
TC x G _{RC}	198	4,83 ^{ns}	5,08 ^{ns}	5,60 ^{ns}	5,43 ^{ns}	5,62 ^{**}	6,42 ^{ns}	5,97 ^{ns}	7,29 ^{ns}	5,61 ^{ns}	7,01 ^{ns}
TC x C ₁	99	5,11 ^{ns}	6,13 [*]	5,57 ^{ns}	5,81 ^{ns}	5,77 ^{**}	6,27 ^{ns}	5,98 ^{ns}	7,59 ^{ns}	5,53 ^{ns}	7,32 ^{ns}
TC x C ₂	99	4,56 ^{ns}	4,03 ^{ns}	5,63 ^{ns}	5,06 ^{ns}	5,48 ^{**}	6,58 ^{ns}	5,96 ^{ns}	6,99 ^{ns}	5,69 ^{ns}	6,70 ^{ns}
Epistasia total	100	4,51 ^{ns}	4,04 ^{ns}	5,82 ^{ns}	5,10 ^{ns}	5,64 ^{**}	6,56 ^{ns}	5,92 ^{ns}	7,52 ^{ns}	5,86 ^{ns}	6,67 ^{ns}
Resíduo	261	4,45	4,44	5,36	4,70	3,46	6,54	7,75	9,22	7,88	6,37
CV%		3,47	3,41	4,24	3,76	3,22	4,69	5,51	5,91	5,62	5,21
Média geral		0,61	0,62	0,55	0,58	0,58	0,54	0,51	0,51	0,50	0,48
IV		0,58;0,65	0,58;0,65	0,50;0,58	0,54;0,62	0,54;0,62	0,50;0,59	0,45;0,54	0,46;0,57	0,46;0,55	0,45;0,52

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

^a Quadrados médios multiplicados por 10⁴.

ANEXO M. Quadrados médios e respectivas significâncias, coeficientes de variação (CV%) e médias das análises de variâncias individuais para o caráter florescimento masculino (FM, dias) em testecrosses provenientes dos testadores L-02-03D (TC₁) e L-04-05F (TC₂) avaliados em oito ambientes (E)

FV	GL	Quadrados médios para o TC ₁							
		E ₁	E ₂	E ₄	E ₅	E ₆	E ₈	E ₉	E ₁₀
Repetições (Rep)	1	218,41**	17,34 ^{ns}	219,62**	107,53**	1,50 ^{ns}	543,40**	4,00 ^{ns}	42,14**
Blocos/Rep	38	4,55**	4,75**	10,27**	1,17**	4,34**	4,84**	3,07**	2,93**
Testecrosses (TC)	99	3,81**	2,13**	4,15**	0,92**	2,21*	3,42**	3,27**	4,13**
Gerações de RC (G _{RC})	2	25,79**	9,37**	40,96**	8,54**	12,98**	10,42**	12,49**	24,58**
G _{RC1} vs G _{RC2} (C ₁)	1	45,56**	11,22**	81,90**	16,00**	25,00**	20,70**	24,01**	43,56**
G _{RC1} + G _{RC2} vs 2G _{RC3} (C ₂)	1	6,02 ^{ns}	7,52*	0,01 ^{ns}	1,08 ^{ns}	0,96 ^{ns}	0,14 ^{ns}	0,96 ^{ns}	5,60 ^{ns}
TC x G _{RC}	198	1,64 ^{ns}	1,08 ^{ns}	1,92 ^{ns}	0,59 ^{ns}	1,83 ^{ns}	1,23 ^{ns}	1,19 ^{ns}	1,64 ^{ns}
TC x C ₁	99	1,31 ^{ns}	0,95 ^{ns}	1,84 ^{ns}	0,57 ^{ns}	1,75 ^{ns}	1,25 ^{ns}	1,24 ^{ns}	1,66 ^{ns}
TC x C ₂	99	1,97 ^{ns}	1,20 ^{ns}	2,01 ^{ns}	0,62 ^{ns}	1,90 ^{ns}	1,22 ^{ns}	1,14 ^{ns}	1,63 ^{ns}
Epistasia total	100	2,01 ^{ns}	1,27*	1,99 ^{ns}	0,62 ^{ns}	1,89 ^{ns}	1,21 ^{ns}	1,14 ^{ns}	1,67 ^{ns}
Resíduo	261	2,28	0,95	2,10	0,56	1,55	1,18	1,47	1,67
CV%		2,32	1,52	2,47	1,19	1,95	1,60	1,91	2,02
Média geral		65,17	64,20	58,57	62,80	63,74	67,83	63,44	64,03
IV		62,68;67,53	61,78;66,12	56,26;60,58	61,60;63,97	61,66;65,31	65,24;69,96	61,30;65,72	61,95;66,54

FV	GL	Quadrados médios para o TC ₂							
		E ₁	E ₂	E ₄	E ₅	E ₆	E ₈	E ₉	E ₁₀
Repetições (Rep)	1	156,06**	5,80 ^{ns}	163,28**	133,48**	81,40**	584,11**	2,54 ^{ns}	48,74**
Blocos/Rep	38	6,71**	2,56**	7,70**	1,01**	5,70**	5,88**	2,50**	4,36**
Testecrosses (TC)	99	4,61**	2,38**	4,17**	1,01**	3,04*	3,30**	2,07**	3,44**
Gerações de RC (G _{RC})	2	4,41 ^{ns}	2,21 ^{ns}	12,76**	1,13 ^{ns}	8,11*	3,76 ^{ns}	3,04 ^{ns}	5,06 ^{ns}
G _{RC1} vs G _{RC2} (C ₁)	1	0,81 ^{ns}	0,90 ^{ns}	25,50**	0,56 ^{ns}	13,32*	6,50*	0,06 ^{ns}	9,92*
G _{RC1} + G _{RC2} vs 2G _{RC3} (C ₂)	1	8,00*	3,52 ^{ns}	0,01 ^{ns}	1,69 ^{ns}	2,90 ^{ns}	1,02 ^{ns}	6,02*	0,19 ^{ns}
TC x G _{RC}	198	1,96 ^{ns}	1,34 ^{ns}	1,96 ^{ns}	0,55 ^{ns}	2,31 ^{ns}	1,59 ^{ns}	1,41 ^{ns}	2,00**
TC x C ₁	99	1,99 ^{ns}	1,02 ^{ns}	2,23 ^{ns}	0,58 ^{ns}	2,46 ^{ns}	1,48 ^{ns}	1,38 ^{ns}	2,02**
TC x C ₂	99	1,94 ^{ns}	1,65**	1,69 ^{ns}	0,53 ^{ns}	2,17 ^{ns}	1,70 ^{ns}	1,43 ^{ns}	1,98**
Epistasia total	100	2,00 ^{ns}	1,67**	1,67 ^{ns}	0,54 ^{ns}	2,18 ^{ns}	1,69 ^{ns}	1,48 ^{ns}	1,96*
Resíduo	261	2,07	1,08	1,71	0,54	2,09	1,38	1,18	1,35
CV%		2,22	1,63	2,29	1,17	2,32	1,74	1,74	1,85
Média geral		64,88	64,00	57,24	62,65	62,30	67,51	62,45	62,78
IV		62,27;67,16	62,42;66,00	54,51;59,81	61,56;63,69	59,60;65,12	65,17;69,98	61,14;64,51	60,44;64,89

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

ANEXO N. Quadrados médios e respectivas significâncias, coeficientes de variação (CV%) e médias das análises de variâncias individuais para o caráter florescimento feminino (FF, dias) em testecrosses provenientes dos testadores L-02-03D (TC₁) e L-04-05F (TC₂) avaliados em oito ambientes (E)

FV	GL	Quadrados médios para o TC ₁							
		E ₁	E ₂	E ₄	E ₅	E ₆	E ₈	E ₉	E ₁₀
Repetições (Rep)	1	289,82**	45,93**	117,93**	26,04**	1,04 ^{ns}	526,41**	2,41 ^{ns}	88,17**
Blocos/Rep	38	4,58*	4,96**	5,51**	0,98*	3,83**	4,48**	2,72*	5,97**
Testecrosses (TC)	99	4,42**	3,77**	1,82**	1,67**	1,95**	3,66**	3,45**	6,50**
Gerações de RC (G _{RC})	2	10,67*	1,29 ^{ns}	0,61 ^{ns}	0,04 ^{ns}	0,74 ^{ns}	0,47 ^{ns}	1,13 ^{ns}	1,24 ^{ns}
G _{RC1} <i>vs</i> G _{RC2} (C ₁)	1	16,00**	0,49 ^{ns}	0,25 ^{ns}	0,00 ^{ns}	0,01 ^{ns}	0,81 ^{ns}	0,42 ^{ns}	2,40 ^{ns}
G _{RC1} + G _{RC2} <i>vs</i> 2G _{RC3} (C ₂)	1	5,33 ^{ns}	2,08 ^{ns}	0,96 ^{ns}	0,07 ^{ns}	1,47 ^{ns}	0,12 ^{ns}	1,84 ^{ns}	0,07 ^{ns}
TC x G _{RC}	198	2,31 ^{ns}	1,50 ^{ns}	0,67 ^{ns}	0,86*	1,62*	1,64 ^{ns}	1,64 ^{ns}	2,36 ^{ns}
TC x C ₁	99	1,92 ^{ns}	1,71 ^{ns}	0,85 ^{ns}	0,87*	1,58 ^{ns}	1,38 ^{ns}	1,72 ^{ns}	2,55 ^{ns}
TC x C ₂	99	2,69 ^{ns}	1,28 ^{ns}	0,49 ^{ns}	0,85*	1,67 ^{ns}	1,90*	1,57 ^{ns}	2,17 ^{ns}
Epistasia total	100	2,72 ^{ns}	1,29 ^{ns}	0,49 ^{ns}	0,84*	1,67 ^{ns}	1,88*	1,57 ^{ns}	2,15 ^{ns}
Resíduo	261	2,81	1,32	0,93	0,63	1,28	1,39	1,75	2,60
CV%		2,55	1,74	1,61	1,26	1,76	1,72	2,07	2,43
Média geral		65,86	65,83	60,05	63,38	64,34	68,64	63,89	66,32
IV		63,82;68,16	63,28;68,01	58,42;61,65	62,02;64,88	61,99;65,88	65,51;71,30	61,90;66,21	63,12;69,35

FV	GL	Quadrados médios para o TC ₂							
		E ₁	E ₂	E ₄	E ₅	E ₆	E ₈	E ₉	E ₁₀
Repetições (Rep)	1	260,04**	9,38 ^{ns}	72,80**	39,53**	6,41 ^{ns}	598,00**	9,88*	26,46 ^{ns}
Blocos/Rep	38	5,36**	3,86**	3,09**	1,70**	3,61**	6,30**	2,39 ^{ns}	6,94**
Testecrosses (TC)	99	4,86**	3,44**	1,10**	1,82**	2,05 ^{ns}	4,31**	2,58**	5,34**
Gerações de RC (G _{RC})	2	10,54*	5,05 ^{ns}	3,60**	32,54**	3,27 ^{ns}	4,81 ^{ns}	11,56**	2,29 ^{ns}
G _{RC1} <i>vs</i> G _{RC2} (C ₁)	1	16,00*	7,29*	6,50**	64,00**	4,20 ^{ns}	9,61*	23,04**	2,40 ^{ns}
G _{RC1} + G _{RC2} <i>vs</i> 2G _{RC3} (C ₂)	1	5,07 ^{ns}	2,80 ^{ns}	0,70 ^{ns}	1,08 ^{ns}	2,34 ^{ns}	0,00 ^{ns}	0,08 ^{ns}	2,17 ^{ns}
TC x G _{RC}	198	2,36 ^{ns}	1,87 ^{ns}	0,55 ^{ns}	1,10 ^{ns}	1,47 ^{ns}	2,09 ^{ns}	1,72 ^{ns}	2,88 ^{ns}
TC x C ₁	99	2,38 ^{ns}	1,74 ^{ns}	0,67 ^{ns}	1,24 ^{ns}	1,48 ^{ns}	2,04 ^{ns}	1,52 ^{ns}	2,81 ^{ns}
TC x C ₂	99	2,34 ^{ns}	2,00 ^{ns}	0,43 ^{ns}	0,96 ^{ns}	1,45 ^{ns}	2,15 ^{ns}	1,93 ^{ns}	2,96 ^{ns}
Epistasia total	100	2,37 ^{ns}	2,01 ^{ns}	0,43 ^{ns}	0,96 ^{ns}	1,46 ^{ns}	2,13 ^{ns}	1,91 ^{ns}	2,95 ^{ns}
Resíduo	261	2,62	1,55	0,63	0,99	1,58	1,72	1,67	2,42
CV%		2,43	1,88	1,32	1,56	1,97	1,90	2,02	2,36
Média geral		66,47	66,18	60,28	63,88	64,00	68,97	63,79	65,87
IV		63,93;68,65	64,05;69,58	58,84;61,58	62,69;66,07	61,74;66,25	66,77;70,87	62,20;65,60	62,76;69,65

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

ANEXO O. Quadrados médios e respectivas significâncias, coeficientes de variação (CV%) e médias das análises de variâncias individuais para o caráter intervalo entre florescimentos (IF, dias) em testecrosses provenientes dos testadores L-02-03D (TC₁) e L-04-05F (TC₂) avaliados em oito ambientes (E)

FV	GL	Quadrados médios para o TC ₁							
		E ₁	E ₂	E ₄	E ₅	E ₆	E ₈	E ₉	E ₁₀
Repetições (Rep)	1	5,04*	6,83*	15,68*	27,74**	5,04*	0,14 ^{ns}	0,20 ^{ns}	8,40 ^{ns}
Blocos/Rep	38	0,76 ^{ns}	1,20 ^{ns}	2,73**	0,47 ^{ns}	0,69 ^{ns}	0,92 ^{ns}	0,61 ^{ns}	2,15*
Testecrosses (TC)	99	0,99 ^{ns}	1,86**	1,95**	0,65*	0,92**	1,13**	0,81*	1,59 ^{ns}
Gerações de RC (G _{RC})	2	3,79*	9,05**	46,00**	9,05**	12,03**	15,11**	15,47**	35,43**
G _{RC1} vs G _{RC2} (C ₁)	1	7,56**	16,40**	91,20**	16,40**	24,01**	29,70**	30,80**	66,42**
G _{RC1} + G _{RC2} vs 2G _{RC3} (C ₂)	1	0,02 ^{ns}	1,69 ^{ns}	0,80 ^{ns}	1,69 ^{ns}	0,05 ^{ns}	0,52 ^{ns}	0,14 ^{ns}	4,44*
TC x G _{RC}	198	0,98 ^{ns}	1,34**	1,43 ^{ns}	0,46 ^{ns}	0,72 ^{ns}	0,73 ^{ns}	0,68 ^{ns}	1,09 ^{ns}
TC x C ₁	99	0,86 ^{ns}	1,43**	1,32 ^{ns}	0,43 ^{ns}	0,74 ^{ns}	0,84 ^{ns}	0,68 ^{ns}	1,23 ^{ns}
TC x C ₂	99	1,10 ^{ns}	1,25*	1,55 ^{ns}	0,48 ^{ns}	0,69 ^{ns}	0,62 ^{ns}	0,67 ^{ns}	0,96 ^{ns}
Epistasia total	100	1,09 ^{ns}	1,25*	1,54 ^{ns}	0,50 ^{ns}	0,68 ^{ns}	0,62 ^{ns}	0,67 ^{ns}	1,00 ^{ns}
Resíduo	261	0,86	0,87	1,26	0,48	0,58	0,73	0,59	1,28
CV%		135,01	57,15	76,05	120,32	129,09	105,50	171,37	49,38
Média geral		0,69	1,63	1,48	0,58	0,59	0,81	0,45	2,29
IV		-0,47;2,55	0,22;3,67	-0,12;3,97	-0,27;1,53	-0,66;1,82	-0,34;2,23	-0,84;1,71	1,08;3,78

FV	GL	Quadrados médios para o TC ₂							
		E ₁	E ₂	E ₄	E ₅	E ₆	E ₈	E ₉	E ₁₀
Repetições (Rep)	1	13,20**	0,43 ^{ns}	18,03**	27,74**	42,14**	0,08 ^{ns}	2,41 ^{ns}	3,38 ^{ns}
Blocos/Rep	38	1,32 ^{ns}	1,51 ^{ns}	1,69 ^{ns}	0,78 ^{ns}	1,46**	1,24 ^{ns}	0,64 ^{ns}	1,31 ^{ns}
Testecrosses (TC)	99	1,48 ^{ns}	1,32 ^{ns}	2,17**	0,91 ^{ns}	1,21*	1,30*	0,80 ^{ns}	1,31 ^{ns}
Gerações de RC (G _{RC})	2	4,97*	6,68**	29,16**	29,02**	16,26**	16,42**	15,10**	12,86**
G _{RC1} vs G _{RC2} (C ₁)	1	9,61**	13,32**	57,76**	52,56**	32,49**	31,92**	25,50**	22,09**
G _{RC1} + G _{RC2} vs 2G _{RC3} (C ₂)	1	0,33 ^{ns}	0,04 ^{ns}	0,56 ^{ns}	5,47**	0,03 ^{ns}	0,91 ^{ns}	4,69*	3,63 ^{ns}
TC x G _{RC}	198	1,25 ^{ns}	1,24 ^{ns}	1,47 ^{ns}	0,71 ^{ns}	1,13*	0,81 ^{ns}	0,81 ^{ns}	1,11 ^{ns}
TC x C ₁	99	1,08 ^{ns}	1,23 ^{ns}	1,72*	0,73 ^{ns}	1,26**	0,89 ^{ns}	0,66 ^{ns}	0,98 ^{ns}
TC x C ₂	99	1,41 ^{ns}	1,25 ^{ns}	1,22 ^{ns}	0,68 ^{ns}	1,00 ^{ns}	0,74 ^{ns}	0,97*	1,24 ^{ns}
Epistasia total	100	1,40 ^{ns}	1,24 ^{ns}	1,22 ^{ns}	0,72 ^{ns}	0,99 ^{ns}	0,74 ^{ns}	1,00*	1,26 ^{ns}
Resíduo	261	1,22	1,29	1,20	0,82	0,85	0,92	0,73	1,05
CV%		69,49	52,22	35,92	74,12	54,38	65,49	63,56	33,29
Média geral		1,59	2,18	3,05	1,23	1,70	1,46	1,34	3,09
IV		0,24;3,15	0,30;3,70	1,44;4,44	0,38;2,47	0,46;2,89	0,18;3,01	0,39;2,36	1,57;4,76

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

ANEXO P. Médias ($\bar{x}$) das três gerações de retrocruzamento (G_{RC1} , G_{RC2} e G_{RC3}) e intervalos de variação (IV) para o caráter produção de grãos (PG, t ha⁻¹), para os testecrosses provenientes dos testadores L-02-03D (TC₁) e L-04-05F (TC₂) em cada ambiente (E) e no geral para cada grupo de ambientes sem e com estresse hídrico

Ambientes sem estresse hídrico							
E		TC ₁			TC ₂		
		G_{RC1}	G_{RC2}	G_{RC3}	G_{RC1}	G_{RC2}	G_{RC3}
1	$\bar{x}$	10,39	10,41	10,47	9,43	10,02	9,63
	IV	7,58;12,72	7,27;12,67	7,13;12,99	6,82;11,17	8,20;11,71	7,55;12,08
2	$\bar{x}$	9,70	10,36	10,20	9,02	10,06	9,40
	IV	6,61;12,19	7,31;13,23	7,18;12,91	6,35;11,32	7,69;12,96	7,04;11,76
3	$\bar{x}$	9,90	9,71	10,01	8,59	8,88	8,48
	IV	6,46;12,05	7,66;12,04	7,16;12,48	6,76;10,32	6,99;11,07	6,22;10,31
4	$\bar{x}$	9,65	10,01	9,87	8,03	8,42	7,99
	IV	7,10;12,69	7,17;12,80	6,45;12,54	5,94;9,96	6,62;10,61	5,88;10,66
5	$\bar{x}$	8,88	9,16	9,18	8,13	8,78	8,33
	IV	6,19;10,73	6,60;11,77	6,06;11,60	6,11;9,60	7,09;10,80	6,91;10,86
Geral	$\bar{x}$	9,70	9,93	9,94	8,64	9,23	8,77
	IV	7,85;11,03	7,62;11,24	7,50;11,40	7,20;9,61	7,99;10,50	7,23;9,94
Ambientes com estresse hídrico							
E		TC ₁			TC ₂		
		G_{RC1}	G_{RC2}	G_{RC3}	G_{RC1}	G_{RC2}	G_{RC3}
6	$\bar{x}$	7,01	7,20	7,25	6,55	6,77	6,74
	IV	4,87;8,76	5,21;9,21	5,04;8,62	4,97;7,69	5,20;8,42	5,14;8,38
7	$\bar{x}$	6,74	6,81	6,93	6,91	7,05	6,99
	IV	4,57;8,88	3,53;9,20	3,97;9,71	3,90;9,55	4,53;10,04	4,81;9,75
8	$\bar{x}$	6,56	6,83	6,77	6,26	6,41	6,10
	IV	4,00;8,84	3,62;9,22	3,26;8,98	4,05;9,37	4,84;8,48	3,74;8,26
9	$\bar{x}$	4,31	4,22	4,20	4,53	4,91	4,65
	IV	1,83;6,22	1,88;6,15	2,18;5,78	3,10;6,33	3,45;6,66	2,95;6,82
10	$\bar{x}$	3,73	3,85	3,84	3,79	3,94	3,83
	IV	2,57;4,91	2,43;4,99	2,54;5,33	2,51;4,79	2,67;5,38	2,49;4,98
Geral	$\bar{x}$	5,67	5,79	5,80	5,61	5,82	5,66
	IV	4,13;6,86	3,68;6,64	3,81;6,85	4,02;6,53	4,62;6,89	4,26;6,71

ANEXO Q. Médias ($\bar{x}$) das três gerações de retrocruzamento (G_{RC1}, G_{RC2} e G_{RC3}) e intervalos de variação (IV) para o caráter acamamento e quebramento de plantas (ACQ, % em valores originais, não transformados), para os testecrosses provenientes dos testadores L-02-03D (TC₁) e L-04-05F (TC₂) em cada ambiente (E) e no geral para cada grupo de ambientes sem e com estresse hídrico

		Ambientes sem estresse hídrico					
E		TC ₁			TC ₂		
		G _{RC1}	G _{RC2}	G _{RC3}	G _{RC1}	G _{RC2}	G _{RC3}
1	$\bar{x}$	4,17	2,60	3,22	3,00	1,69	2,29
	IV	0,00;24,67	0,00;18,14	0,00;21,46	0,24;17,13	0,17;11,96	0,32;12,83
2	$\bar{x}$	1,69	0,78	1,43	1,22	0,71	0,87
	IV	0,00;13,12	0,00;17,45	0,00;34,73	0,00;13,30	0,00;5,77	0,00;14,88
3	$\bar{x}$	1,35	1,27	1,46	1,78	1,38	1,35
	IV	0,00;18,18	0,00;15,97	0,00;14,22	0,00;18,96	0,00;13,80	0,00;16,14
4	$\bar{x}$	7,28	4,65	5,70	5,31	3,19	4,21
	IV	0,00;34,42	0,00;26,12	0,00;23,14	0,00;30,72	0,00;20,46	0,00;22,63
5	$\bar{x}$	40,33	32,10	36,95	38,19	36,34	35,98
	IV	7,98;100,00	1,90;90,42	2,85;100,00	8,37;100,00	4,74;81,27	4,28;100,00
Geral	$\bar{x}$	7,51	5,45	6,63	6,58	5,21	5,65
	IV	2,50;14,73	0,79;12,11	2,12;13,50	1,74;16,06	1,33;15,38	1,55;14,61
		Ambientes com estresse hídrico					
E		TC ₁			TC ₂		
		G _{RC1}	G _{RC2}	G _{RC3}	G _{RC1}	G _{RC2}	G _{RC3}
6	$\bar{x}$	11,54	7,01	7,79	20,57	17,14	18,08
	IV	0,80;31,96	0,00;25,35	0,00;28,71	3,07;60,07	0,92;44,42	3,58;42,33
7	$\bar{x}$	6,10	2,78	4,65	9,23	4,74	6,84
	IV	0,00;27,06	0,00;16,46	0,00;20,56	0,00;44,94	0,00;24,27	0,00;34,47
8	$\bar{x}$	0,35	0,14	0,35	1,19	0,75	0,71
	IV	0,00;6,28	0,00;5,41	0,00;5,91	0,00;7,71	0,00;10,43	0,00;8,84
9	$\bar{x}$	17,90	12,39	15,34	17,48	11,40	14,09
	IV	5,71;44,04	1,67;29,29	2,05;45,66	1,83;41,24	0,09;30,76	1,50;29,92
10	$\bar{x}$	1,32	0,92	1,32	1,81	0,73	1,01
	IV	0,00;12,37	0,00;9,24	0,00;10,29	0,00;13,54	0,00;12,51	0,00;11,17
Geral	$\bar{x}$	5,85	3,62	4,70	8,20	5,40	6,42
	IV	1,93;15,51	0,41;7,54	0,59;9,71	3,05;14,70	0,73;13,77	1,99;12,29

ANEXO R. Médias ($\bar{x}$) das três gerações de retrocruzamento (G_{RC1} , G_{RC2} e G_{RC3}) e intervalos de variação (IV) para o caráter prolificidade (PROL, esp pl⁻¹), para os testecrosses provenientes dos testadores L-02-03D (TC₁) e L-04-05F (TC₂) em cada ambiente (E) e no geral para cada grupo de ambientes sem e com estresse hídrico

Ambientes sem estresse hídrico							
E		TC ₁			TC ₂		
		G_{RC1}	G_{RC2}	G_{RC3}	G_{RC1}	G_{RC2}	G_{RC3}
1	$\bar{x}$	0,92	0,94	0,92	0,96	1,01	0,97
	IV	0,63;1,12	0,70;1,14	0,62;1,40	0,71;1,27	0,79;1,34	0,75;1,26
2	$\bar{x}$	0,87	0,90	0,89	0,88	0,95	0,90
	IV	0,64;1,08	0,63;1,08	0,70;1,04	0,67;1,10	0,79;1,18	0,65;1,11
3	$\bar{x}$	0,92	0,92	0,92	0,94	0,96	0,93
	IV	0,65;1,08	0,75;1,18	0,77;1,11	0,72;1,09	0,76;1,23	0,65;1,10
4	$\bar{x}$	0,89	0,91	0,89	0,89	0,92	0,88
	IV	0,73;1,04	0,71;1,10	0,68;1,08	0,68;1,04	0,75;1,13	0,68;1,08
5	$\bar{x}$	0,87	0,90	0,89	0,90	0,94	0,90
	IV	0,66;1,04	0,67;1,07	0,67;1,04	0,70;1,12	0,67;1,18	0,73;1,11
Geral	$\bar{x}$	0,90	0,91	0,90	0,92	0,96	0,92
	IV	0,75;0,98	0,78;1,01	0,77;1,00	0,76;1,01	0,86;1,06	0,73;1,03
Ambientes com estresse hídrico							
E		TC ₁			TC ₂		
		G_{RC1}	G_{RC2}	G_{RC3}	G_{RC1}	G_{RC2}	G_{RC3}
6	$\bar{x}$	0,86	0,88	0,88	0,94	0,98	0,95
	IV	0,66;1,13	0,72;1,08	0,73;1,00	0,78;1,16	0,83;1,16	0,66;1,14
7	$\bar{x}$	0,74	0,77	0,76	0,86	0,88	0,85
	IV	0,47;0,97	0,52;0,94	0,44;0,99	0,61;1,31	0,56;1,13	0,60;1,08
8	$\bar{x}$	0,82	0,83	0,83	0,88	0,90	0,87
	IV	0,62;0,96	0,58;1,03	0,53;1,02	0,63;1,14	0,69;1,11	0,62;1,05
9	$\bar{x}$	0,69	0,69	0,67	0,77	0,82	0,78
	IV	0,41;0,95	0,38;0,91	0,50;0,91	0,59;0,99	0,57;1,14	0,56;1,02
10	$\bar{x}$	0,84	0,85	0,85	0,90	0,91	0,89
	IV	0,59;1,00	0,65;0,97	0,66;1,01	0,71;1,07	0,72;1,04	0,66;1,04
Geral	$\bar{x}$	0,79	0,81	0,80	0,87	0,90	0,87
	IV	0,64;0,89	0,63;0,91	0,68;0,90	0,72;1,01	0,76;1,00	0,70;0,95

ANEXO S. Médias ($\bar{x}$) das três gerações de retrocruzamento (G_{RC1} , G_{RC2} e G_{RC3}) e intervalos de variação (IV) para o caráter altura da planta (AP, cm pl^{-1}), para os testecrosses provenientes dos testadores L-02-03D (TC₁) e L-04-05F (TC₂) em cada ambiente (E) e no geral para cada grupo de ambientes sem e com estresse hídrico

Ambientes sem estresse hídrico							
E		TC ₁			TC ₂		
		G_{RC1}	G_{RC2}	G_{RC3}	G_{RC1}	G_{RC2}	G_{RC3}
1	$\bar{x}$	246,01	248,06	245,73	243,66	244,82	243,34
	IV	207,14;264,12	224,45;273,42	222,54;271,92	216,05;266,44	221,31;266,44	219,95;266,82
2	$\bar{x}$	244,78	248,65	246,29	244,45	244,53	243,94
	IV	224,51;267,06	228,22;268,31	224,72;262,75	220,19;263,90	219,67;265,27	225,53;266,27
3	$\bar{x}$	229,48	231,69	231,50	223,96	224,23	222,98
	IV	209,17;249,62	211,03;251,84	213,45;248,21	205,00;244,76	201,52;240,24	200,60;244,67
4	$\bar{x}$	234,07	235,73	234,60	228,58	229,15	230,28
	IV	210,40;255,32	212,96;256,90	207,46;260,37	206,05;250,72	206,42;253,45	208,30;249,72
5	$\bar{x}$	223,99	224,80	224,22	223,35	223,04	223,48
	IV	209,31;239,11	208,69;242,33	204,38;238,44	208,12;240,31	204,56;238,75	206,12;238,72
Geral	$\bar{x}$	235,66	237,78	236,47	232,80	233,15	232,80
	IV	222,56;250,83	223,40;250,50	221,53;252,30	218,33;247,40	219,18;245,83	221,26;247,01
Ambientes com estresse hídrico							
E		TC ₁			TC ₂		
		G_{RC1}	G_{RC2}	G_{RC3}	G_{RC1}	G_{RC2}	G_{RC3}
6	$\bar{x}$	186,69	191,80	190,34	184,63	186,86	186,38
	IV	160,71;206,38	170,67;212,64	163,71;206,53	160,29;204,71	163,30;212,20	163,91;202,16
7	$\bar{x}$	181,37	184,14	182,05	182,42	181,87	183,21
	IV	155,32;214,67	156,53;213,66	159,31;204,78	152,89;213,80	160,88;209,39	159,48;214,39
8	$\bar{x}$	175,21	177,94	176,20	176,27	176,86	175,71
	IV	152,00;203,15	149,70;204,15	151,91;202,15	151,98;203,77	156,98;202,03	154,25;195,58
9	$\bar{x}$	162,57	162,23	160,99	162,27	162,53	162,42
	IV	139,91;192,35	140,81;182,74	133,10;183,85	135,86;187,54	139,62;188,54	141,36;187,04
10	$\bar{x}$	171,12	170,67	168,85	165,65	166,83	164,38
	IV	149,10;191,81	151,50;193,34	141,10;189,64	144,17;187,31	147,14;192,08	145,56;185,31
Geral	$\bar{x}$	175,39	177,35	175,69	174,25	174,99	174,42
	IV	161,29;192,15	164,36;190,94	162,63;191,95	162,30;196,08	162,43;190,58	165,34;186,26

ANEXO T. Médias ($\bar{x}$) das três gerações de retrocruzamento (G_{RC1} , G_{RC2} e G_{RC3}) e intervalos de variação (IV) para o caráter altura da espiga (AE, cm pl⁻¹), para os testecrosses provenientes dos testadores L-02-03D (TC₁) e L-04-05F (TC₂) em cada ambiente (E) e no geral para cada grupo de ambientes sem e com estresse hídrico

Ambientes sem estresse hídrico							
E		TC ₁			TC ₂		
		G_{RC1}	G_{RC2}	G_{RC3}	G_{RC1}	G_{RC2}	G_{RC3}
1	$\bar{x}$	138,72	142,24	139,42	148,69	148,17	147,94
	IV	110,47;153,39	118,10;164,25	118,14;161,75	123,21;168,98	127,38;167,03	128,56;168,30
2	$\bar{x}$	141,90	145,31	143,58	151,84	150,30	150,26
	IV	126,23;154,52	121,88;159,22	127,06;158,08	131,18;170,37	126,35;167,74	135,26;172,24
3	$\bar{x}$	117,04	119,78	119,38	123,70	121,69	121,13
	IV	98,60;131,51	96,45;135,87	106,95;137,37	105,32;142,36	107,74;138,27	97,72;136,93
4	$\bar{x}$	126,70	128,01	127,78	132,84	130,71	133,27
	IV	103,45;149,53	107,55;144,43	104,55;147,09	109,77;152,60	113,73;149,95	107,69;153,65
5	$\bar{x}$	119,35	120,22	120,90	130,48	127,83	128,44
	IV	102,85;133,73	102,75;132,84	105,33;133,71	115,65;146,62	115,61;143,63	109,43;143,84
Geral	$\bar{x}$	128,99	131,11	130,21	137,51	135,74	136,21
	IV	115,92;139,39	117,75;142,12	119,04;144,62	121,83;150,27	123,83;147,19	122,57;149,28
Ambientes com estresse hídrico							
E		TC ₁			TC ₂		
		G_{RC1}	G_{RC2}	G_{RC3}	G_{RC1}	G_{RC2}	G_{RC3}
6	$\bar{x}$	97,17	99,34	99,04	101,20	101,24	101,98
	IV	72,49;113,91	82,83;113,47	77,06;112,33	80,46;117,44	84,10;117,83	88,10;119,51
7	$\bar{x}$	84,12	86,75	85,31	93,84	91,03	92,61
	IV	64,86;101,59	68,00;107,76	63,86;102,72	70,32;117,18	74,60;109,09	76,95;110,18
8	$\bar{x}$	83,07	84,18	84,02	92,74	90,65	90,00
	IV	62,17;105,09	58,82;107,59	66,09;107,59	66,92;117,76	73,43;113,19	71,97;110,59
9	$\bar{x}$	75,76	75,71	75,27	81,98	80,89	80,75
	IV	59,80;98,93	62,30;94,43	58,78;95,93	64,91;106,05	63,99;105,55	64,89;100,05
10	$\bar{x}$	77,44	77,93	75,97	81,19	80,20	79,51
	IV	67,23;89,73	65,55;89,77	62,55;89,19	67,81;93,63	66,87;95,16	65,51;92,62
Geral	$\bar{x}$	83,51	84,78	83,92	90,19	88,80	88,97
	IV	76,12;94,77	75,74;95,76	73,55;93,37	80,23;106,78	78,99;97,62	81,39;101,38

ANEXO U. Médias ($\bar{x}$) das três gerações de retrocruzamento (G_{RC1} , G_{RC2} e G_{RC3}) e intervalos de variação (IV) para o caráter posição relativa da espiga (PRE), para os testecrosses provenientes dos testadores L-02-03D (TC₁) e L-04-05F (TC₂) em cada ambiente (E) e no geral para cada grupo de ambientes sem e com estresse hídrico

Ambientes sem estresse hídrico							
E		TC ₁			TC ₂		
		G_{RC1}	G_{RC2}	G_{RC3}	G_{RC1}	G_{RC2}	G_{RC3}
1	$\bar{x}$	0,56	0,57	0,57	0,61	0,60	0,61
	IV	0,51;0,60	0,53;0,61	0,52;0,61	0,57;0,66	0,55;0,65	0,56;0,65
2	$\bar{x}$	0,58	0,58	0,58	0,62	0,61	0,62
	IV	0,54;0,62	0,53;0,62	0,55;0,61	0,57;0,66	0,57;0,65	0,57;0,67
3	$\bar{x}$	0,52	0,52	0,52	0,55	0,54	0,54
	IV	0,47;0,57	0,45;0,55	0,48;0,56	0,49;0,59	0,49;0,59	0,47;0,60
4	$\bar{x}$	0,54	0,54	0,54	0,58	0,57	0,58
	IV	0,48;0,59	0,49;0,59	0,50;0,58	0,53;0,64	0,52;0,61	0,50;0,63
5	$\bar{x}$	0,53	0,53	0,54	0,58	0,57	0,57
	IV	0,49;0,58	0,49;0,57	0,50;0,58	0,53;0,64	0,53;0,62	0,52;0,63
Geral	$\bar{x}$	0,55	0,55	0,55	0,59	0,58	0,58
	IV	0,52;0,57	0,52;0,57	0,52;0,57	0,55;0,62	0,55;0,60	0,55;0,62
Ambientes com estresse hídrico							
E		TC ₁			TC ₂		
		G_{RC1}	G_{RC2}	G_{RC3}	G_{RC1}	G_{RC2}	G_{RC3}
6	$\bar{x}$	0,52	0,52	0,52	0,55	0,54	0,55
	IV	0,46;0,57	0,47;0,56	0,47;0,57	0,49;0,60	0,49;0,61	0,48;0,60
7	$\bar{x}$	0,46	0,47	0,47	0,51	0,50	0,50
	IV	0,40;0,50	0,41;0,53	0,39;0,51	0,44;0,58	0,44;0,56	0,45;0,55
8	$\bar{x}$	0,47	0,47	0,47	0,52	0,51	0,51
	IV	0,40;0,53	0,38;0,53	0,41;0,54	0,44;0,58	0,44;0,58	0,44;0,57
9	$\bar{x}$	0,47	0,47	0,47	0,50	0,50	0,50
	IV	0,41;0,52	0,41;0,52	0,42;0,52	0,45;0,57	0,44;0,56	0,44;0,56
10	$\bar{x}$	0,45	0,46	0,45	0,49	0,48	0,48
	IV	0,41;0,52	0,40;0,50	0,40;0,50	0,44;0,54	0,42;0,54	0,44;0,54
Geral	$\bar{x}$	0,47	0,48	0,48	0,52	0,51	0,51
	IV	0,44;0,50	0,44;0,51	0,44;0,50	0,48;0,55	0,46;0,54	0,48;0,55

ANEXO V. Médias ($\bar{x}$) das três gerações de retrocruzamento (G_{RC1} , G_{RC2} e G_{RC3}) e intervalos de variação (IV) para o caráter florescimento masculino (FM, dias), para os testecrosses provenientes dos testadores L-02-03D (TC₁) e L-04-05F (TC₂) em cada ambiente (E) e no geral para cada grupo de ambientes sem e com estresse hídrico

Ambientes sem estresse hídrico							
E		TC ₁			TC ₂		
		G_{RC1}	G_{RC2}	G_{RC3}	G_{RC1}	G_{RC2}	G_{RC3}
1	$\bar{x}$	64,77	65,44	65,32	64,84	64,75	65,04
	IV	60,35;67,16	62,35;68,07	62,16;69,72	61,71;67,99	61,26;67,51	62,09;67,69
2	$\bar{x}$	63,95	64,29	64,36	63,90	64,00	64,11
	IV	61,45;66,58	62,38;67,15	61,45;66,87	62,09;66,50	61,90;67,30	61,42;66,74
4	$\bar{x}$	58,12	59,02	58,58	56,98	57,49	57,24
	IV	55,09;61,36	55,83;62,25	55,15;61,32	53,75;60,47	54,51;60,31	54,51;60,03
5	$\bar{x}$	62,57	62,97	62,86	62,65	62,58	62,73
	IV	61,00;64,13	61,35;66,13	61,10;64,64	61,38;64,63	60,69;64,80	61,00;64,18
Geral	$\bar{x}$	62,35	62,93	62,78	62,09	62,20	62,28
	IV	59,93;63,57	60,68;65,20	61,43;65,01	60,19;63,84	60,69;63,73	60,06;63,89
Ambientes com estresse hídrico							
E		TC ₁			TC ₂		
		G_{RC1}	G_{RC2}	G_{RC3}	G_{RC1}	G_{RC2}	G_{RC3}
6	$\bar{x}$	63,46	63,96	63,80	62,07	62,43	62,40
	IV	60,77;65,81	60,75;66,63	60,16;67,52	58,47;66,12	58,43;65,19	59,48;66,53
8	$\bar{x}$	67,59	68,05	67,85	67,35	67,60	67,56
	IV	65,55;71,32	64,57;71,21	65,03;71,46	64,77;70,48	63,67;70,12	64,91;70,71
9	$\bar{x}$	63,16	63,65	63,49	62,37	62,39	62,59
	IV	60,64;66,82	60,93;66,51	60,79;66,20	60,04;65,72	59,28;65,15	60,31;64,77
10	$\bar{x}$	63,77	64,43	63,90	62,64	62,95	62,76
	IV	60,13;67,09	62,03;67,09	60,84;67,31	59,61;65,75	58,53;66,28	60,30;66,61
Geral	$\bar{x}$	64,50	65,02	64,76	63,61	63,85	63,83
	IV	62,95;66,48	63,38;66,73	63,00;66,90	61,57;65,50	61,74;65,87	62,36;65,38

ANEXO W. Médias ($\bar{x}$) das três gerações de retrocruzamento (G_{RC1} , G_{RC2} e G_{RC3}) e intervalos de variação (IV) para o caráter florescimento feminino (FF, dias), para os testecrosses provenientes dos testadores L-02-03D (TC₁) e L-04-05F (TC₂) em cada ambiente (E) e no geral para cada grupo de ambientes sem e com estresse hídrico

Ambientes sem estresse hídrico							
E		TC ₁			TC ₂		
		G_{RC1}	G_{RC2}	G_{RC3}	G_{RC1}	G_{RC2}	G_{RC3}
1	$\bar{x}$	65,60	66,00	66,00	66,60	66,20	66,60
	IV	62,32;69,52	62,78;68,84	62,83;69,59	63,30;70,05	62,43;69,10	63,39;69,96
2	$\bar{x}$	65,82	65,75	65,91	66,26	65,99	66,27
	IV	62,66;69,87	62,61;69,18	63,16;69,35	62,26;70,42	63,56;69,92	63,56;69,14
4	$\bar{x}$	60,05	60,00	60,11	60,39	60,13	60,33
	IV	58,09;62,31	58,09;62,10	58,11;62,21	58,67;61,93	58,04;62,24	58,92;62,22
5	$\bar{x}$	63,39	63,38	63,36	64,31	63,51	63,82
	IV	61,68;65,75	61,35;65,75	61,74;66,21	62,07;67,74	61,69;66,86	62,19;66,24
Geral	$\bar{x}$	63,71	63,78	63,84	64,39	63,96	64,26
	IV	61,37;65,41	61,87;65,93	62,44;65,44	62,48;66,49	62,25;65,53	62,50;65,92
Ambientes com estresse hídrico							
E		TC ₁			TC ₂		
		G_{RC1}	G_{RC2}	G_{RC3}	G_{RC1}	G_{RC2}	G_{RC3}
6	$\bar{x}$	64,30	64,31	64,41	64,05	63,85	64,08
	IV	62,35;66,88	62,16;66,66	61,16;66,94	60,62;67,75	60,21;66,11	61,05;66,50
8	$\bar{x}$	68,70	68,61	68,62	69,13	68,82	68,98
	IV	65,34;71,63	64,84;73,13	65,84;72,38	66,58;71,86	65,11;71,60	66,62;72,96
9	$\bar{x}$	63,88	63,82	63,97	64,02	63,54	63,81
	IV	61,40;67,72	61,89;66,60	60,73;67,27	61,13;66,89	61,25;66,66	61,46;66,87
10	$\bar{x}$	66,40	66,25	66,30	65,91	65,75	65,96
	IV	61,78;69,75	63,10;69,81	62,28;69,80	62,26;71,15	61,70;69,65	62,76;69,56
Geral	$\bar{x}$	65,82	65,74	65,82	65,78	65,49	65,71
	IV	63,96;67,73	63,54;67,59	64,10;68,19	63,94;68,43	63,77;67,81	64,25;67,76

ANEXO X. Médias ($\bar{x}$) das três gerações de retrocruzamento (G_{RC1} , G_{RC2} e G_{RC3}) e intervalos de variação (IV) para o caráter intervalo entre florescimentos (IF, dias), para os testecrosses provenientes dos testadores L-02-03D (TC₁) e L-04-05F (TC₂) em cada ambiente (E) e no geral para cada grupo de ambientes sem e com estresse hídrico

Ambientes sem estresse hídrico							
E		TC ₁			TC ₂		
		G_{RC1}	G_{RC2}	G_{RC3}	G_{RC1}	G_{RC2}	G_{RC3}
1	$\bar{x}$	0,83	0,56	0,68	1,76	1,45	1,56
	IV	-0,70;3,22	-1,32;2,96	-1,01;2,65	0,07;4,65	-0,43;3,01	-0,73;4,18
2	$\bar{x}$	1,87	1,46	1,55	2,36	2,00	2,16
	IV	-0,23;4,24	-0,51;3,89	-0,61;4,50	-0,04;4,20	0,41;4,41	-0,83;4,54
4	$\bar{x}$	1,93	0,98	1,53	3,41	2,65	3,09
	IV	0,16;5,47	-0,78;3,12	-0,59;4,27	0,73;5,02	0,02;6,11	0,91;5,25
5	$\bar{x}$	0,82	0,41	0,50	1,66	0,93	1,09
	IV	-0,27;2,45	-0,77;1,98	-0,38;2,76	0,16;4,38	-0,40;2,73	-0,29;3,14
Geral	$\bar{x}$	1,36	0,85	1,07	2,30	1,76	1,98
	IV	0,46;2,95	-0,03;2,16	0,23;2,55	0,87;3,15	0,70;2,89	0,32;2,86
Ambientes com estresse hídrico							
E		TC ₁			TC ₂		
		G_{RC1}	G_{RC2}	G_{RC3}	G_{RC1}	G_{RC2}	G_{RC3}
6	$\bar{x}$	0,83	0,34	0,60	1,99	1,42	1,69
	IV	-0,62;2,69	-1,36;2,60	-1,16;2,33	0,15;3,98	-1,40;3,53	-0,42;3,56
8	$\bar{x}$	1,10	0,56	0,77	1,77	1,21	1,41
	IV	-0,39;3,30	-1,01;4,39	-0,55;2,03	0,01;4,34	-0,78;2,85	-0,55;3,30
9	$\bar{x}$	0,71	0,16	0,47	1,66	1,15	1,22
	IV	-0,65;3,05	-2,01;1,57	-1,16;2,29	0,40;3,46	-1,05;2,70	-0,78;3,95
10	$\bar{x}$	2,63	1,82	2,41	3,27	2,80	3,20
	IV	0,90;4,95	-0,08;4,15	0,50;4,80	1,14;6,60	1,07;4,24	1,28;5,69
Geral	$\bar{x}$	1,32	0,72	1,06	2,17	1,64	1,88
	IV	0,31;2,23	-0,34;1,61	0,20;2,02	1,12;3,09	0,76;2,93	1,01;2,91

ANEXO Y. Médias de testecrosses, efeitos médios de alelos e de genótipos e variâncias aditivas de testecrosses na ausência e presença de epistasia

Considerando um loco A com dois alelos, A e a, com frequência (A) = p_1 e frequência (a) = q_1 na população e frequência (A) = r_1 e frequência (a) = s_1 no testador, assumindo valor genotípico a e $-a$ para os genótipos homozigotos AA e aa, respectivamente, e d para os genótipos heterozigotos Aa, a média de testecrosses resultante do loco A (μ), na ausência de epistasia, é dada pela eq. (55):

$$\mu = (p_1r_1 - q_1s_1)a + (p_1s_1 + q_1r_1)d \quad (55)$$

em que, μ é o somatório dos valores genotípicos médios de testecrosses para os genótipos AA, Aa e aa (Tabela 37), conforme Falconer and Mackay (1996).

Tabela 37. Genótipos, frequências genotípicas, valores genotípicos e valores genotípicos médios de testecrosses na ausência de epistasia

Genótipo	Frequência genotípica	Valor genotípico	Valor genotípico médio de testecrosses
AA	p_1r_1	a	$(p_1r_1)a$
Aa	$p_1s_1 + q_1r_1$	d	$(p_1s_1 + q_1r_1)d$
aa	q_1s_1	$-a$	$-(q_1s_1)a$

Considerando a presença de epistasia, em que o loco A apresenta interação inter-alélica com um loco B, a média de testecrosses resultante do loco A (μ) é dada pela eq. (56), assumindo o loco B com dois alelos, B e b, com frequência (B) = p_2 e frequência (b) = q_2 na população e frequência (B) = r_2 e frequência (b) = s_2 no testador, conforme Tabela 38.

$$\begin{aligned} \mu = & (p_1r_1 - q_1s_1)a + (p_1s_1 + q_1r_1)d + (p_1r_1 - q_1s_1)(p_2r_2 - q_2s_2)aa + (p_1r_1 - q_1s_1)(p_2s_2 + q_2r_2)ad + \\ & (p_2r_2 - q_2s_2)(p_1s_1 + q_1r_1)da + (p_1s_1 + q_1r_1)(p_2s_2 + q_2r_2)dd \end{aligned} \quad (56)$$

Tabela 38. Genótipos, frequências genotípicas, valores genotípicos e valores genotípicos médios de testecrosses na presença de epistasia

Genótipo	Frequência genotípica	Valor genotípico	Valor genotípico médio de testecrosses
AA	p_1r_1	a	$(p_1r_1)a$
Aa	$p_1s_1 + q_1r_1$	d	$(p_1s_1 + q_1r_1)d$
aa	q_1s_1	$-a$	$-(q_1s_1)a$
AABB	$(p_1r_1)(p_2r_2)$	aa	$(p_1r_1)(p_2r_2)aa$
AaBB	$(p_1s_1 + q_1r_1)(p_2r_2)$	da	$(p_1s_1 + q_1r_1)(p_2r_2)da$
aaBB	$(q_1s_1)(p_2r_2)$	$-aa$	$-(q_1s_1)(p_2r_2)aa$
AABb	$(p_1r_1)(p_2s_2 + q_2r_2)$	ad	$(p_1r_1)(p_2s_2 + q_2r_2)ad$
AaBb	$(p_1s_1 + q_1r_1)(p_2s_2 + q_2r_2)$	dd	$(p_1s_1 + q_1r_1)(p_2s_2 + q_2r_2)dd$
aaBb	$(q_1s_1)(p_2s_2 + q_2r_2)$	$-ad$	$-(q_1s_1)(p_2s_2 + q_2r_2)ad$
AAbb	$(p_1r_1)(q_2s_2)$	$-aa$	$-(p_1r_1)(q_2s_2)aa$
Aabb	$(p_1s_1 + q_1r_1)(q_2s_2)$	$-da$	$-(p_1s_1 + q_1r_1)(q_2s_2)da$
aabb	$(q_1s_1)(q_2s_2)$	aa	$(q_1s_1)(q_2s_2)aa$

O efeito médio do alelo A (α_A) e do alelo a (α_a) em testecrosses, assumindo ausência de epistasia, é apresentado nas eq. (57 e 58), respectivamente. Esses efeitos foram obtidos como desvios das médias de testecrosses para cada alelo do loco A (Tabela 39) em relação à média geral de testecrosses para o loco A (Falconer and Mackay 1996).

$$\alpha_A = (q_i)[a + (s_i - r_i)d] \quad (57)$$

$$\alpha_a = -(p_i)[a + (s_i - r_i)d] \quad (58)$$

Tabela 39. Gametas na população F₂, frequências genotípicas de testecrosses e médias genotípicas de testecrosses para os alelos A e a na ausência de epistasia

Gametas na população F ₂	Frequência genotípica de testecrosses			Média genotípica de testecrosses para o alelo A e para o alelo a
	AA	Aa	aa	
	<i>a</i>	<i>d</i>	<i>-a</i>	
A	<i>r_i</i>	<i>s_i</i>		$(r_i)a + (s_i)d$
a		<i>r_i</i>	<i>s_i</i>	$(r_i)d - (s_i)a$

De forma mais detalhada tem-se que:

$$\alpha_A = (r_i)a + (s_i)d - [(p_i r_i - q_i s_i)a + (p_i s_i + q_i r_i)d] = (r_i)a - (p_i r_i)a + (q_i s_i)a + (s_i)d - (p_i s_i + q_i r_i)d = (r_i)(1 - p_i)a + (q_i s_i)a + (s_i - p_i s_i - q_i r_i)d = (q_i r_i)a + (q_i s_i)a + [s_i(1 - p_i) - q_i r_i]d = (q_i)(r_i + s_i)a + (q_i s_i - q_i r_i)d = (q_i)a + (q_i)(s_i - r_i)d = (q_i)[a + (s_i - r_i)d].$$

$$\alpha_a = (r_i)d - (s_i)a - [(p_i r_i - q_i s_i)a + (p_i s_i + q_i r_i)d] = - (s_i)a - (p_i r_i)a + (q_i s_i)a + (r_i)d - (p_i s_i)d - (q_i r_i)d = - (s_i + p_i r_i - q_i s_i)a + (r_i)(1 - q_i)d - (p_i s_i)d = - [s_i(1 - q_i) + p_i r_i]a + (p_i r_i)d - (p_i s_i)d = - (p_i s_i + p_i r_i)a + (p_i)(r_i - s_i)d = - (p_i)(s_i + r_i)a - (p_i)(s_i - r_i)d = - (p_i)a - (p_i)(s_i - r_i)d = - (p_i)[a + (s_i - r_i)d].$$

Portanto, o efeito médio de substituição alélica em testecrosses para o loco A (α), na ausência de epistasia, é dado pela eq. (59):

$$\alpha = \alpha_A - \alpha_a = a + (s_i - r_i)d \quad (59)$$

Considerando a presença de epistasia, o efeito médio do alelo A (α_A) e do alelo a (α_a) em testecrosses é apresentado nas eq. (60 e 61), respectivamente. A média genotípica de testecrosses para cada alelo do loco A, na presença de epistasia, é apresentada na Tabela 40.

$$\alpha_A = (q_i)[a + (s_i - r_i)d] + (q_i)(p_2 r_2 - q_2 s_2)aa + (q_i)(p_2 s_2 + q_2 r_2)ad + (q_i)(s_i - r_i)(p_2 r_2 - q_2 s_2)da + (q_i)(s_i - r_i)(p_2 s_2 + q_2 r_2)dd \quad (60)$$

$$\alpha_a = -(p_i)[a + (s_i - r_i)d] - (p_i)(p_2 r_2 - q_2 s_2)aa - (p_i)(p_2 s_2 + q_2 r_2)ad - (p_i)(s_i - r_i)(p_2 r_2 - q_2 s_2)da - (p_i)(s_i - r_i)(p_2 s_2 + q_2 r_2)dd \quad (61)$$

Tabela 40. Gametas na população F₂, frequências genotípicas de testecrosses e médias genotípicas de testecrosses para os alelos A e a na presença de epistasia

Gametas na população F ₂	Frequência genotípica de testecrosses						Média genotípica de testecrosses para o alelo A e para o alelo a
	AA	Aa	aa	BB	Bb	bb	
	a	d	-a	a	d	-a	
A	r ₁	s ₁		p ₂ r ₂	p ₂ s ₂ + q ₂ r ₂	q ₂ s ₂	(r ₁)a + (s ₁)d + (r ₁)(p ₂ r ₂)aa + (r ₁)(p ₂ s ₂ + q ₂ r ₂)ad - (r ₁)(q ₂ s ₂)aa + (s ₁)(p ₂ r ₂)da + (s ₁)(p ₂ s ₂ + q ₂ r ₂)dd - (s ₁)(q ₂ s ₂)da (r ₁)d - (s ₁)a +
a		r ₁	s ₁	p ₂ r ₂	p ₂ s ₂ + q ₂ r ₂	q ₂ s ₂	(r ₁)(p ₂ r ₂)da + (r ₁)(p ₂ s ₂ + q ₂ r ₂)dd - (r ₁)(q ₂ s ₂)da - (s ₁)(p ₂ r ₂)aa - (s ₁)(p ₂ s ₂ + q ₂ r ₂)ad + (s ₁)(q ₂ s ₂)aa

De forma mais detalhada tem-se que:

$$\alpha_A = (r_1)a + (s_1)d + (r_1)(p_2r_2)aa + (r_1)(p_2s_2 + q_2r_2)ad - (r_1)(q_2s_2)aa + (s_1)(p_2r_2)da + (s_1)(p_2s_2 + q_2r_2)dd - (s_1)(q_2s_2)da - [(p_1r_1 - q_1s_1)a + (p_1s_1 + q_1r_1)d + (p_1r_1 - q_1s_1)(p_2r_2 - q_2s_2)aa + (p_1r_1 - q_1s_1)(p_2s_2 + q_2r_2)ad + (p_2r_2 - q_2s_2)(p_1s_1 + q_1r_1)da + (p_1s_1 + q_1r_1)(p_2s_2 + q_2r_2)dd] = (q_1)[a + (s_1 - r_1)d] + (r_1)(p_2r_2 - q_2s_2)aa + (q_1s_1 - p_1r_1)(p_2r_2 - q_2s_2)aa + (r_1 - p_1r_1 + q_1s_1)(p_2s_2 + q_2r_2)ad + (s_1)(p_2r_2 - q_2s_2)da - (p_2r_2 - q_2s_2)(p_1s_1 + q_1r_1)da + (s_1 - p_1s_1 - q_1r_1)(p_2s_2 + q_2r_2)dd = (q_1)[a + (s_1 - r_1)d] + (r_1 - p_1r_1 + q_1s_1)(p_2r_2 - q_2s_2)aa + [r_1(1 - p_1) + q_1s_1](p_2s_2 + q_2r_2)ad + (s_1 - p_1s_1 - q_1r_1)(p_2r_2 - q_2s_2)da + [s_1(1 - p_1) - q_1r_1](p_2s_2 + q_2r_2)dd = (q_1)[a + (s_1 - r_1)d] + [r_1(1 - p_1) + q_1s_1](p_2r_2 - q_2s_2)aa + (q_1r_1 + q_1s_1)(p_2s_2 + q_2r_2)ad + [s_1(1 - p_1) - q_1r_1](p_2r_2 - q_2s_2)da + (q_1s_1 - q_1r_1)(p_2s_2 + q_2r_2)dd = (q_1)[a + (s_1 - r_1)d] + (q_1r_1 + q_1s_1)(p_2r_2 - q_2s_2)aa + (q_1)(r_1 + s_1)(p_2s_2 + q_2r_2)ad + (q_1s_1 - q_1r_1)(p_2r_2 - q_2s_2)da + (q_1)(s_1 - r_1)(p_2s_2 + q_2r_2)dd = (q_1)[a + (s_1 - r_1)d] + (q_1)(p_2r_2 - q_2s_2)aa + (q_1)(p_2s_2 + q_2r_2)ad + (q_1)(s_1 - r_1)(p_2r_2 - q_2s_2)da + (q_1)(s_1 - r_1)(p_2s_2 + q_2r_2)dd.$$

$$\alpha_a = (r_1)d - (s_1)a + (r_1)(p_2r_2)da + (r_1)(p_2s_2 + q_2r_2)dd - (r_1)(q_2s_2)da - (s_1)(p_2r_2)aa - (s_1)(p_2s_2 + q_2r_2)ad + (s_1)(q_2s_2)aa - [(p_1r_1 - q_1s_1)a + (p_1s_1 + q_1r_1)d + (p_1r_1 - q_1s_1)(p_2r_2 - q_2s_2)aa + (p_1r_1 - q_1s_1)(p_2s_2 + q_2r_2)ad + (p_2r_2 - q_2s_2)(p_1s_1 + q_1r_1)da + (p_1s_1 + q_1r_1)(p_2s_2 + q_2r_2)dd] = - (p_1)[a + (s_1 - r_1)d] - (s_1 + p_1r_1 - q_1s_1)(p_2r_2 - q_2s_2)aa - (s_1 + p_1r_1 - q_1s_1)(p_2s_2 + q_2r_2)ad + (r_1 - p_1s_1 - q_1r_1)(p_2r_2 - q_2s_2)da + (r_1 - p_1s_1 - q_1r_1)(p_2s_2 + q_2r_2)dd = - (p_1)[a + (s_1 - r_1)d] - [s_1(1 - q_1) + p_1r_1](p_2r_2 - q_2s_2)aa - [s_1(1 - q_1) + p_1r_1](p_2s_2 + q_2r_2)ad + [r_1(1 - q_1) - p_1s_1](p_2r_2 - q_2s_2)da + [r_1(1 - q_1) - p_1s_1](p_2s_2 + q_2r_2)dd = - (p_1)[a + (s_1 - r_1)d] - (p_1)(s_1 + r_1)(p_2r_2 - q_2s_2)aa - (p_1)(s_1 + r_1)(p_2s_2 + q_2r_2)ad + (p_1)(r_1 - s_1)(p_2r_2 - q_2s_2)da + (p_1)(r_1 - s_1)(p_2s_2 + q_2r_2)dd = - (p_1)[a + (s_1 - r_1)d] - (p_1)(p_2r_2 - q_2s_2)aa - (p_1)(p_2s_2 + q_2r_2)ad - (p_1)(s_1 - r_1)(p_2r_2 - q_2s_2)da - (p_1)(s_1 - r_1)(p_2s_2 + q_2r_2)dd.$$

Portanto, o efeito médio de substituição alélica em testecrosses para o loco A (α), na presença de epistasia, é dado pela eq. (62):

$$\alpha = \alpha_A - \alpha_a = a + (s_1 - r_1)d + (p_2r_2 - q_2s_2)aa + (p_2s_2 + q_2r_2)ad + (s_1 - r_1)(p_2r_2 - q_2s_2)da + (s_1 - r_1)(p_2s_2 + q_2r_2)dd \quad (62)$$

A variância aditiva de testecrosses ($\sigma_{A_{TC}}^2$) é obtida pela multiplicação das frequências dos genótipos na população pelos efeitos médios dos genótipos de testecrosses elevados ao quadrado (Falconer and Mackay 1996; Bernardo 2010). Os efeitos médios dos genótipos de testecrosses, definidos em termos dos efeitos médios dos alelos, são apresentados na Tabela 41. Assim, a $\sigma_{A_{TC}}^2$ é obtida de forma geral pela eq. (63), sendo expressa na ausência de epistasia pela eq. (64) e na presença de epistasia pela eq. (65).

Tabela 41. Genótipos e efeitos médios dos genótipos de testecrosses

Genótipo	Efeito médio
AA	$2\alpha_A = 2q_1\alpha$
Aa	$\alpha_A + \alpha_a = (q_1 - p_1)\alpha$
aa	$2\alpha_a = -2p_1\alpha$

$$\begin{aligned}
\sigma_{A_{TC}}^2 &= 4p_1^2 q_1^2 \alpha^2 + 2p_1 q_1 (q_1 - p_1)^2 \alpha^2 + 4p_1^2 q_1^2 \alpha^2 = \\
&2p_1 q_1 \alpha^2 (2p_1 q_1 + q_1^2 - 2p_1 q_1 + p_1^2 + 2p_1 q_1) = \\
&2p_1 q_1 \alpha^2 (p_1^2 + 2p_1 q_1 + q_1^2) = \\
&2p_1 q_1 \alpha^2
\end{aligned} \tag{63}$$

$$\sigma_{A_{TC}}^2 = 2p_1 q_1 [a + (s_1 - r_1)d]^2 \tag{64}$$

$$\sigma_{A_{TC}}^2 = 2p_1 q_1 [a + (s_1 - r_1)d + (p_2 r_2 - q_2 s_2)aa + (p_2 s_2 + q_2 r_2)ad + (s_1 - r_1)(p_2 r_2 - q_2 s_2)da + (s_1 - r_1)(p_2 s_2 + q_2 r_2)dd]^2 \tag{65}$$

Para uma população F_2 em cruzamento com testadores de base genética restrita, como linhagens endogâmicas e híbridos simples, na ausência de epistasia a $\sigma_{A_{TC}}^2$ é apresentada nas eq. (66 a 68) e na presença de epistasia nas eq. (69 a 73):

Variância aditiva de testecrosses quando o testador é uma linhagem endogâmica com $r_1 = 1$ e $s_1 = 0$, na ausência de epistasia, eq. (66):

$$\sigma_{A_{TC}}^2 = (1/2)(a - d)^2 \tag{66}$$

Variância aditiva de testecrosses quando o testador é uma linhagem endogâmica com $r_1 = 0$ e $s_1 = 1$, na ausência de epistasia, eq. (67):

$$\sigma_{A_{TC}}^2 = (1/2)(a + d)^2 \tag{67}$$

Variância aditiva de testecrosses quando o testador é um híbrido simples com $r_1 = s_1 = 0,5$, na ausência de epistasia, eq. (68):

$$\sigma_{A_{TC}}^2 = (1/2)a^2 \tag{68}$$

Variância aditiva de testecrosses quando o testador é uma linhagem endogâmica com $r_1 = 1$, $s_1 = 0$, $r_2 = 1$ e $s_2 = 0$, na presença de epistasia, eq. (69):

$$\sigma_{A_{TC}}^2 = (1/2)[a - d + (1/2)(aa + ad - da - dd)]^2 \tag{69}$$

Variância aditiva de testecrosses quando o testador é uma linhagem endogâmica com $r_1 = 1$, $s_1 = 0$, $r_2 = 0$ e $s_2 = 1$, na presença de epistasia, eq. (70):

$$\sigma_{A_{TC}}^2 = (1/2)[a - d + (1/2)(-aa + ad + da - dd)]^2 \quad (70)$$

Variância aditiva de testecrosses quando o testador é uma linhagem endogâmica com $r_1 = 0$, $s_1 = 1$, $r_2 = 1$ e $s_2 = 0$, na presença de epistasia, eq. (71):

$$\sigma_{A_{TC}}^2 = (1/2)[a + d + (1/2)(aa + ad + da + dd)]^2 \quad (71)$$

Variância aditiva de testecrosses quando o testador é uma linhagem endogâmica com $r_1 = 0$, $s_1 = 1$, $r_2 = 0$ e $s_2 = 1$, na presença de epistasia, eq. (72):

$$\sigma_{A_{TC}}^2 = (1/2)[a + d + (1/2)(-aa + ad - da + dd)]^2 \quad (72)$$

Variância aditiva de testecrosses quando o testador é um híbrido simples com $r_1 = s_1 = r_2 = s_2 = 0,5$, na presença de epistasia, eq. (73):

$$\sigma_{A_{TC}}^2 = (1/2)[a + (1/2)ad]^2 \quad (73)$$

ANEXO Z. Produtos médios e respectivas significâncias das análises de covariâncias conjuntas para as combinações do caráter produção de grãos (PG) com os caracteres acamamento e quebramento de plantas (ACQ), prolificidade (PROL), altura da planta (AP), altura da espiga (AE), posição relativa da espiga (PRE), florescimento masculino (FM), florescimento feminino (FF) e intervalo entre florescimentos (IF) em testecrosses provenientes do testador L-02-03D (TC₁), para o grupo de ambientes sem estresse hídrico (SE)

FC	GL	GL ^a	Produtos médios							
			PGACQ	PGPROL	PGAP	PGAE	PGPRE ^b	PGFM	PGFF	PGIF
Ambientes (E)	4	3	-509,64 ^{ns}	3,64 ^{ns}	2.623,87 ^{ns}	2.463,77 ^{ns}	4.259,08 ^{ns}	345,00 ^{ns}	403,73 ^{ns}	58,73 ^{ns}
Testecrosses (TC)	99	99	-1,55*	0,46**	51,00**	39,78**	52,71**	-2,65**	-3,39**	-0,74 ^{ns}
TC x E	396	297	-0,04 ^{ns}	0,17**	10,30**	7,36**	7,63**	-1,82**	-1,70**	0,12 ^{ns}
Gerações de RC (G _{RC})	2	2	-21,59 ^{ns}	0,89 ^{ns}	112,05 ^{ns}	129,58 ^{ns}	281,67 ^{ns}	42,79 ^{ns}	7,43 ^{ns}	-35,36 ^{ns}
G _{RC1} vs G _{RC2} (C ₁)	1	1	-45,66 ^{ns}	2,09 ^{ns}	245,97 ^{ns}	245,85 ^{ns}	448,98 ^{ns}	77,61 ^{ns}	9,22 ^{ns}	-68,39 ^{ns}
G _{RC1} +G _{RC2} vs 2G _{RC3} (C ₂)	1	1	2,48 ^{ns}	-0,31 ^{ns}	-21,87 ^{ns}	13,32 ^{ns}	114,36 ^{ns}	7,97 ^{ns}	5,64 ^{ns}	-2,33 ^{ns}
G _{RC} x E	8	6	-1,81 ^{ns}	0,14*	9,95 ^{ns}	5,69 ^{ns}	-4,13 ^{ns}	-1,29 ^{ns}	-2,68 ^{ns}	-1,39 ^{ns}
C ₁ x E	4	3	-4,13 ^{ns}	0,23 ^{ns}	15,00 ^{ns}	8,63 ^{ns}	-8,35 ^{ns}	-3,05 ^{ns}	-5,03 ^{ns}	-1,97 ^{ns}
C ₂ x E	4	3	0,52 ^{ns}	0,05 ^{ns}	4,90 ^{ns}	2,75 ^{ns}	0,09 ^{ns}	0,47 ^{ns}	-0,33 ^{ns}	-0,81 ^{ns}
TC x G _{RC}	198	198	-0,12 ^{ns}	0,12**	3,92**	3,02**	3,51 ^{ns}	-0,21 ^{ns}	-0,53**	-0,33**
TC x C ₁	99	99	-0,06 ^{ns}	0,11**	4,72**	2,81*	0,74 ^{ns}	-0,06 ^{ns}	-0,49**	-0,44**
TC x C ₂	99	99	-0,17 ^{ns}	0,12**	3,13**	3,24**	6,27 ^{ns}	-0,35 ^{ns}	-0,57**	-0,21 ^{ns}
TC x G _{RC} x E	792	594	-0,14**	0,06**	1,51**	0,96**	0,57 ^{ns}	-0,44**	-0,54**	-0,10*
TC x C ₁ x E	396	297	-0,22**	0,07**	1,74**	0,97*	0,08 ^{ns}	-0,46**	-0,59**	-0,13 ^{ns}
TC x C ₂ x E	396	297	-0,07 ^{ns}	0,06**	1,28**	0,96**	1,06 ^{ns}	-0,41**	-0,49**	-0,08 ^{ns}
Epistasia total (Z)	100	100	-0,15 ^{ns}	0,12**	2,88*	3,34**	7,35*	-0,27 ^{ns}	-0,51**	-0,24 ^{ns}
Z x E	400	300	-0,06 ^{ns}	0,06**	1,31**	0,97**	1,05 ^{ns}	-0,40**	-0,49**	-0,08 ^{ns}
Erro efetivo médio	1.305	1.044	-0,08 ^{ns}	0,07**	3,52**	2,59**	1,07 ^{ns}	-0,66**	-0,76**	-0,09*

^{ns}, * e ** não significativo, significativo a 0,05 e 0,01 de probabilidade pelo teste de Pillai adaptado por Silva (2015), respectivamente.

^a GL para produtos médios envolvendo os caracteres de florescimento.

^b Produtos médios multiplicados por 10³.

ANEXO AA. Produtos médios e respectivas significâncias das análises de covariâncias conjuntas para as combinações do carácter acamamento e quebramento de plantas (ACQ) com os caracteres prolificidade (PROL), altura da planta (AP), altura da espiga (AE), posição relativa da espiga (PRE), florescimento masculino (FM), florescimento feminino (FF) e intervalo entre florescimentos (IF) em testecrosses provenientes do testador L-02-03D (TC₁), para o grupo de ambientes sem estresse hídrico (SE)

FC	GL	GL ^a	Produtos médios						
			ACQPROL ^b	ACQAP	ACQAE	ACQPRE ^c	ACQFM	ACQFF	ACQIF ^b
Ambientes (E)	4	3	-1.067,46 ^{ns}	-8.182,76 ^{ns}	-6.662,96 ^{ns}	-8.970,05 ^{ns}	-560,04 ^{ns}	-1.009,79 ^{ns}	-44.975,38 ^{ns}
Testecrosses (TC)	99	99	-7,90 [*]	-2,40 ^{ns}	-1,07 ^{ns}	-0,04 ^{ns}	-1,23 [*]	-0,96 ^{ns}	26,77 ^{ns}
TC x E	396	297	-1,82 ^{ns}	5,21 ^{**}	4,80 ^{**}	7,24 [*]	0,02 ^{ns}	-0,18 ^{ns}	-19,29 ^{ns}
Gerações de RC (G _{RC})	2	2	-180,38 ^{ns}	-211,10 ^{ns}	-206,98 ^{ns}	-367,70 ^{ns}	-55,54 ^{ns}	-6,13 ^{ns}	4.941,13 ^{ns}
G _{RC1} ^{vs} G _{RC2} (C ₁)	1	1	-353,67 ^{ns}	-417,20 ^{ns}	-417,00 ^{ns}	-761,54 ^{ns}	-112,67 ^{ns}	-13,38 ^{ns}	9.928,80 ^{ns}
G _{RC1} +G _{RC2} ^{vs} 2G _{RC3} (C ₂)	1	1	-7,09 ^{ns}	-5,00 ^{ns}	3,05 ^{ns}	26,14 ^{ns}	1,59 ^{ns}	1,13 ^{ns}	-46,54 ^{ns}
G _{RC} x E	8	6	-5,87 ^{ns}	8,17 ^{ns}	4,54 ^{ns}	1,51 ^{ns}	0,14 ^{ns}	0,25 ^{ns}	11,62 ^{ns}
C ₁ x E	4	3	-16,19 ^{ns}	13,42 ^{ns}	6,37 ^{ns}	-1,81 ^{ns}	-0,11 ^{ns}	0,87 ^{ns}	97,99 ^{ns}
C ₂ x E	4	3	4,44 ^{ns}	2,92 ^{ns}	2,72 ^{ns}	4,83 ^{ns}	0,38 ^{ns}	-0,36 ^{ns}	-74,75 ^{ns}
TC x G _{RC}	198	198	-1,14 ^{ns}	-0,17 ^{ns}	0,21 ^{ns}	1,39 ^{ns}	-0,12 ^{ns}	-0,07 ^{ns}	4,93 ^{ns}
TC x C ₁	99	99	-0,33 ^{ns}	-0,10 ^{ns}	-0,27 ^{ns}	-0,62 ^{ns}	-0,07 ^{ns}	0,02 ^{ns}	9,03 ^{ns}
TC x C ₂	99	99	-1,95 ^{ns}	-0,24 ^{ns}	0,69 ^{ns}	3,41 ^{ns}	-0,17 ^{ns}	-0,16 ^{ns}	0,82 ^{ns}
TC x G _{RC} x E	792	594	-0,99 ^{**}	0,37 ^{ns}	0,52 ^{ns}	1,44 ^{ns}	0,04 ^{ns}	0,01 ^{ns}	-2,91 ^{ns}
TC x C ₁ x E	396	297	-1,46 ^{**}	-0,55 ^{ns}	-0,31 ^{ns}	-0,07 ^{ns}	0,23 ^{**}	0,17 [*]	-5,90 ^{ns}
TC x C ₂ x E	396	297	-0,52 ^{ns}	1,28 ^{**}	1,35 ^{**}	2,95 [*]	-0,15 ^{ns}	-0,14 ^{ns}	0,08 ^{ns}
Epistasia total (Z)	100	100	-2,01 ^{ns}	-0,29 ^{ns}	0,71 ^{ns}	3,64 ^{ns}	-0,15 ^{ns}	-0,15 ^{ns}	0,35 ^{ns}
Z x E	400	300	-0,47 ^{ns}	1,30 ^{**}	1,36 ^{**}	2,97 [*]	-0,14 ^{ns}	-0,15 [*]	-0,67 ^{ns}
Erro efetivo médio	1.305	1.044	-0,90 ^{**}	1,04 ^{**}	1,03 ^{**}	-0,13 ^{ns}	0,06 ^{ns}	0,03 ^{ns}	-2,37 ^{ns}

^{ns}, ^{*} e ^{**} não significativo, significativo a 0,05 e 0,01 de probabilidade pelo teste de Pillai adaptado por Silva (2015), respectivamente.

^a GL para produtos médios envolvendo os caracteres de florescimento.

^b Produtos médios multiplicados por 10².

^c Produtos médios multiplicados por 10³.

ANEXO BB. Produtos médios e respectivas significâncias das análises de covariâncias conjuntas para as combinações do caráter prolificidade (PROL) com os caracteres altura da planta (AP), altura da espiga (AE), posição relativa da espiga (PRE), florescimento masculino (FM), florescimento feminino (FF) e intervalo entre florescimentos (IF) e para as combinações do caráter AP com os caracteres AE e PRE em testecrosses provenientes do testador L-02-03D (TC₁), para o grupo de ambientes sem estresse hídrico (SE)

FC	GL	GL ^a	Produtos médios							
			PROLAP	PROLAE	PROLPRE ^b	PROLFM ^c	PROLFF ^c	PROLIF ^c	APAE	APPRE ^c
Ambientes (E)	4	3	32,44 ^{ns}	6,39 ^{ns}	-48,99 ^{ns}	1.095,06 ^{ns}	835,89 ^{ns}	-259,17 ^{ns}	63.589,09 ^{ns}	13.284,30 ^{ns}
Testecrosses (TC)	99	99	1,26 [*]	0,96 [*]	1,26 ^{ns}	-15,73 ^{**}	-20,14 ^{**}	-4,41 ^{ns}	646,50 ^{**}	62,42 ^{**}
TC x E	396	297	0,34 ^{**}	0,28 ^{**}	0,45 [*]	-10,84 ^{**}	-9,65 ^{**}	1,19 ^{ns}	121,42 ^{**}	9,06 ^{**}
Gerações de RC (G _{RC})	2	2	9,84 ^{ns}	9,33 ^{ns}	15,75 ^{ns}	228,95 ^{ns}	17,45 ^{ns}	-211,51 ^{ns}	1.109,66 ^{ns}	193,58 ^{ns}
G _{RC1} <i>vs</i> G _{RC2} (C ₁)	1	1	19,05 ^{ns}	19,04 ^{ns}	34,77 ^{ns}	491,01 ^{ns}	58,33 ^{ns}	-432,69 ^{ns}	2.246,14 ^{ns}	410,20 ^{ns}
G _{RC1} +G _{RC2} <i>vs</i> 2G _{RC3} (C ₂)	1	1	0,62 ^{ns}	-0,38 ^{ns}	-3,27 ^{ns}	-33,11 ^{ns}	-23,43 ^{ns}	9,68 ^{ns}	-26,81 ^{ns}	-23,02 ^{ns}
G _{RC} x E	8	6	0,15 ^{ns}	0,18 ^{ns}	0,32 ^{ns}	-0,66 ^{ns}	-5,60 ^{ns}	-4,94 ^{ns}	77,63 [*]	6,12 ^{ns}
C ₁ x E	4	3	0,02 ^{ns}	0,11 ^{ns}	0,17 ^{ns}	-5,24 ^{ns}	-7,33 ^{ns}	-2,08 ^{ns}	102,69 ^{ns}	10,44 ^{ns}
C ₂ x E	4	3	0,28 ^{ns}	0,26 ^{ns}	0,47 ^{ns}	3,91 ^{ns}	-3,88 ^{ns}	-7,79 ^{ns}	52,58 ^{ns}	1,80 ^{ns}
TC x G _{RC}	198	198	0,21 ^{**}	0,15 [*]	0,12 ^{ns}	-1,75 ^{ns}	-3,75 ^{**}	-2,00 [*]	46,61 ^{**}	1,63 ^{ns}
TC x C ₁	99	99	0,31 ^{**}	0,22 ^{**}	0,20 ^{ns}	-0,02 ^{ns}	-3,10 [*]	-3,08 ^{**}	49,71 ^{**}	2,02 ^{ns}
TC x C ₂	99	99	0,11 ^{ns}	0,08 ^{ns}	0,04 ^{ns}	-3,47 [*]	-4,40 ^{**}	-0,93 ^{ns}	43,52 ^{**}	1,25 ^{ns}
TC x G _{RC} x E	792	594	0,07 ^{**}	0,05 ^{**}	0,06 ^{ns}	-2,36 ^{**}	-2,72 ^{**}	-0,36 ^{ns}	32,91 ^{**}	1,35 [*]
TC x C ₁ x E	396	297	0,10 ^{**}	0,09 ^{**}	0,15 ^{ns}	-2,47 ^{**}	-2,53 ^{**}	-0,06 ^{ns}	37,20 ^{**}	1,40 ^{ns}
TC x C ₂ x E	396	297	0,04 ^{ns}	0,02 ^{ns}	-0,03 ^{ns}	-2,25 ^{**}	-2,90 ^{**}	-0,65 ^{ns}	28,62 ^{**}	1,30 ^{ns}
Epistasia total (Z)	100	100	0,12 ^{ns}	0,07 ^{ns}	0,01 ^{ns}	-3,77 [*]	-4,59 ^{**}	-0,82 ^{ns}	42,81 ^{**}	1,00 ^{ns}
Z x E	400	300	0,05 ^{ns}	0,02 ^{ns}	-0,03 ^{ns}	-2,19 ^{**}	-2,91 ^{**}	-0,72 ^{ns}	28,86 ^{**}	1,31 ^{ns}
Erro efetivo médio	1.305	1.044	0,15 ^{**}	0,11 ^{**}	0,17 ^{**}	-3,42 ^{**}	-3,95 ^{**}	-0,32 ^{ns}	50,22 ^{**}	3,58 ^{**}

^{ns}, * e ** não significativo, significativo a 0,05 e 0,01 de probabilidade pelo teste de Pillai adaptado por Silva (2015), respectivamente.

^a GL para produtos médios envolvendo os caracteres de florescimento.

^b Produtos médios multiplicados por 10³.

^c Produtos médios multiplicados por 10².

ANEXO CC.Produtos médios e respectivas significâncias das análises de covariâncias conjuntas para as combinações do caráter altura da planta (AP) com os caracteres florescimento masculino (FM), florescimento feminino (FF) e intervalo entre florescimentos (IF) e para as combinações do caráter altura da espiga (AE) com os caracteres posição relativa da espiga (PRE), FM, FF e IF em testecrosses provenientes do testador L-02-03D (TC₁), para o grupo de ambientes sem estresse hídrico (SE)

FC	GL	GL ^a	Produtos médios						
			APFM	APFF	APIF	AEPRE	AEFM	AEFF	AEIF
Ambientes (E)	4	3	9.189,05 ^{ns}	10.582,90 ^{ns}	1.393,85 ^{ns}	172,57 ^{ns}	10.974,72 ^{ns}	12.442,00 ^{ns}	1.467,28 ^{ns}
Testecrosses (TC)	99	99	0,61 ^{ns}	0,73 ^{ns}	0,12 ^{ns}	0,87 ^{**}	0,29 ^{ns}	-0,71 ^{ns}	-1,00 ^{ns}
TC x E	396	297	-8,27 ^{**}	-8,92 ^{**}	-0,65 ^{ns}	0,23 ^{**}	-7,30 ^{**}	-8,52 ^{**}	-1,22 ^{ns}
Gerações de RC (G _{RC})	2	2	222,71 ^{ns}	14,63 ^{ns}	-208,08 ^{ns}	2,12 ^{ns}	267,85 ^{ns}	34,22 ^{ns}	-233,63 ^{ns}
G _{RC1} <i>vs</i> G _{RC2} (C ₁)	1	1	485,57 ^{ns}	57,68 ^{ns}	-427,89 ^{ns}	4,10 ^{ns}	527,53 ^{ns}	62,67 ^{ns}	-464,87 ^{ns}
G _{RC1} +G _{RC2} <i>vs</i> 2G _{RC3} (C ₂)	1	1	-40,15 ^{ns}	-28,42 ^{ns}	11,73 ^{ns}	0,14 ^{ns}	8,17 ^{ns}	5,78 ^{ns}	-2,39 ^{ns}
G _{RC} x E	8	6	-7,86 ^{ns}	-4,62 ^{ns}	3,24 ^{ns}	0,30 [*]	-7,89 ^{ns}	2,37 ^{ns}	10,27 ^{ns}
C ₁ x E	4	3	-11,56 ^{ns}	-3,83 ^{ns}	7,72 ^{ns}	0,36 ^{ns}	-7,38 ^{ns}	15,76 ^{ns}	23,14 ^{ns}
C ₂ x E	4	3	-4,17 ^{ns}	-5,41 ^{ns}	-1,24 ^{ns}	0,23 ^{ns}	-8,41 ^{ns}	-11,01 ^{ns}	-2,61 ^{ns}
TC x G _{RC}	198	198	0,95 ^{ns}	0,87 ^{ns}	-0,09 ^{ns}	0,14 ^{**}	0,03 ^{ns}	-0,05 ^{ns}	-0,08 ^{ns}
TC x C ₁	99	99	2,32 [*]	1,60 ^{ns}	-0,72 ^{ns}	0,14 ^{**}	0,52 ^{ns}	0,64 ^{ns}	0,11 ^{ns}
TC x C ₂	99	99	-0,41 ^{ns}	0,14 ^{ns}	0,55 ^{ns}	0,14 ^{**}	-0,45 ^{ns}	-0,73 ^{ns}	-0,28 ^{ns}
TC x G _{RC} x E	792	594	-1,40 ^{**}	-1,06 ^{**}	0,34 ^{ns}	0,10 ^{**}	-1,11 ^{**}	-0,87 ^{**}	0,23 ^{ns}
TC x C ₁ x E	396	297	-1,06 [*]	-0,68 ^{ns}	0,38 ^{ns}	0,11 ^{**}	-0,96 [*]	-0,38 ^{ns}	0,57 ^{ns}
TC x C ₂ x E	396	297	-1,74 ^{**}	-1,45 ^{**}	0,29 ^{ns}	0,10 ^{**}	-1,26 ^{**}	-1,37 ^{**}	-0,10 ^{ns}
Epistasia total (Z)	100	100	-0,81 ^{ns}	-0,15 ^{ns}	0,66 ^{ns}	0,14 ^{**}	-0,37 ^{ns}	-0,67 ^{ns}	-0,30 ^{ns}
Z x E	400	300	-1,77 ^{**}	-1,49 ^{**}	0,28 ^{ns}	0,10 ^{**}	-1,33 ^{**}	-1,46 ^{**}	-0,13 ^{ns}
Erro efetivo médio	1.305	1.044	-3,54 ^{**}	-3,79 ^{**}	-0,25 ^{ns}	0,12 ^{**}	-3,16 ^{**}	-3,28 ^{**}	-0,11 ^{ns}

^{ns}, * e ** não significativo, significativo a 0,05 e 0,01 de probabilidade pelo teste de Pillai adaptado por Silva (2015), respectivamente.

^a GL para produtos médios envolvendo os caracteres de florescimento.

ANEXO DD. Produtos médios e respectivas significâncias das análises de covariâncias conjuntas para as combinações do caráter posição relativa da espiga (PRE) com os caracteres florescimento masculino (FM), florescimento feminino (FF) e intervalo entre florescimentos (IF), para as combinações do caráter FM com os caracteres FF e IF e para a combinação entre os caracteres FF e IF em testecrosses provenientes do testador L-02-03D (TC₁), para o grupo de ambientes sem estresse hídrico (SE)

FC	GL	GL ^a	Produtos médios					
			PREFM ^b	PREFF ^b	PREIF ^b	FMFF	FMIF	FFIF
Ambientes (E)	4	3	2.435,77 ^{ns}	2.731,99 ^{ns}	296,22 ^{ns}	4.708,76 ^{ns}	-367,69 ^{ns}	-193,91 ^{ns}
Testecrosses (TC)	99	99	-0,10 ^{ns}	-0,58 ^{ns}	-0,48 ^{ns}	5,62 ^{**}	-1,21 ^{**}	1,40 ^{**}
TC x E	396	297	-1,24 ^{**}	-1,56 ^{**}	-0,32 ^{ns}	2,23 ^{**}	-1,07 ^{**}	0,75 ^{**}
Gerações de RC (G _{RC})	2	2	58,29 ^{ns}	10,97 ^{ns}	-47,32 ^{ns}	11,49 ^{ns}	-60,49 ^{ns}	-8,05 ^{ns}
G _{RC1} vs G _{RC2} (C ₁)	1	1	102,84 ^{ns}	12,22 ^{ns}	-90,62 ^{ns}	15,92 ^{ns}	-118,07 ^{ns}	-14,03 ^{ns}
G _{RC1} +G _{RC2} vs 2G _{RC3} (C ₂)	1	1	13,75 ^{ns}	9,73 ^{ns}	-4,02 ^{ns}	7,07 ^{ns}	-2,92 ^{ns}	-2,07 ^{ns}
G _{RC} x E	8	6	-1,28 ^{ns}	1,88 ^{ns}	3,16 ^{ns}	1,06 ^{ns}	-3,16 ^{ns}	1,99 ^{ns}
C ₁ x E	4	3	-0,03 ^{ns}	7,20 ^{ns}	7,23 ^{ns}	1,34 ^{ns}	-5,56 ^{ns}	3,61 ^{ns}
C ₂ x E	4	3	-2,53 ^{ns}	-3,44 ^{ns}	-0,91 ^{ns}	0,79 ^{ns}	-0,76 ^{ns}	0,36 ^{ns}
TC x G _{RC}	198	198	-0,22 ^{ns}	-0,21 ^{ns}	0,01 ^{ns}	1,13 ^{**}	-0,51 ^{**}	0,61 ^{**}
TC x C ₁	99	99	-0,35 ^{ns}	-0,09 ^{ns}	0,26 ^{ns}	1,11 ^{**}	-0,49 ^{**}	0,58 ^{**}
TC x C ₂	99	99	-0,08 ^{ns}	-0,33 ^{ns}	-0,25 ^{ns}	1,15 ^{**}	-0,54 ^{**}	0,63 ^{**}
TC x G _{RC} x E	792	594	-0,15 ^{ns}	-0,12 ^{ns}	0,03 ^{ns}	0,68 ^{**}	-0,51 ^{**}	0,52 ^{**}
TC x C ₁ x E	396	297	-0,16 ^{ns}	-0,02 ^{ns}	0,14 ^{ns}	0,67 ^{**}	-0,47 ^{**}	0,64 ^{**}
TC x C ₂ x E	396	297	-0,15 ^{ns}	-0,23 ^{ns}	-0,08 ^{ns}	0,70 ^{**}	-0,55 ^{**}	0,39 ^{**}
Epistasia total (Z)	100	100	0,06 ^{ns}	-0,23 ^{ns}	-0,29 ^{ns}	1,21 ^{**}	-0,56 ^{**}	0,60 ^{**}
Z x E	400	300	-0,17 ^{ns}	-0,26 [*]	-0,09 ^{ns}	0,70 ^{**}	-0,56 ^{**}	0,39 ^{**}
Erro efetivo médio	1.305	1.044	-0,56 ^{**}	-0,57 ^{**}	0,01 ^{ns}	1,10 ^{**}	-0,48 ^{**}	0,42 ^{**}

^{ns}, * e ** não significativo, significativo a 0,05 e 0,01 de probabilidade pelo teste de Pillai adaptado por Silva (2015), respectivamente.

^a GL para produtos médios envolvendo os caracteres de florescimento.

^b Produtos médios multiplicados por 10².

ANEXO EE.

Produtos médios e respectivas significâncias das análises de covariâncias conjuntas para as combinações do carácter produção de grãos (PG) com os caracteres acamamento e quebramento de plantas (ACQ), prolificidade (PROL), altura da planta (AP), altura da espiga (AE), posição relativa da espiga (PRE), florescimento masculino (FM), florescimento feminino (FF) e intervalo entre florescimentos (IF) em testecrosses provenientes do testador L-04-05F (TC₂), para o grupo de ambientes sem estresse hídrico (SE)

FC	GL	GL ^a	Produtos médios							
			PGACQ ^b	PGPROL ^b	PGAP	PGAE	PGPRE ^c	PGFM	PGFF	PGIF
Ambientes (E)	4	3	-3.988,45 ^{ns}	79,37 ^{ns}	3.773,69 ^{ns}	4.236,40 ^{ns}	8.520,18 ^{ns}	1.343,11 ^{ns}	1.215,87 ^{ns}	-127,24 ^{ns}
Testecrosses (TC)	99	99	3,80 ^{ns}	2,59 ^{**}	25,84 ^{**}	23,69 ^{**}	37,35 ^{**}	-0,55 ^{ns}	-1,57 ^{**}	-1,02 ^{**}
TC x E	396	297	-2,27 ^{ns}	1,29 ^{**}	5,77 ^{**}	3,83 ^{**}	2,15 ^{ns}	-1,07 ^{**}	-1,16 ^{**}	-0,09 ^{ns}
Gerações de RC (G _{RC})	2	2	-385,54 ^{ns}	69,19 ^{ns}	62,41 ^{ns}	-238,24 ^{ns}	-1.186,02 ^{ns}	9,27 ^{ns}	-60,85 ^{ns}	-70,12 ^{ns}
G _{RC1} <i>vs</i> G _{RC2} (C ₁)	1	1	-820,98 ^{ns}	118,55 ^{ns}	105,16 ^{ns}	-523,73 ^{ns}	-2.542,52 ^{ns}	29,06 ^{ns}	-115,26 ^{ns}	-144,32 ^{ns}
G _{RC1} +G _{RC2} <i>vs</i> 2G _{RC3} (C ₂)	1	1	49,90 ^{ns}	19,83 ^{ns}	19,66 ^{ns}	47,25 ^{ns}	170,48 ^{ns}	-10,53 ^{ns}	-6,44 ^{ns}	4,09 ^{ns}
G _{RC} x E	8	6	4,22 ^{ns}	2,60 ^{**}	-3,42 ^{ns}	1,28 ^{ns}	17,76 ^{ns}	-1,21 ^{ns}	0,32 ^{ns}	1,53 ^{ns}
C ₁ x E	4	3	8,80 ^{ns}	4,75 ^{ns}	-4,53 ^{ns}	4,80 ^{ns}	38,24 ^{ns}	-3,13 ^{ns}	0,54 ^{ns}	3,68 ^{ns}
C ₂ x E	4	3	-0,36 ^{ns}	0,45 ^{ns}	-2,31 ^{ns}	-2,25 ^{ns}	-2,72 ^{ns}	0,72 ^{ns}	0,09 ^{ns}	-0,63 ^{ns}
TC x G _{RC}	198	198	-0,39 ^{ns}	1,05 ^{**}	3,06 ^{**}	3,08 ^{**}	5,42 [*]	-0,29 [*]	-0,53 ^{**}	-0,24 [*]
TC x C ₁	99	99	1,04 ^{ns}	1,19 ^{**}	4,28 ^{**}	4,47 ^{**}	8,54 [*]	-0,36 [*]	-0,58 ^{**}	-0,22 ^{ns}
TC x C ₂	99	99	-1,82 ^{ns}	0,92 ^{**}	1,83 ^{ns}	1,69 ^{ns}	2,31 ^{ns}	-0,23 ^{ns}	-0,47 ^{**}	-0,25 [*]
TC x G _{RC} x E	792	594	-0,93 [*]	0,68 ^{**}	1,14 ^{**}	0,58 [*]	-0,31 ^{ns}	-0,38 ^{**}	-0,51 ^{**}	-0,13 ^{**}
TC x C ₁ x E	396	297	-1,88 ^{**}	0,62 ^{**}	0,92 [*]	0,50 ^{ns}	-0,02 ^{ns}	-0,41 ^{**}	-0,50 ^{**}	-0,09 ^{ns}
TC x C ₂ x E	396	297	0,02 ^{ns}	0,73 ^{**}	1,35 ^{**}	0,66 ^{ns}	-0,61 ^{ns}	-0,35 ^{**}	-0,52 ^{**}	-0,17 ^{**}
Epistasia total (Z)	100	100	-1,30 ^{ns}	1,11 ^{**}	2,01 ^{ns}	2,14 ^{ns}	3,99 ^{ns}	-0,33 ^{ns}	-0,53 ^{**}	-0,20 ^{ns}
Z x E	400	300	0,01 ^{ns}	0,73 ^{**}	1,31 ^{**}	0,63 ^{ns}	-0,63 ^{ns}	-0,34 ^{**}	-0,51 ^{**}	-0,18 ^{**}
Erro efetivo médio	1.305	1.044	-1,06 ^{**}	0,74 ^{**}	2,02 ^{**}	1,49 ^{**}	0,47 ^{ns}	-0,42 ^{**}	-0,60 ^{**}	-0,17 ^{**}

^{ns}, * e ** não significativo, significativo a 0,05 e 0,01 de probabilidade pelo teste de Pillai adaptado por Silva (2015), respectivamente.

^a GL para produtos médios envolvendo os caracteres de florescimento.

^b Produtos médios multiplicados por 10.

^c Produtos médios multiplicados por 10³.

ANEXO FF. Produtos médios e respectivas significâncias das análises de covariâncias conjuntas para as combinações do carácter acamamento e quebramento de plantas (ACQ) com os caracteres prolificidade (PROL), altura da planta (AP), altura da espiga (AE), posição relativa da espiga (PRE), florescimento masculino (FM), florescimento feminino (FF) e intervalo entre florescimentos (IF) em testecrosses provenientes do testador L-04-05F (TC₂), para o grupo de ambientes sem estresse hídrico (SE)

FC	GL	GL ^a	Produtos médios						
			ACQPROL ^b	ACQAP	ACQAE	ACQPRE ^b	ACQFM	ACQFF	ACQIF
Ambientes (E)	4	3	-1.059,14 ^{ns}	-7.128,66 ^{ns}	-5.815,01 ^{ns}	-644,52 ^{ns}	-248,09 ^{ns}	-858,68 ^{ns}	-610,59 ^{ns}
Testecrosses (TC)	99	99	4,82 ^{ns}	7,32 ^{ns}	3,41 ^{ns}	-0,37 ^{ns}	-0,09 ^{ns}	0,09 ^{ns}	0,17 ^{ns}
TC x E	396	297	-2,29 ^{ns}	2,70 [*]	2,03 ^{ns}	0,21 ^{ns}	-0,18 ^{ns}	-0,29 ^{ns}	-0,11 ^{ns}
Gerações de RC (G _{RC})	2	2	-251,59 ^{ns}	-22,05 ^{ns}	128,62 ^{ns}	61,68 ^{ns}	-8,05 ^{ns}	26,13 ^{ns}	34,18 ^{ns}
G _{RC1} vs G _{RC2} (C ₁)	1	1	-554,57 ^{ns}	-49,19 ^{ns}	245,00 ^{ns}	118,94 ^{ns}	-13,57 ^{ns}	53,80 ^{ns}	67,37 ^{ns}
G _{RC1} +G _{RC2} vs 2G _{RC3} (C ₂)	1	1	51,40 ^{ns}	5,09 ^{ns}	12,24 ^{ns}	4,42 ^{ns}	-2,52 ^{ns}	-1,54 ^{ns}	0,98 ^{ns}
G _{RC} x E	8	6	-1,21 ^{ns}	-2,25 ^{ns}	0,09 ^{ns}	0,60 ^{ns}	-1,46 ^{ns}	-0,94 ^{ns}	0,52 ^{ns}
C ₁ x E	4	3	-2,56 ^{ns}	-6,20 ^{ns}	-4,75 ^{ns}	-0,55 ^{ns}	-2,89 ^{ns}	-2,57 ^{ns}	0,32 ^{ns}
C ₂ x E	4	3	0,15 ^{ns}	1,70 ^{ns}	4,93 ^{ns}	1,76 ^{ns}	-0,02 ^{ns}	0,70 ^{ns}	0,72 ^{ns}
TC x G _{RC}	198	198	-0,53 ^{ns}	-0,04 ^{ns}	1,07 ^{ns}	0,48 ^{ns}	-0,02 ^{ns}	0,04 ^{ns}	0,06 ^{ns}
TC x C ₁	99	99	0,21 ^{ns}	0,07 ^{ns}	0,17 ^{ns}	0,03 ^{ns}	-0,15 ^{ns}	-0,23 ^{ns}	-0,07 ^{ns}
TC x C ₂	99	99	-1,27 ^{ns}	-0,14 ^{ns}	1,96 ^{ns}	0,94 ^{**}	0,11 ^{ns}	0,31 ^{ns}	0,20 ^{ns}
TC x G _{RC} x E	792	594	-0,36 ^{ns}	0,45 ^{ns}	0,50 ^{ns}	0,11 ^{ns}	0,05 ^{ns}	0,04 ^{ns}	-0,01 ^{ns}
TC x C ₁ x E	396	297	-1,13 [*]	0,38 ^{ns}	0,44 ^{ns}	0,09 ^{ns}	0,07 ^{ns}	0,14 ^{ns}	0,07 ^{ns}
TC x C ₂ x E	396	297	0,42 ^{ns}	0,52 ^{ns}	0,56 ^{ns}	0,12 ^{ns}	0,02 ^{ns}	-0,06 ^{ns}	-0,08 ^{ns}
Epistasia total (Z)	100	100	-0,74 ^{ns}	-0,09 ^{ns}	2,06 ^{ns}	0,98 ^{**}	0,09 ^{ns}	0,29 ^{ns}	0,20 ^{ns}
Z x E	400	300	0,42 ^{ns}	0,53 ^{ns}	0,61 ^{ns}	0,14 ^{ns}	0,02 ^{ns}	-0,05 ^{ns}	-0,07 ^{ns}
Erro efetivo médio	1.305	1.044	-0,84 [*]	0,30 ^{ns}	0,31 ^{ns}	-0,14 [*]	-0,05 ^{ns}	-0,06 ^{ns}	0,01 ^{ns}

^{ns}, * e ** não significativo, significativo a 0,05 e 0,01 de probabilidade pelo teste de Pillai adaptado por Silva (2015), respectivamente.

^a GL para produtos médios envolvendo os caracteres de florescimento.

^b Produtos médios multiplicados por 10².

ANEXO GG.

Produtos médios e respectivas significâncias das análises de covariâncias conjuntas para as combinações do carácter prolificidade (PROL) com os caracteres altura da planta (AP), altura da espiga (AE), posição relativa da espiga (PRE), florescimento masculino (FM), florescimento feminino (FF) e intervalo entre florescimentos (IF) e para as combinações do carácter AP com os caracteres AE e PRE em testecrosses provenientes do testador L-04-05F (TC₂), para o grupo de ambientes sem estresse hídrico (SE)

FC	GL	GL ^a	Produtos médios							
			PROLAP	PROLAE	PROLPRE ^b	PROLFM ^c	PROLFF ^c	PROLIF ^c	APAE	APPRE
Ambientes (E)	4	3	63,19 ^{ns}	47,22 ^{ns}	37,02 ^{ns}	474,35 ^{ns}	386,07 ^{ns}	-88,29 ^{ns}	76.865,77 ^{ns}	161,80 ^{ns}
Testecrosses (TC)	99	99	1,25 ^{**}	1,33 ^{**}	2,64 ^{**}	-0,64 ^{ns}	-1,26 ^{**}	-0,62 [*]	523,09 ^{**}	0,52 ^{**}
TC x E	396	297	0,19 [*]	0,12 ^{ns}	0,04 ^{ns}	-0,52 ^{**}	-0,66 ^{**}	-0,14 ^{ns}	122,96 ^{**}	0,07 ^{**}
Gerações de RC (G _{RC})	2	2	4,56 ^{ns}	-15,26 ^{ns}	-77,09 ^{ns}	4,16 ^{ns}	-42,58 ^{ns}	-46,73 ^{ns}	-132,79 ^{ns}	-0,67 ^{ns}
G _{RC1} ^{vs} G _{RC2} (C ₁)	1	1	7,10 ^{ns}	-35,38 ^{ns}	-171,75 ^{ns}	19,71 ^{ns}	-78,18 ^{ns}	-97,89 ^{ns}	-313,82 ^{ns}	-1,52 ^{ns}
G _{RC1} +G _{RC2} ^{vs} 2G _{RC3} (C ₂)	1	1	2,02 ^{ns}	4,87 ^{ns}	17,56 ^{ns}	-11,40 ^{ns}	-6,97 ^{ns}	4,43 ^{ns}	48,23 ^{ns}	0,17 ^{ns}
G _{RC} x E	8	6	-0,11 ^{ns}	0,24 ^{ns}	1,57 ^{ns}	-0,45 ^{ns}	0,87 ^{ns}	1,32 ^{ns}	88,07 [*]	0,16 ^{ns}
C ₁ x E	4	3	0,06 ^{ns}	0,69 ^{ns}	3,28 ^{ns}	-1,51 ^{ns}	1,45 ^{ns}	2,95 ^{ns}	36,69 ^{ns}	0,09 ^{ns}
C ₂ x E	4	3	-0,27 ^{ns}	-0,22 ^{ns}	-0,14 ^{ns}	0,61 ^{ns}	0,29 ^{ns}	-0,32 ^{ns}	139,46 ^{ns}	0,24 ^{ns}
TC x G _{RC}	198	198	0,27 ^{**}	0,29 ^{**}	0,53 [*]	-0,08 ^{ns}	-0,27 [*]	-0,19 [*]	93,87 ^{**}	0,09 ^{**}
TC x C ₁	99	99	0,35 [*]	0,39 ^{**}	0,81 [*]	-0,12 ^{ns}	-0,21 ^{ns}	-0,08 ^{ns}	99,53 ^{**}	0,10 ^{**}
TC x C ₂	99	99	0,20 ^{ns}	0,18 ^{ns}	0,24 ^{ns}	-0,04 ^{ns}	-0,33 [*]	-0,29 [*]	88,21 ^{**}	0,09 ^{**}
TC x G _{RC} x E	792	594	0,02 ^{ns}	0,03 ^{ns}	0,06 ^{ns}	-0,31 ^{**}	-0,41 ^{**}	-0,09 [*]	42,55 ^{**}	0,02 ^{**}
TC x C ₁ x E	396	297	0,01 ^{ns}	0,02 ^{ns}	0,07 ^{ns}	-0,30 ^{**}	-0,34 ^{**}	-0,04 ^{ns}	47,29 ^{**}	0,02 ^{ns}
TC x C ₂ x E	396	297	0,04 ^{ns}	0,04 ^{ns}	0,05 ^{ns}	-0,33 ^{**}	-0,47 ^{**}	-0,14 [*]	37,82 ^{**}	0,02 [*]
Epistasia total (Z)	100	100	0,21 ^{ns}	0,23 ^{ns}	0,42 ^{ns}	-0,16 ^{ns}	-0,40 [*]	-0,25 ^{ns}	87,81 ^{**}	0,09 ^{**}
Z x E	400	300	0,04 ^{ns}	0,04 ^{ns}	0,05 ^{ns}	-0,32 ^{**}	-0,46 ^{**}	-0,14 [*]	38,83 ^{**}	0,02 [*]
Erro efetivo médio	1.305	1.044	0,11 ^{**}	0,08 ^{**}	0,11 ^{ns}	-0,23 ^{**}	-0,38 ^{**}	-0,14 ^{**}	52,36 ^{**}	0,03 ^{**}

^{ns}, * e ** não significativo, significativo a 0,05 e 0,01 de probabilidade pelo teste de Pillai adaptado por Silva (2015), respectivamente.

^a GL para produtos médios envolvendo os caracteres de florescimento.

^b Produtos médios multiplicados por 10³.

^c Produtos médios multiplicados por 10.

ANEXO HH. Produtos médios e respectivas significâncias das análises de covariâncias conjuntas para as combinações do caráter altura da planta (AP) com os caracteres florescimento masculino (FM), florescimento feminino (FF) e intervalo entre florescimentos (IF) e para as combinações do caráter altura da espiga (AE) com os caracteres posição relativa da espiga (PRE), FM, FF e IF em testecrosses provenientes do testador L-04-05F (TC₂), para o grupo de ambientes sem estresse hídrico (SE)

FC	GL	GL ^a	Produtos médios						
			APFM	APFF	APIF	AEPRE	AEFM	AEFF	AEIF
Ambientes (E)	4	3	12.695,38 ^{ns}	12.916,26 ^{ns}	220,88 ^{ns}	206,98 ^{ns}	14.979,62 ^{ns}	14.781,20 ^{ns}	-198,42 ^{ns}
Testecrosses (TC)	99	99	7,02 ^{ns}	0,16 ^{ns}	-6,86 ^{ns}	1,00 ^{**}	11,10 ^{ns}	2,63 ^{ns}	-8,47 [*]
TC x E	396	297	-11,05 ^{**}	-9,66 ^{**}	1,39 ^{ns}	0,26 ^{**}	-10,09 ^{**}	-9,61 ^{**}	0,47 ^{ns}
Gerações de RC (G _{RC})	2	2	10,40 ^{ns}	-31,09 ^{ns}	-41,50 ^{ns}	4,00 ^{ns}	-41,76 ^{ns}	144,57 ^{ns}	186,33 ^{ns}
G _{RC1} // G _{RC2} (C ₁)	1	1	16,37 ^{ns}	-64,90 ^{ns}	-81,27 ^{ns}	7,59 ^{ns}	-74,33 ^{ns}	294,76 ^{ns}	369,09 ^{ns}
G _{RC1} +G _{RC2} // 2G _{RC3} (C ₂)	1	1	4,44 ^{ns}	2,71 ^{ns}	-1,73 ^{ns}	0,42 ^{ns}	-9,19 ^{ns}	-5,62 ^{ns}	3,57 ^{ns}
G _{RC} x E	8	6	-5,79 ^{ns}	-0,02 ^{ns}	5,77 ^{ns}	0,30 [*]	-9,49 ^{ns}	5,66 ^{ns}	15,15 ^{ns}
C ₁ x E	4	3	1,74 ^{ns}	8,74 ^{ns}	7,00 ^{ns}	0,20 ^{ns}	-7,78 ^{ns}	11,25 ^{ns}	19,03 ^{ns}
C ₂ x E	4	3	-13,33 ^{ns}	-8,78 ^{ns}	4,55 ^{ns}	0,40 ^{ns}	-11,19 ^{ns}	0,08 ^{ns}	11,27 ^{ns}
TC x G _{RC}	198	198	3,51 ^{**}	4,19 ^{**}	0,68 ^{ns}	0,26 ^{**}	3,74 ^{**}	4,18 ^{**}	0,44 ^{ns}
TC x C ₁	99	99	4,77 ^{**}	5,76 ^{**}	0,99 ^{ns}	0,29 ^{**}	5,18 ^{**}	5,81 ^{**}	0,64 ^{ns}
TC x C ₂	99	99	2,26 ^{ns}	2,62 ^{ns}	0,36 ^{ns}	0,23 ^{**}	2,30 ^{ns}	2,54 ^{ns}	0,25 ^{ns}
TC x G _{RC} x E	792	594	-1,78 ^{**}	-1,33 ^{**}	0,46 ^{ns}	0,11 ^{**}	-1,46 ^{**}	-0,91 ^{**}	0,55 ^{ns}
TC x C ₁ x E	396	297	-2,39 ^{**}	-1,02 ^{ns}	1,37 [*]	0,12 ^{**}	-1,84 ^{**}	-0,48 ^{ns}	1,36 ^{**}
TC x C ₂ x E	396	297	-1,17 ^{**}	-1,63 ^{**}	-0,46 ^{ns}	0,11 ^{**}	-1,07 ^{**}	-1,34 ^{**}	-0,27 ^{ns}
Epistasia total (Z)	100	100	2,28 ^{ns}	2,62 ^{ns}	0,34 ^{ns}	0,23 ^{**}	2,18 ^{ns}	2,46 ^{ns}	0,28 ^{ns}
Z x E	400	300	-1,29 ^{**}	-1,70 ^{**}	-0,41 ^{ns}	0,11 ^{**}	-1,17 ^{**}	-1,33 ^{**}	-0,15 ^{ns}
Erro efetivo médio	1.305	1.044	-2,84 ^{**}	-3,05 ^{**}	-0,22 ^{ns}	0,13 ^{**}	-2,47 ^{**}	-2,54 ^{**}	-0,06 ^{ns}

^{ns}, * e ** não significativo, significativo a 0,05 e 0,01 de probabilidade pelo teste de Pillai adaptado por Silva (2015), respectivamente.

^a GL para produtos médios envolvendo os caracteres de florescimento.

ANEXO II. Produtos médios e respectivas significâncias das análises de covariâncias conjuntas para as combinações do caráter posição relativa da espiga (PRE) com os caracteres florescimento masculino (FM), florescimento feminino (FF) e intervalo entre florescimentos (IF), para as combinações do caráter FM com os caracteres FF e IF e para a combinação entre os caracteres FF e IF em testecrosses provenientes do testador L-04-05F (TC₂), para o grupo de ambientes sem estresse hídrico (SE)

FC	GL	GL ^a	Produtos médios					
			PREFM ^b	PREFF ^b	PREIF ^c	FMFF	FMIF	FFIF
Ambientes (E)	4	3	3.149,63 ^{ns}	3.011,78 ^{ns}	-1.378,45 ^{ns}	5.787,18 ^{ns}	-1.266,53 ^{ns}	-887,23 ^{ns}
Testecrosses (TC)	99	99	2,94 [*]	1,13 ^{ns}	-18,03 [*]	6,07 ^{**}	-1,35 ^{**}	1,36 ^{**}
TC x E	396	297	-1,58 ^{**}	-1,68 ^{**}	-0,98 ^{ns}	2,15 ^{**}	-1,30 ^{**}	0,92 ^{**}
Gerações de RC (G _{RC})	2	2	-20,95 ^{ns}	70,27 ^{ns}	912,20 ^{ns}	-6,54 ^{ns}	-13,55 ^{ns}	45,47 ^{ns}
G _{RC1} ^{vs} G _{RC2} (C ₁)	1	1	-36,30 ^{ns}	143,96 ^{ns}	1.802,63 ^{ns}	-18,76 ^{ns}	-23,49 ^{ns}	93,15 ^{ns}
G _{RC1} +G _{RC2} ^{vs} 2G _{RC3} (C ₂)	1	1	-5,60 ^{ns}	-3,42 ^{ns}	21,77 ^{ns}	5,67 ^{ns}	-3,60 ^{ns}	-2,20 ^{ns}
G _{RC} x E	8	6	-2,63 ^{ns}	2,84 ^{ns}	54,64 [*]	2,58 ^{ns}	-1,92 ^{ns}	1,68 ^{ns}
C ₁ x E	4	3	-3,87 ^{ns}	3,25 ^{ns}	71,18 ^{ns}	4,31 ^{ns}	-3,38 ^{ns}	2,16 ^{ns}
C ₂ x E	4	3	-1,38 ^{ns}	2,43 ^{ns}	38,10 ^{ns}	0,85 ^{ns}	-0,46 ^{ns}	1,21 ^{ns}
TC x G _{RC}	198	198	0,67 [*]	0,70 [*]	0,30 ^{ns}	1,49 ^{**}	-0,63 ^{**}	0,60 ^{**}
TC x C ₁	99	99	0,95 [*]	0,99 [*]	0,41 ^{ns}	1,44 ^{**}	-0,52 ^{**}	0,71 ^{**}
TC x C ₂	99	99	0,39 ^{ns}	0,41 ^{ns}	0,19 ^{ns}	1,55 ^{**}	-0,73 ^{**}	0,48 ^{**}
TC x G _{RC} x E	792	594	-0,17 ^{ns}	-0,07 ^{ns}	1,02 ^{ns}	0,67 ^{**}	-0,56 ^{**}	0,59 ^{**}
TC x C ₁ x E	396	297	-0,18 ^{ns}	0,04 ^{ns}	2,18 ^{ns}	0,70 ^{**}	-0,73 ^{**}	0,59 ^{**}
TC x C ₂ x E	396	297	-0,16 ^{ns}	-0,17 ^{ns}	-0,14 ^{ns}	0,65 ^{**}	-0,38 ^{**}	0,59 ^{**}
Epistasia total (Z)	100	100	0,33 ^{ns}	0,38 ^{ns}	0,41 ^{ns}	1,59 ^{**}	-0,76 ^{**}	0,45 ^{**}
Z x E	400	300	-0,17 ^{ns}	-0,15 ^{ns}	0,25 ^{ns}	0,65 ^{**}	-0,39 ^{**}	0,59 ^{**}
Erro efetivo médio	1.305	1.044	-0,35 ^{**}	-0,34 ^{**}	0,57 ^{ns}	0,91 ^{**}	-0,53 ^{**}	0,61 ^{**}

^{ns}, ^{*} e ^{**} não significativo, significativo a 0,05 e 0,01 de probabilidade pelo teste de Pillai adaptado por Silva (2015), respectivamente.

^a GL para produtos médios envolvendo os caracteres de florescimento.

^b Produtos médios multiplicados por 10².

^c Produtos médios multiplicados por 10³.

ANEXO JJ. Produtos médios e respectivas significâncias das análises de covariâncias conjuntas para as combinações do caráter produção de grãos (PG) com os caracteres acamamento e quebramento de plantas (ACQ), prolificidade (PROL), altura da planta (AP), altura da espiga (AE), posição relativa da espiga (PRE), florescimento masculino (FM), florescimento feminino (FF) e intervalo entre florescimentos (IF) em testecrosses provenientes do testador L-02-03D (TC₁), para o grupo de ambientes com estresse hídrico (CE)

FC	GL	GL ^a	Produtos médios							
			PGACQ	PGPROL ^b	PGAP	PGAE	PGPRE ^c	PGFM	PGFF	PGIF
Ambientes (E)	4	3	-147,32 ^{ns}	238,29 ^{ns}	8.858,03 ^{ns}	7.163,48 ^{ns}	1.572,07 ^{ns}	990,27 ^{ns}	511,90 ^{ns}	-478,36 ^{ns}
Testecrosses (TC)	99	99	-0,08 ^{ns}	3,87 ^{**}	38,54 ^{**}	22,97 ^{**}	2,79 [*]	-2,12 ^{**}	-2,61 ^{**}	-0,48 ^{ns}
TC x E	396	297	-0,16 ^{ns}	1,67 ^{**}	17,22 ^{**}	12,32 ^{**}	2,37 ^{**}	-1,39 ^{**}	-1,55 ^{**}	-0,16 ^{ns}
Gerações de RC (G _{RC})	2	2	-14,10 ^{ns}	4,33 ^{ns}	40,21 ^{ns}	31,15 ^{ns}	6,14 ^{ns}	13,08 ^{ns}	-1,31 ^{ns}	-14,40 ^{ns}
G _{RC1} // G _{RC2} (C ₁)	1	1	-28,49 ^{ns}	8,96 ^{ns}	112,89 ^{ns}	72,94 ^{ns}	9,52 ^{ns}	26,18 ^{ns}	-3,73 ^{ns}	-29,91 ^{ns}
G _{RC1} +G _{RC2} // 2G _{RC3} (C ₂)	1	1	0,29 ^{ns}	-0,30 ^{ns}	-32,47 ^{ns}	-10,63 ^{ns}	2,76 ^{ns}	-0,02 ^{ns}	1,10 ^{ns}	1,12 ^{ns}
G _{RC} x E	8	6	0,93 ^{ns}	1,05 [*]	14,29 ^{ns}	5,77 ^{ns}	-0,72 ^{ns}	-0,11 ^{ns}	-0,08 ^{ns}	0,03 ^{ns}
C ₁ x E	4	3	2,46 ^{ns}	0,88 ^{ns}	19,76 ^{ns}	6,46 ^{ns}	-1,77 ^{ns}	-0,17 ^{ns}	0,05 ^{ns}	0,22 ^{ns}
C ₂ x E	4	3	-0,60 ^{ns}	1,22 ^{ns}	8,82 ^{ns}	5,08 ^{ns}	0,33 ^{ns}	-0,04 ^{ns}	-0,20 ^{ns}	-0,16 ^{ns}
TC x G _{RC}	198	198	-0,29 ^{**}	0,96 ^{**}	5,71 ^{**}	3,40 ^{**}	0,43 [*]	-0,28 ^{**}	-0,49 ^{**}	-0,22 ^{**}
TC x C ₁	99	99	-0,29 [*]	0,95 ^{**}	5,20 ^{**}	3,57 ^{**}	0,68 [*]	-0,22 ^{ns}	-0,43 ^{**}	-0,21 [*]
TC x C ₂	99	99	-0,28 [*]	0,98 ^{**}	6,22 ^{**}	3,23 ^{**}	0,19 ^{ns}	-0,33 ^{**}	-0,55 ^{**}	-0,23 ^{**}
TC x G _{RC} x E	792	594	-0,09 ^{**}	0,59 ^{**}	3,01 ^{**}	2,17 ^{**}	0,44 ^{**}	-0,44 ^{**}	-0,56 ^{**}	-0,12 ^{**}
TC x C ₁ x E	396	297	-0,09 ^{ns}	0,63 ^{**}	3,20 ^{**}	2,45 ^{**}	0,54 ^{**}	-0,47 ^{**}	-0,56 ^{**}	-0,09 [*]
TC x C ₂ x E	396	297	-0,09 [*]	0,55 ^{**}	2,82 ^{**}	1,89 ^{**}	0,33 ^{**}	-0,41 ^{**}	-0,57 ^{**}	-0,16 ^{**}
Epistasia total (Z)	100	100	-0,27 [*]	0,96 ^{**}	5,83 ^{**}	3,09 ^{**}	0,22 ^{ns}	-0,32 ^{**}	-0,54 ^{**}	-0,21 ^{**}
Z x E	400	300	-0,09 [*]	0,56 ^{**}	2,88 ^{**}	1,92 ^{**}	0,33 ^{**}	-0,41 ^{**}	-0,57 ^{**}	-0,16 ^{**}
Erro efetivo médio	1.305	1.044	-0,12 ^{**}	0,77 ^{**}	5,17 ^{**}	3,65 ^{**}	0,90 ^{**}	-0,51 ^{**}	-0,65 ^{**}	-0,13 ^{**}

^{ns}, * e ** não significativo, significativo a 0,05 e 0,01 de probabilidade pelo teste de Pillai adaptado por Silva (2015), respectivamente.

^a GL para produtos médios envolvendo os caracteres de florescimento.

^b Produtos médios multiplicados por 10.

^c Produtos médios multiplicados por 10².

ANEXO KK.Produtos médios e respectivas significâncias das análises de covariâncias conjuntas para as combinações do carácter acamamento e quebramento de plantas (ACQ) com os caracteres prolificidade (PROL), altura da planta (AP), altura da espiga (AE), posição relativa da espiga (PRE), florescimento masculino (FM), florescimento feminino (FF) e intervalo entre florescimentos (IF) em testecrosses provenientes do testador L-02-03D (TC₁), para o grupo de ambientes com estresse hídrico (CE)

FC	GL	GL ^a	Produtos médios						
			ACQPROL ^b	ACQAP	ACQAE	ACQPRE ^b	ACQFM ^c	ACQFF	ACQIF ^c
Ambientes (E)	4	3	-3.184,32 ^{ns}	-1.300,72 ^{ns}	573,26 ^{ns}	691,18 ^{ns}	-13.108,16 ^{ns}	-1.756,68 ^{ns}	-4.458,64 ^{ns}
Testecrosses (TC)	99	99	-1,71 ^{ns}	2,31 ^{ns}	1,26 ^{ns}	0,21 ^{ns}	-2,61 ^{ns}	0,10 ^{ns}	3,62 ^{ns}
TC x E	396	297	-1,05 ^{ns}	-1,30 ^{ns}	-0,48 ^{ns}	0,06 ^{ns}	-1,33 ^{ns}	-0,13 ^{ns}	-0,01 ^{ns}
Gerações de RC (G _{RC})	2	2	-192,69 ^{ns}	-244,02 ^{ns}	-157,21 ^{ns}	-20,33 ^{ns}	-450,17 ^{ns}	6,28 ^{ns}	512,93 ^{ns}
G _{RC1} <i>vs</i> G _{RC2} (C ₁)	1	1	-385,12 ^{ns}	-485,23 ^{ns}	-313,51 ^{ns}	-40,91 ^{ns}	-900,39 ^{ns}	12,83 ^{ns}	1.028,71 ^{ns}
G _{RC1} +G _{RC2} <i>vs</i> 2G _{RC3} (C ₂)	1	1	-0,26 ^{ns}	-2,81 ^{ns}	-0,92 ^{ns}	0,24 ^{ns}	0,04 ^{ns}	-0,28 ^{ns}	-2,85 ^{ns}
G _{RC} x E	8	6	-11,36 ^{ns}	-21,34 ^{ns}	-13,07 ^{ns}	-0,91 ^{ns}	-1,53 ^{ns}	-1,37 ^{ns}	-12,12 ^{ns}
C ₁ x E	4	3	-11,94 ^{ns}	-24,96 ^{ns}	-15,63 ^{ns}	-1,08 ^{ns}	10,29 ^{ns}	-1,82 ^{ns}	-28,47 ^{ns}
C ₂ x E	4	3	-10,77 ^{ns}	-17,72 ^{ns}	-10,51 ^{ns}	-0,74 ^{ns}	-13,36 ^{ns}	-0,91 ^{ns}	4,22 ^{ns}
TC x G _{RC}	198	198	-1,91 [*]	-2,04 [*]	-0,63 ^{ns}	0,17 ^{ns}	0,74 ^{ns}	0,25 [*]	1,80 [*]
TC x C ₁	99	99	-2,01 ^{ns}	-2,91 [*]	-1,44 ^{ns}	-0,09 ^{ns}	0,46 ^{ns}	0,16 ^{ns}	1,17 ^{ns}
TC x C ₂	99	99	-1,81 ^{ns}	-1,16 ^{ns}	0,18 ^{ns}	0,44 ^{ns}	1,02 ^{ns}	0,34 [*]	2,42 ^{**}
TC x G _{RC} x E	792	594	-0,64 ^{ns}	-0,34 ^{ns}	-0,33 ^{ns}	-0,08 ^{ns}	0,16 ^{ns}	-0,03 ^{ns}	-0,42 ^{ns}
TC x C ₁ x E	396	297	-0,24 ^{ns}	-0,69 ^{ns}	-0,46 ^{ns}	-0,06 ^{ns}	0,30 ^{ns}	0,03 ^{ns}	-0,01 ^{ns}
TC x C ₂ x E	396	297	-1,04 [*]	0,00 ^{ns}	-0,19 ^{ns}	-0,10 ^{ns}	0,01 ^{ns}	-0,08 ^{ns}	-0,83 ^{ns}
Epistasia total (Z)	100	100	-1,79 ^{ns}	-1,18 ^{ns}	0,17 ^{ns}	0,44 ^{ns}	1,01 ^{ns}	0,34 [*]	2,37 ^{**}
Z x E	400	300	-1,14 [*]	-0,17 ^{ns}	-0,29 ^{ns}	-0,11 ^{ns}	-0,13 ^{ns}	-0,09 ^{ns}	-0,78 ^{ns}
Erro efetivo médio	1.305	1.044	-1,46 ^{**}	-0,72 [*]	-0,26 ^{ns}	-0,12 ^{ns}	0,28 ^{ns}	0,04 ^{ns}	0,18 ^{ns}

^{ns}, * e ** não significativo, significativo a 0,05 e 0,01 de probabilidade pelo teste de Pillai adaptado por Silva (2015), respectivamente.

^a GL para produtos médios envolvendo os caracteres de florescimento.

^b Produtos médios multiplicados por 10².

^c Produtos médios multiplicados por 10.

ANEXO LL. Produtos médios e respectivas significâncias das análises de covariâncias conjuntas para as combinações do caráter prolificidade (PROL) com os caracteres altura da planta (AP), altura da espiga (AE), posição relativa da espiga (PRE), florescimento masculino (FM), florescimento feminino (FF) e intervalo entre florescimentos (IF) e para as combinações do caráter AP com os caracteres AE e PRE em testecrosses provenientes do testador L-02-03D (TC₁), para o grupo de ambientes com estresse hídrico (CE)

FC	GL	GL ^a	Produtos médios							
			PROLAP	PROLAE	PROLPRE ^b	PROLFM ^c	PROLFF ^c	PROLIF ^c	APAE	APPRE ^c
Ambientes (E)	4	3	306,43 ^{ns}	244,13 ^{ns}	525,62 ^{ns}	233,97 ^{ns}	408,19 ^{ns}	174,22 ^{ns}	54.706,73 ^{ns}	1.190,34 ^{ns}
Testecrosses (TC)	99	99	2,65 ^{**}	1,58 ^{**}	2,01 ^{ns}	-2,24 ^{**}	-2,75 ^{**}	-0,51 ^{ns}	430,26 ^{**}	5,77 ^{**}
TC x E	396	297	1,28 ^{**}	0,93 ^{**}	1,92 ^{**}	-1,41 ^{**}	-1,56 ^{**}	-0,15 ^{ns}	212,83 ^{**}	3,74 ^{**}
Gerações de RC (G _{RC})	2	2	7,78 ^{ns}	4,98 ^{ns}	6,31 ^{ns}	14,25 ^{ns}	-2,17 ^{ns}	-16,42 ^{ns}	672,90 ^{ns}	6,76 ^{ns}
G _{RC1} vs G _{RC2} (C ₁)	1	1	15,26 ^{ns}	9,86 ^{ns}	12,87 ^{ns}	28,49 ^{ns}	-4,06 ^{ns}	-32,55 ^{ns}	1.242,29 ^{ns}	16,21 ^{ns}
G _{RC1} +G _{RC2} vs 2G _{RC3} (C ₂)	1	1	0,29 ^{ns}	0,10 ^{ns}	-0,25 ^{ns}	0,00 ^{ns}	-0,28 ^{ns}	-0,29 ^{ns}	103,50 ^{ns}	-2,69 ^{ns}
G _{RC} x E	8	6	1,79 [*]	0,86 ^{ns}	-0,35 ^{ns}	-0,29 ^{ns}	0,08 ^{ns}	0,37 ^{ns}	178,33 [*]	-0,48 ^{ns}
C ₁ x E	4	3	2,44 ^{ns}	1,16 ^{ns}	-0,41 ^{ns}	-0,31 ^{ns}	0,52 ^{ns}	0,83 ^{ns}	217,59 ^{ns}	-3,58 ^{ns}
C ₂ x E	4	3	1,14 ^{ns}	0,56 ^{ns}	-0,29 ^{ns}	-0,27 ^{ns}	-0,36 ^{ns}	-0,09 ^{ns}	139,07 ^{ns}	2,62 ^{ns}
TC x G _{RC}	198	198	0,29 ^{**}	0,21 ^{**}	0,45 [*]	-0,30 ^{**}	-0,49 ^{**}	-0,19 ^{**}	68,60 ^{**}	0,64 ^{**}
TC x C ₁	99	99	0,33 [*]	0,29 ^{**}	0,81 [*]	-0,31 [*]	-0,52 ^{**}	-0,21 ^{ns}	72,90 ^{**}	0,84 ^{**}
TC x C ₂	99	99	0,26 [*]	0,13 ^{ns}	0,10 ^{ns}	-0,29 [*]	-0,47 ^{**}	-0,17 [*]	64,30 ^{**}	0,44 ^{ns}
TC x G _{RC} x E	792	594	0,20 ^{**}	0,15 ^{**}	0,36 ^{**}	-0,34 ^{**}	-0,46 ^{**}	-0,12 ^{**}	36,47 ^{**}	0,35 ^{**}
TC x C ₁ x E	396	297	0,21 ^{**}	0,17 ^{**}	0,44 ^{**}	-0,32 ^{**}	-0,45 ^{**}	-0,13 ^{**}	42,26 ^{**}	0,55 ^{**}
TC x C ₂ x E	396	297	0,19 ^{**}	0,13 ^{**}	0,27 ^{**}	-0,36 ^{**}	-0,47 ^{**}	-0,12 ^{**}	30,68 ^{**}	0,16 ^{ns}
Epistasia total (Z)	100	100	0,26 [*]	0,13 ^{ns}	0,10 ^{ns}	-0,29 [*]	-0,46 ^{**}	-0,17 [*]	64,69 ^{**}	0,41 ^{ns}
Z x E	400	300	0,20 ^{**}	0,14 ^{**}	0,27 [*]	-0,36 ^{**}	-0,47 ^{**}	-0,12 ^{**}	31,77 ^{**}	0,18 [*]
Erro efetivo médio	1.305	1.044	0,38 ^{**}	0,25 ^{**}	0,46 ^{**}	-0,40 ^{**}	-0,53 ^{**}	-0,12 ^{**}	65,42 ^{**}	0,93 ^{**}

^{ns}, * e ** não significativo, significativo a 0,05 e 0,01 de probabilidade pelo teste de Pillai adaptado por Silva (2015), respectivamente.

^a GL para produtos médios envolvendo os caracteres de florescimento.

^b Produtos médios multiplicados por 10³.

^c Produtos médios multiplicados por 10.

ANEXO MM.

Produtos médios e respectivas significâncias das análises de covariâncias conjuntas para as combinações do caráter altura da planta (AP) com os caracteres florescimento masculino (FM), florescimento feminino (FF) e intervalo entre florescimentos (IF) e para as combinações do caráter altura da espiga (AE) com os caracteres posição relativa da espiga (PRE), FM, FF e IF em testecrosses provenientes do testador L-02-03D (TC₁), para o grupo de ambientes com estresse hídrico (CE)

FC	GL	GL ^a	Produtos médios						
			APFM	APFF	APIF	AEPRE	AEFM	AEFF	AEIF
Ambientes (E)	4	3	2.070,19 ^{ns}	1.044,75 ^{ns}	-1.025,44 ^{ns}	128,35 ^{ns}	126,07 ^{ns}	-1.888,26 ^{ns}	-2.014,34 ^{ns}
Testecrosses (TC)	99	99	-1,17 ^{ns}	0,38 ^{ns}	1,56 ^{ns}	0,81 ^{**}	0,52 ^{ns}	-0,23 ^{ns}	-0,75 ^{ns}
TC x E	396	297	-15,98 ^{**}	-16,57 ^{**}	-0,59 ^{ns}	0,43 ^{**}	-12,85 ^{**}	-13,75 ^{**}	-0,90 ^{ns}
Gerações de RC (G _{RC})	2	2	185,35 ^{ns}	-34,15 ^{ns}	-219,50 ^{ns}	0,48 ^{ns}	97,66 ^{ns}	-16,75 ^{ns}	-114,41 ^{ns}
G _{RC1} <i>vs</i> G _{RC2} (C ₁)	1	1	370,48 ^{ns}	-52,80 ^{ns}	-423,28 ^{ns}	1,05 ^{ns}	195,24 ^{ns}	-27,83 ^{ns}	-223,06 ^{ns}
G _{RC1} +G _{RC2} <i>vs</i> 2G _{RC3} (C ₂)	1	1	0,23 ^{ns}	-15,50 ^{ns}	-15,73 ^{ns}	-0,09 ^{ns}	0,08 ^{ns}	-5,67 ^{ns}	-5,75 ^{ns}
G _{RC} x E	8	6	2,11 ^{ns}	9,82 ^{ns}	7,71 ^{ns}	0,20 ^{ns}	7,55 ^{ns}	4,29 ^{ns}	-3,26 ^{ns}
C ₁ x E	4	3	-12,56 ^{ns}	14,22 ^{ns}	26,78 ^{ns}	0,09 ^{ns}	-2,27 ^{ns}	4,26 ^{ns}	6,53 ^{ns}
C ₂ x E	4	3	16,79 ^{ns}	5,43 ^{ns}	-11,36 ^{ns}	0,32 ^{ns}	17,38 ^{ns}	4,33 ^{ns}	-13,05 ^{ns}
TC x G _{RC}	198	198	2,04 [*]	0,16 ^{ns}	-1,87 ^{**}	0,17 ^{**}	0,92 ^{ns}	-0,22 ^{ns}	-1,14 [*]
TC x C ₁	99	99	3,11 [*]	0,70 ^{ns}	-2,41 [*]	0,17 ^{**}	1,09 ^{ns}	-0,69 ^{ns}	-1,78 [*]
TC x C ₂	99	99	0,96 ^{ns}	-0,37 ^{ns}	-1,33 ^{ns}	0,16 ^{**}	0,75 ^{ns}	0,26 ^{ns}	-0,49 ^{ns}
TC x G _{RC} x E	792	594	-1,91 ^{**}	-2,68 ^{**}	-0,77 ^{**}	0,11 ^{**}	-1,47 ^{**}	-2,18 ^{**}	-0,71 ^{**}
TC x C ₁ x E	396	297	-1,34 [*]	-1,86 ^{**}	-0,53 ^{ns}	0,12 ^{**}	-1,52 ^{**}	-2,31 ^{**}	-0,79 ^{**}
TC x C ₂ x E	396	297	-2,49 ^{**}	-3,50 ^{**}	-1,01 [*]	0,10 ^{**}	-1,42 ^{**}	-2,05 ^{**}	-0,63 [*]
Epistasia total (Z)	100	100	0,95 ^{ns}	-0,52 ^{ns}	-1,48 ^{ns}	0,16 ^{**}	0,75 ^{ns}	0,20 ^{ns}	-0,55 ^{ns}
Z x E	400	300	-2,30 ^{**}	-3,41 ^{**}	-1,11 ^{**}	0,10 ^{**}	-1,23 ^{**}	-1,99 ^{**}	-0,75 [*]
Erro efetivo médio	1.305	1.044	-3,31 ^{**}	-4,23 ^{**}	-0,90 ^{**}	0,17 ^{**}	-2,48 ^{**}	-3,53 ^{**}	-1,04 ^{**}

^{ns}, * e ** não significativo, significativo a 0,05 e 0,01 de probabilidade pelo teste de Pillai adaptado por Silva (2015), respectivamente.

^a GL para produtos médios envolvendo os caracteres de florescimento.

ANEXO NN. Produtos médios e respectivas significâncias das análises de covariâncias conjuntas para as combinações do caráter posição relativa da espiga (PRE) com os caracteres florescimento masculino (FM), florescimento feminino (FF) e intervalo entre florescimentos (IF), para as combinações do caráter FM com os caracteres FF e IF e para a combinação entre os caracteres FF e IF em testecrosses provenientes do testador L-02-03D (TC₁), para o grupo de ambientes com estresse hídrico (CE)

FC	GL	GL ^a	Produtos médios					
			PREFM ^b	PREFF ^b	PREIF ^b	FMFF	FMIF	FFIF
Ambientes (E)	4	3	-592,92 ^{ns}	-1.413,42 ^{ns}	-820,51 ^{ns}	2.470,71 ^{ns}	-74,40 ^{ns}	357,89 ^{ns}
Testecrosses (TC)	99	99	0,13 ^{ns}	-0,76 ^{ns}	-0,89 ^{ns}	8,16 ^{**}	-0,44 ^{ns}	1,71 ^{**}
TC x E	396	297	-3,06 ^{**}	-3,51 ^{**}	-0,45 ^{ns}	3,17 ^{**}	-0,34 [*]	1,25 ^{**}
Gerações de RC (G _{RC})	2	2	2,82 ^{ns}	0,00 ^{ns}	-2,83 ^{ns}	-7,90 ^{ns}	-63,29 ^{ns}	9,51 ^{ns}
G _{RC1} vs G _{RC2} (C ₁)	1	1	5,66 ^{ns}	-0,81 ^{ns}	-6,47 ^{ns}	-15,79 ^{ns}	-126,56 ^{ns}	18,04 ^{ns}
G _{RC1} +G _{RC2} vs 2G _{RC3} (C ₂)	1	1	-0,01 ^{ns}	0,80 ^{ns}	0,81 ^{ns}	-0,01 ^{ns}	-0,01 ^{ns}	0,98 ^{ns}
G _{RC} x E	8	6	3,84 [*]	-0,35 ^{ns}	-4,20 [*]	0,30 ^{ns}	-1,39 [*]	0,36 ^{ns}
C ₁ x E	4	3	2,09 ^{ns}	-1,75 ^{ns}	-3,84 ^{ns}	-0,41 ^{ns}	-1,24 ^{ns}	0,87 ^{ns}
C ₂ x E	4	3	5,59 ^{ns}	1,04 ^{ns}	-4,55 ^{ns}	1,01 ^{ns}	-1,55 ^{ns}	-0,16 ^{ns}
TC x G _{RC}	198	198	-0,10 ^{ns}	-0,25 ^{ns}	-0,15 ^{ns}	1,54 ^{**}	-0,29 ^{**}	0,66 ^{**}
TC x C ₁	99	99	-0,31 ^{ns}	-0,67 ^{ns}	-0,36 ^{ns}	1,53 ^{**}	-0,36 [*]	0,81 ^{**}
TC x C ₂	99	99	0,11 ^{ns}	0,18 ^{ns}	0,07 ^{ns}	1,55 ^{**}	-0,23 ^{ns}	0,52 ^{**}
TC x G _{RC} x E	792	594	-0,36 ^{**}	-0,59 ^{**}	-0,22 ^{**}	1,14 ^{**}	-0,21 ^{**}	0,54 ^{**}
TC x C ₁ x E	396	297	-0,56 ^{**}	-0,89 ^{**}	-0,32 ^{**}	1,08 ^{**}	-0,23 ^{**}	0,47 ^{**}
TC x C ₂ x E	396	297	-0,16 ^{ns}	-0,29 ^{ns}	-0,13 ^{ns}	1,21 ^{**}	-0,19 ^{**}	0,62 ^{**}
Epistasia total (Z)	100	100	0,11 ^{ns}	0,19 ^{ns}	0,07 ^{ns}	1,53 ^{**}	-0,22 ^{ns}	0,52 ^{**}
Z x E	400	300	-0,10 ^{ns}	-0,27 ^{ns}	-0,17 ^{ns}	1,21 ^{**}	-0,20 ^{**}	0,61 ^{**}
Erro efetivo médio	1.305	1.044	-0,60 ^{**}	-0,96 ^{**}	-0,34 ^{**}	1,31 ^{**}	-0,26 ^{**}	0,57 ^{**}

^{ns}, * e ** não significativo, significativo a 0,05 e 0,01 de probabilidade pelo teste de Pillai adaptado por Silva (2015), respectivamente.

^a GL para produtos médios envolvendo os caracteres de florescimento.

^b Produtos médios multiplicados por 10².

ANEXO OO. Produtos médios e respectivas significâncias das análises de covariâncias conjuntas para as combinações do carácter produção de grãos (PG) com os caracteres acamamento e quebramento de plantas (ACQ), prolificidade (PROL), altura da planta (AP), altura da espiga (AE), posição relativa da espiga (PRE), florescimento masculino (FM), florescimento feminino (FF) e intervalo entre florescimentos (IF) em testecrosses provenientes do testador L-04-05F (TC₂), para o grupo de ambientes com estresse hídrico (CE)

FC	GL	GL ^a	Produtos médios							
			PGACQ	PGPROL ^b	PGAP	PGAE	PGPRE ^c	PGFM	PGFF	PGIF
Ambientes (E)	4	3	339,98 ^{ns}	175,22 ^{ns}	7.663,05 ^{ns}	6.277,67 ^{ns}	1.319,47 ^{ns}	753,81 ^{ns}	338,28 ^{ns}	-415,53 ^{ns}
Testecrosses (TC)	99	99	-0,26 ^{ns}	2,40 ^{**}	22,32 ^{**}	14,90 ^{**}	2,17 [*]	-1,73 ^{**}	-2,60 ^{**}	-0,87 ^{**}
TC x E	396	297	-0,04 ^{ns}	1,52 ^{**}	15,39 ^{**}	11,23 ^{**}	1,95 ^{**}	-0,79 ^{**}	-0,94 ^{**}	-0,15 ^{ns}
Gerações de RC (G _{RC})	2	2	-25,64 ^{ns}	15,33 ^{ns}	41,60 ^{ns}	-62,31 ^{ns}	-47,82 ^{ns}	8,86 ^{ns}	-14,05 ^{ns}	-22,91 ^{ns}
G _{RC1} // G _{RC2} (C ₁)	1	1	-53,38 ^{ns}	26,04 ^{ns}	76,32 ^{ns}	-142,87 ^{ns}	-103,81 ^{ns}	21,33 ^{ns}	-25,55 ^{ns}	-46,87 ^{ns}
G _{RC1} +G _{RC2} // 2G _{RC3} (C ₂)	1	1	2,11 ^{ns}	4,62 ^{ns}	6,88 ^{ns}	18,25 ^{ns}	8,18 ^{ns}	-3,60 ^{ns}	-2,54 ^{ns}	1,05 ^{ns}
G _{RC} x E	8	6	-0,50 ^{ns}	1,23 [*]	4,54 ^{ns}	9,14 ^{ns}	3,59 [*]	-0,57 ^{ns}	-0,16 ^{ns}	0,42 ^{ns}
C ₁ x E	4	3	-1,26 ^{ns}	1,51 ^{ns}	0,34 ^{ns}	4,76 ^{ns}	2,32 ^{ns}	-1,33 ^{ns}	-1,28 ^{ns}	0,06 ^{ns}
C ₂ x E	4	3	0,26 ^{ns}	0,95 ^{ns}	8,74 ^{ns}	13,52 ^{ns}	4,86 ^{ns}	0,18 ^{ns}	0,96 ^{ns}	0,78 ^{ns}
TC x G _{RC}	198	198	-0,27 ^{**}	0,93 ^{**}	4,06 ^{**}	2,57 ^{**}	0,33 ^{ns}	-0,48 ^{**}	-0,59 ^{**}	-0,11 ^{ns}
TC x C ₁	99	99	-0,29 [*]	0,91 ^{**}	5,02 ^{**}	4,12 ^{**}	0,93 ^{**}	-0,30 [*]	-0,35 [*]	-0,05 ^{ns}
TC x C ₂	99	99	-0,25 [*]	0,95 ^{**}	3,09 ^{**}	1,01 ^{ns}	-0,26 ^{ns}	-0,65 ^{**}	-0,83 ^{**}	-0,17 ^{ns}
TC x G _{RC} x E	792	594	-0,08 ^{**}	0,54 ^{**}	2,24 ^{**}	1,87 ^{**}	0,43 ^{**}	-0,31 ^{**}	-0,40 ^{**}	-0,09 ^{**}
TC x C ₁ x E	396	297	-0,04 ^{ns}	0,57 ^{**}	2,40 ^{**}	1,97 ^{**}	0,45 ^{**}	-0,29 ^{**}	-0,41 ^{**}	-0,12 ^{**}
TC x C ₂ x E	396	297	-0,13 ^{**}	0,52 ^{**}	2,08 ^{**}	1,77 ^{**}	0,42 ^{**}	-0,33 ^{**}	-0,40 ^{**}	-0,07 ^{ns}
Epistasia total (Z)	100	100	-0,23 [*]	0,99 ^{**}	3,13 ^{**}	1,18 ^{ns}	-0,18 ^{ns}	-0,68 ^{**}	-0,84 ^{**}	-0,16 ^{ns}
Z x E	400	300	-0,12 ^{**}	0,53 ^{**}	2,14 ^{**}	1,89 ^{**}	0,46 ^{**}	-0,33 ^{**}	-0,39 ^{**}	-0,06 ^{ns}
Erro efetivo médio	1.305	1.044	-0,07 [*]	0,65 ^{**}	4,86 ^{**}	3,40 ^{**}	0,66 ^{**}	-0,39 ^{**}	-0,49 ^{**}	-0,10 ^{**}

^{ns}, * e ** não significativo, significativo a 0,05 e 0,01 de probabilidade pelo teste de Pillai adaptado por Silva (2015), respectivamente.

^a GL para produtos médios envolvendo os caracteres de florescimento.

^b Produtos médios multiplicados por 10.

^c Produtos médios multiplicados por 10².

ANEXO PP. Produtos médios e respectivas significâncias das análises de covariâncias conjuntas para as combinações do carácter acamamento e quebramento de plantas (ACQ) com os caracteres prolificidade (PROL), altura da planta (AP), altura da espiga (AE), posição relativa da espiga (PRE), florescimento masculino (FM), florescimento feminino (FF) e intervalo entre florescimentos (IF) em testecrosses provenientes do testador L-04-05F (TC₂), para o grupo de ambientes com estresse hídrico (CE)

FC	GL	GL ^a	Produtos médios						
			ACQPROL ^b	ACQAP	ACQAE	ACQPRE ^b	ACQFM	ACQFF	ACQIF ^c
Ambientes (E)	4	3	-39,94 ^{ns}	2.283,94 ^{ns}	3.151,57 ^{ns}	1.141,11 ^{ns}	-1.652,23 ^{ns}	-2.049,34 ^{ns}	-3.971,12 ^{ns}
Testecrosses (TC)	99	99	1,80 ^{ns}	2,01 ^{ns}	3,73 ^{ns}	1,55 ^{ns}	0,09 ^{ns}	-0,16 ^{ns}	-2,48 ^{ns}
TC x E	396	297	0,08 ^{ns}	0,08 ^{ns}	1,22 ^{ns}	0,67 [*]	-0,38 [*]	-0,22 ^{ns}	1,60 ^{ns}
Gerações de RC (G _{RC})	2	2	-301,31 ^{ns}	-92,24 ^{ns}	190,93 ^{ns}	135,76 ^{ns}	-23,23 ^{ns}	23,80 ^{ns}	470,30 ^{ns}
G _{RC1} vs G _{RC2} (C ₁)	1	1	-656,88 ^{ns}	-192,55 ^{ns}	360,45 ^{ns}	261,92 ^{ns}	-42,23 ^{ns}	50,59 ^{ns}	928,21 ^{ns}
G _{RC1} +G _{RC2} vs 2G _{RC3} (C ₂)	1	1	54,26 ^{ns}	8,08 ^{ns}	21,41 ^{ns}	9,59 ^{ns}	-4,23 ^{ns}	-2,99 ^{ns}	12,39 ^{ns}
G _{RC} x E	8	6	-5,32 ^{ns}	11,67 ^{ns}	5,89 ^{ns}	-0,03 ^{ns}	1,65 ^{ns}	1,12 ^{ns}	-5,31 ^{ns}
C ₁ x E	4	3	-10,94 ^{ns}	18,21 ^{ns}	9,01 ^{ns}	-0,30 ^{ns}	2,93 ^{ns}	2,32 ^{ns}	-6,06 ^{ns}
C ₂ x E	4	3	0,29 ^{ns}	5,13 ^{ns}	2,77 ^{ns}	0,25 ^{ns}	0,37 ^{ns}	-0,09 ^{ns}	-4,56 ^{ns}
TC x G _{RC}	198	198	-3,41 ^{**}	-2,20 [*]	-1,18 ^{ns}	0,00 ^{ns}	0,03 ^{ns}	0,07 ^{ns}	0,37 ^{ns}
TC x C ₁	99	99	-4,08 [*]	-2,94 [*]	-2,29 ^{ns}	-0,39 ^{ns}	-0,04 ^{ns}	0,05 ^{ns}	0,88 ^{ns}
TC x C ₂	99	99	-2,74 [*]	-1,45 ^{ns}	-0,07 ^{ns}	0,40 ^{ns}	0,11 ^{ns}	0,09 ^{ns}	-0,13 ^{ns}
TC x G _{RC} x E	792	594	-0,88 [*]	-0,21 ^{ns}	0,07 ^{ns}	0,10 ^{ns}	0,03 ^{ns}	0,09 ^{ns}	0,63 ^{ns}
TC x C ₁ x E	396	297	-0,90 ^{ns}	-0,31 ^{ns}	0,10 ^{ns}	0,14 ^{ns}	0,02 ^{ns}	0,02 ^{ns}	-0,02 ^{ns}
TC x C ₂ x E	396	297	-0,86 ^{ns}	-0,12 ^{ns}	0,04 ^{ns}	0,07 ^{ns}	0,04 ^{ns}	0,17 [*]	1,29 [*]
Epistasia total (Z)	100	100	-2,17 ^{ns}	-1,36 ^{ns}	0,14 ^{ns}	0,49 ^{ns}	0,06 ^{ns}	0,06 ^{ns}	-0,01 ^{ns}
Z x E	400	300	-0,85 ^{ns}	-0,06 ^{ns}	0,06 ^{ns}	0,07 ^{ns}	0,04 ^{ns}	0,16 [*]	1,23 [*]
Erro efetivo médio	1.305	1.044	-0,73 [*]	0,08 ^{ns}	0,12 ^{ns}	-0,15 ^{ns}	0,05 ^{ns}	0,10 [*]	0,47 ^{ns}

^{ns}, * e ** não significativo, significativo a 0,05 e 0,01 de probabilidade pelo teste de Pillai adaptado por Silva (2015), respectivamente.

^a GL para produtos médios envolvendo os caracteres de florescimento.

^b Produtos médios multiplicados por 10².

^c Produtos médios multiplicados por 10.

ANEXO QQ.

Produtos médios e respectivas significâncias das análises de covariâncias conjuntas para as combinações do carácter prolificidade (PROL) com os caracteres altura da planta (AP), altura da espiga (AE), posição relativa da espiga (PRE), florescimento masculino (FM), florescimento feminino (FF) e intervalo entre florescimentos (IF) e para as combinações do carácter AP com os caracteres AE e PRE em testecrosses provenientes do testador L-04-05F (TC₂), para o grupo de ambientes com estresse hídrico (CE)

FC	GL	GL ^a	Produtos médios							
			PROLAP	PROLAE	PROLPRE ^b	PROLFM ^c	PROLFF ^c	PROLIF ^c	APAE	APPRE ^c
Ambientes (E)	4	3	257,40 ^{ns}	221,41 ^{ns}	497,96 ^{ns}	-7,88 ^{ns}	102,89 ^{ns}	110,77 ^{ns}	51.903,36 ^{ns}	1.087,82 ^{ns}
Testecrosses (TC)	99	99	1,86 ^{**}	1,46 ^{**}	2,92 ^{**}	-1,82 ^{**}	-2,49 ^{**}	-0,67 ^{**}	394,94 ^{**}	6,57 ^{**}
TC x E	396	297	1,23 ^{**}	0,90 ^{**}	1,65 ^{**}	-0,81 ^{**}	-1,01 ^{**}	-0,20 [*]	223,43 ^{**}	3,46 ^{**}
Gerações de RC (G _{RC})	2	2	5,58 ^{ns}	-6,44 ^{ns}	-53,34 ^{ns}	10,21 ^{ns}	-18,56 ^{ns}	-28,76 ^{ns}	-222,67 ^{ns}	-17,16 ^{ns}
G _{RC1} // G _{RC2} (C ₁)	1	1	9,39 ^{ns}	-17,58 ^{ns}	-127,74 ^{ns}	27,06 ^{ns}	-32,41 ^{ns}	-59,47 ^{ns}	-515,32 ^{ns}	-37,45 ^{ns}
G _{RC1} +G _{RC2} // 2G _{RC3} (C ₂)	1	1	1,77 ^{ns}	4,70 ^{ns}	21,06 ^{ns}	-6,64 ^{ns}	-4,70 ^{ns}	1,94 ^{ns}	69,98 ^{ns}	3,14 ^{ns}
G _{RC} x E	8	6	0,33 ^{ns}	0,82 ^{ns}	3,35 [*]	-0,52 ^{ns}	-0,54 ^{ns}	-0,01 ^{ns}	114,65 [*]	2,35 ^{ns}
C ₁ x E	4	3	0,49 ^{ns}	1,03 ^{ns}	4,20 ^{ns}	-1,35 ^{ns}	-1,61 ^{ns}	-0,26 ^{ns}	102,73 ^{ns}	2,58 ^{ns}
C ₂ x E	4	3	0,16 ^{ns}	0,60 ^{ns}	2,50 ^{ns}	0,31 ^{ns}	0,53 ^{ns}	0,23 ^{ns}	126,57 ^{ns}	2,12 ^{ns}
TC x G _{RC}	198	198	0,45 ^{**}	0,34 ^{**}	0,66 [*]	-0,56 ^{**}	-0,63 ^{**}	-0,07 ^{ns}	73,07 ^{**}	0,74 ^{**}
TC x C ₁	99	99	0,50 ^{**}	0,50 ^{**}	1,42 ^{**}	-0,39 [*]	-0,37 ^{ns}	0,03 ^{ns}	80,10 ^{**}	0,96 ^{**}
TC x C ₂	99	99	0,41 ^{**}	0,18 ^{ns}	-0,11 ^{ns}	-0,73 ^{**}	-0,89 ^{**}	-0,16 ^{ns}	66,04 ^{**}	0,52 ^{ns}
TC x G _{RC} x E	792	594	0,20 ^{**}	0,16 ^{**}	0,37 ^{**}	-0,38 ^{**}	-0,49 ^{**}	-0,11 ^{**}	48,38 ^{**}	0,56 ^{**}
TC x C ₁ x E	396	297	0,24 ^{**}	0,19 ^{**}	0,40 ^{**}	-0,29 ^{**}	-0,42 ^{**}	-0,13 [*]	48,90 ^{**}	0,60 ^{**}
TC x C ₂ x E	396	297	0,16 ^{**}	0,14 ^{**}	0,33 ^{**}	-0,46 ^{**}	-0,56 ^{**}	-0,10 ^{ns}	47,86 ^{**}	0,52 ^{**}
Epistasia total (Z)	100	100	0,42 ^{**}	0,22 [*]	0,11 ^{ns}	-0,79 ^{**}	-0,93 ^{**}	-0,14 ^{ns}	66,08 ^{**}	0,55 ^{ns}
Z x E	400	300	0,16 ^{**}	0,14 ^{**}	0,35 ^{**}	-0,45 ^{**}	-0,55 ^{**}	-0,10 ^{ns}	48,64 ^{**}	0,53 ^{**}
Erro efetivo médio	1.305	1.044	0,39 ^{**}	0,28 ^{**}	0,48 ^{**}	-0,40 ^{**}	-0,47 ^{**}	-0,08 ^{**}	77,12 ^{**}	1,04 ^{**}

^{ns}, * e ** não significativo, significativo a 0,05 e 0,01 de probabilidade pelo teste de Pillai adaptado por Silva (2015), respectivamente.

^a GL para produtos médios envolvendo os caracteres de florescimento.

^b Produtos médios multiplicados por 10³.

^c Produtos médios multiplicados por 10.

ANEXO RR. Produtos médios e respectivas significâncias das análises de covariâncias conjuntas para as combinações do caráter altura da planta (AP) com os caracteres florescimento masculino (FM), florescimento feminino (FF) e intervalo entre florescimentos (IF) e para as combinações do caráter altura da espiga (AE) com os caracteres posição relativa da espiga (PRE), FM, FF e IF em testecrosses provenientes do testador L-04-05F (TC₂), para o grupo de ambientes com estresse hídrico (CE)

FC	GL	GL ^a	Produtos médios						
			APFM	APFF	APIF	AEPRE	AEFM	AEFF	AEIF
Ambientes (E)	4	3	2.898,36 ^{ns}	1.516,17 ^{ns}	-1.382,20 ^{ns}	109,93 ^{ns}	1.697,88 ^{ns}	-189,15 ^{ns}	-1.887,04 ^{ns}
Testecrosses (TC)	99	99	-0,69 ^{ns}	-2,83 ^{ns}	-2,14 ^{ns}	0,99 ^{**}	3,55 ^{ns}	0,40 ^{ns}	-3,14 ^{ns}
TC x E	396	297	-12,21 ^{**}	-15,36 ^{**}	-3,16 ^{**}	0,45 ^{**}	-10,61 ^{**}	-12,33 ^{**}	-1,72 ^{ns}
Gerações de RC (G _{RC})	2	2	37,04 ^{ns}	-71,19 ^{ns}	-108,24 ^{ns}	3,92 ^{ns}	-68,80 ^{ns}	45,76 ^{ns}	114,56 ^{ns}
G _{RC1} // G _{RC2} (C ₁)	1	1	102,24 ^{ns}	-122,48 ^{ns}	-224,72 ^{ns}	7,01 ^{ns}	-99,12 ^{ns}	118,74 ^{ns}	217,86 ^{ns}
G _{RC1} +G _{RC2} // 2G _{RC3} (C ₂)	1	1	-28,15 ^{ns}	-19,91 ^{ns}	8,24 ^{ns}	0,83 ^{ns}	-38,47 ^{ns}	-27,21 ^{ns}	11,26 ^{ns}
G _{RC} x E	8	6	12,08 [*]	4,44 ^{ns}	-7,64 ^{ns}	0,37 [*]	5,56 ^{ns}	4,95 ^{ns}	-0,61 ^{ns}
C ₁ x E	4	3	10,63 ^{ns}	9,20 ^{ns}	-1,43 ^{ns}	0,36 ^{ns}	4,42 ^{ns}	4,27 ^{ns}	-0,15 ^{ns}
C ₂ x E	4	3	13,52 ^{ns}	-0,33 ^{ns}	-13,85 ^{ns}	0,38 ^{ns}	6,71 ^{ns}	5,64 ^{ns}	-1,07 ^{ns}
TC x G _{RC}	198	198	0,29 ^{ns}	-0,54 ^{ns}	-0,83 ^{ns}	0,19 ^{**}	1,16 ^{ns}	0,21 ^{ns}	-0,95 ^{ns}
TC x C ₁	99	99	0,56 ^{ns}	0,98 ^{ns}	0,43 ^{ns}	0,22 ^{**}	1,03 ^{ns}	1,27 ^{ns}	0,24 ^{ns}
TC x C ₂	99	99	0,03 ^{ns}	-2,06 ^{ns}	-2,08 [*]	0,15 ^{**}	1,30 ^{ns}	-0,84 ^{ns}	-2,15 ^{**}
TC x G _{RC} x E	792	594	-1,23 ^{**}	-1,55 ^{**}	-0,32 ^{ns}	0,13 ^{**}	-1,14 ^{**}	-1,40 ^{**}	-0,26 ^{ns}
TC x C ₁ x E	396	297	-0,54 ^{ns}	-0,94 ^{ns}	-0,41 ^{ns}	0,13 ^{**}	-0,88 ^{ns}	-1,27 ^{**}	-0,39 ^{ns}
TC x C ₂ x E	396	297	-1,92 ^{**}	-2,15 ^{**}	-0,23 ^{ns}	0,13 ^{**}	-1,40 ^{**}	-1,53 ^{**}	-0,14 ^{ns}
Epistasia total (Z)	100	100	-0,25 ^{ns}	-2,23 ^{ns}	-1,98 [*]	0,16 ^{**}	0,90 ^{ns}	-1,11 ^{ns}	-2,01 [*]
Z x E	400	300	-1,77 ^{**}	-2,13 ^{**}	-0,36 ^{ns}	0,13 ^{**}	-1,32 ^{**}	-1,46 ^{**}	-0,15 ^{ns}
Erro efetivo médio	1.305	1.044	-2,76 ^{**}	-4,00 ^{**}	-1,23 ^{**}	0,19 ^{**}	-2,19 ^{**}	-2,93 ^{**}	-0,72 ^{**}

^{ns}, * e ** não significativo, significativo a 0,05 e 0,01 de probabilidade pelo teste de Pillai adaptado por Silva (2015), respectivamente.

^a GL para produtos médios envolvendo os caracteres de florescimento.

ANEXO SS. Produtos médios e respectivas significâncias das análises de covariâncias conjuntas para as combinações do caráter posição relativa da espiga (PRE) com os caracteres florescimento masculino (FM), florescimento feminino (FF) e intervalo entre florescimentos (IF), para as combinações do caráter FM com os caracteres FF e IF e para a combinação entre os caracteres FF e IF em testecrosses provenientes do testador L-04-05F (TC₂), para o grupo de ambientes com estresse hídrico (CE)

FC	GL	GL ^a	Produtos médios					
			PREFM ^b	PREFF ^b	PREIF ^c	FMFF	FMIF	FFIF
Ambientes (E)	4	3	26,09 ^{ns}	-626,59 ^{ns}	-6.526,84 ^{ns}	3.416,73 ^{ns}	-350,34 ^{ns}	39,47 ^{ns}
Testecrosses (TC)	99	99	2,32 ^{ns}	1,08 ^{ns}	-12,46 ^{ns}	7,38 ^{**}	-0,05 ^{ns}	2,05 ^{**}
TC x E	396	297	-2,63 ^{**}	-2,69 ^{**}	-0,61 ^{ns}	3,00 ^{**}	-0,48 ^{**}	1,00 ^{**}
Gerações de RC (G _{RC})	2	2	-51,28 ^{ns}	47,69 ^{ns}	989,65 ^{ns}	-11,82 ^{ns}	-26,14 ^{ns}	29,75 ^{ns}
G _{RC1} ^{vs} G _{RC2} (C ₁)	1	1	-88,13 ^{ns}	105,58 ^{ns}	1.937,09 ^{ns}	-27,60 ^{ns}	-50,64 ^{ns}	60,66 ^{ns}
G _{RC1} +G _{RC2} ^{vs} 2G _{RC3} (C ₂)	1	1	-14,42 ^{ns}	-10,20 ^{ns}	42,21 ^{ns}	3,96 ^{ns}	-1,64 ^{ns}	-1,16 ^{ns}
G _{RC} x E	8	6	-0,15 ^{ns}	1,50 ^{ns}	16,53 ^{ns}	0,82 ^{ns}	-1,07 ^{ns}	0,51 ^{ns}
C ₁ x E	4	3	-0,17 ^{ns}	-0,02 ^{ns}	1,42 ^{ns}	2,04 ^{ns}	-0,21 ^{ns}	0,02 ^{ns}
C ₂ x E	4	3	-0,14 ^{ns}	3,02 ^{ns}	31,63 ^{ns}	-0,41 ^{ns}	-1,92 ^{ns}	1,01 ^{ns}
TC x G _{RC}	198	198	0,52 ^{ns}	0,20 ^{ns}	-3,22 ^{ns}	2,43 ^{**}	-0,34 ^{**}	0,73 ^{**}
TC x C ₁	99	99	0,35 ^{ns}	0,33 ^{ns}	-0,14 ^{ns}	2,55 ^{**}	-0,47 ^{**}	0,59 ^{**}
TC x C ₂	99	99	0,70 ^{ns}	0,07 ^{ns}	-6,30 [*]	2,31 ^{**}	-0,20 ^{ns}	0,87 ^{**}
TC x G _{RC} x E	792	594	-0,33 ^{**}	-0,39 ^{**}	-0,58 ^{ns}	1,13 ^{**}	-0,39 ^{**}	0,54 ^{**}
TC x C ₁ x E	396	297	-0,40 [*]	-0,51 ^{**}	-1,14 ^{ns}	0,97 ^{**}	-0,41 ^{**}	0,47 ^{**}
TC x C ₂ x E	396	297	-0,27 ^{ns}	-0,27 ^{ns}	-0,01 ^{ns}	1,28 ^{**}	-0,37 ^{**}	0,62 ^{**}
Epistasia total (Z)	100	100	0,55 ^{ns}	-0,03 ^{ns}	-5,82 [*]	2,33 ^{**}	-0,22 ^{ns}	0,85 ^{**}
Z x E	400	300	-0,27 ^{ns}	-0,24 ^{ns}	0,30 ^{ns}	1,26 ^{**}	-0,38 ^{**}	0,63 ^{**}
Erro efetivo médio	1.305	1.044	-0,49 ^{**}	-0,55 ^{**}	-0,29 ^{ns}	1,34 ^{**}	-0,28 ^{**}	0,64 ^{**}

^{ns}, * e ** não significativo, significativo a 0,05 e 0,01 de probabilidade pelo teste de Pillai adaptado por Silva (2015), respectivamente.

^a GL para produtos médios envolvendo os caracteres de florescimento.

^b Produtos médios multiplicados por 10².

^c Produtos médios multiplicados por 10³.

ANEXO TT. Produtos médios e respectivas significâncias das análises de covariâncias conjuntas para as combinações do caráter produção de grãos (PG) com os caracteres acamamento e quebramento de plantas (ACQ), prolificidade (PROL), altura da planta (AP), altura da espiga (AE), posição relativa da espiga (PRE), florescimento masculino (FM), florescimento feminino (FF) e intervalo entre florescimentos (IF) em testecrosses provenientes do testador L-02-03D (TC_i), entre os grupos de ambientes (EG)

FC	GL	GL ^a	Produtos médios							
			PGACQ	PGPROL	PGAP	PGAE	PGPRE ^b	PGFM	PGFF	PGIF
Grupos (S)	1	1	2.292,47 ^{ns}	651,78 ^{ns}	372.760,74 ^{ns}	283.664,18 ^{ns}	45.464,20 ^{ns}	-10.886,90 ^{ns}	-10.582,91 ^{ns}	303,99 ^{ns}
Ambientes/S (E/S)	8	6	-328,48 ^{ns}	13,73 ^{ns}	5.740,95 [*]	4.813,63 ^{ns}	998,99 ^{ns}	667,63 ^{ns}	457,82 ^{ns}	-209,82 ^{ns}
Testecrosses (TC)	99	99	-1,06 ^{ns}	0,70 ^{**}	71,83 ^{**}	48,22 ^{**}	5,83 [*]	-3,08 ^{**}	-4,39 ^{**}	-1,31 [*]
TC x S	99	99	-0,57 ^{ns}	0,15 ^{**}	17,70 ^{**}	14,52 ^{**}	2,23 ^{**}	-1,69 ^{**}	-1,61 ^{**}	0,08 ^{ns}
TC x E/S	792	594	-0,10 ^{ns}	0,17 ^{**}	13,76 ^{**}	9,84 ^{**}	1,56 ^{**}	-1,61 ^{**}	-1,63 ^{**}	-0,02 ^{ns}
Gerações de RC (G _{RC})	2	2	-37,39 ^{ns}	1,31 ^{ns}	145,84 ^{ns}	144,66 ^{ns}	30,35 ^{ns}	53,65 ^{ns}	2,65 ^{ns}	-51,01 ^{ns}
G _{RC1} <i>vs</i> G _{RC2} (C ₁)	1	1	-77,11 ^{ns}	2,91 ^{ns}	354,21 ^{ns}	293,88 ^{ns}	47,94 ^{ns}	101,57 ^{ns}	-0,57 ^{ns}	-102,15 ^{ns}
G _{RC1} +G _{RC2} <i>vs</i> 2G _{RC3} (C ₂)	1	1	2,34 ^{ns}	-0,28 ^{ns}	-62,53 ^{ns}	-4,56 ^{ns}	12,76 ^{ns}	5,73 ^{ns}	5,87 ^{ns}	0,13 ^{ns}
G _{RC} x S	2	2	1,70 ^{ns}	0,01 ^{ns}	6,42 ^{ns}	16,08 ^{ns}	3,96 ^{ns}	2,22 ^{ns}	3,47 ^{ns}	1,25 ^{ns}
C ₁ x S	1	1	2,96 ^{ns}	0,07 ^{ns}	4,65 ^{ns}	24,90 ^{ns}	6,48 ^{ns}	2,21 ^{ns}	6,06 ^{ns}	3,85 ^{ns}
C ₂ x S	1	1	0,44 ^{ns}	-0,06 ^{ns}	8,19 ^{ns}	7,25 ^{ns}	1,44 ^{ns}	2,22 ^{ns}	0,88 ^{ns}	-1,34 ^{ns}
G _{RC} x E/S	16	12	-0,44 ^{ns}	0,12 ^{**}	12,12 ^{ns}	5,73 ^{ns}	-0,57 ^{ns}	-0,70 ^{ns}	-1,38 [*]	-0,68 ^{ns}
C ₁ x E/S	8	6	-0,84 ^{ns}	0,16 ^{ns}	17,38 ^{ns}	7,55 ^{ns}	-1,30 ^{ns}	-1,61 ^{ns}	-2,49 ^{ns}	-0,88 ^{ns}
C ₂ x E/S	8	6	-0,04 ^{ns}	0,09 [*]	6,86 ^{ns}	3,91 ^{ns}	0,17 ^{ns}	0,21 ^{ns}	-0,27 ^{ns}	-0,48 ^{ns}
TC x G _{RC}	198	198	-0,33 ^{**}	0,13 ^{**}	6,57 ^{**}	4,36 ^{**}	0,57 [*]	0,02 ^{ns}	-0,39 ^{**}	-0,41 ^{**}
TC x C ₁	99	99	-0,29 ^{ns}	0,14 ^{**}	7,49 ^{**}	5,17 ^{**}	0,79 [*]	0,21 ^{ns}	-0,33 ^{ns}	-0,55 ^{**}
TC x C ₂	99	99	-0,36 [*]	0,13 ^{**}	5,66 ^{**}	3,56 ^{**}	0,36 ^{ns}	-0,18 ^{ns}	-0,44 [*]	-0,26 [*]
TC x G _{RC} x S	198	198	-0,07 ^{ns}	0,08 ^{**}	3,06 ^{**}	2,06 ^{**}	0,21 ^{ns}	-0,50 ^{**}	-0,64 ^{**}	-0,14 ^{ns}
TC x C ₁ x S	99	99	-0,07 ^{ns}	0,07 ^{**}	2,45 ^{**}	1,17 ^{ns}	-0,08 ^{ns}	-0,52 ^{**}	-0,62 ^{**}	-0,10 ^{ns}
TC x C ₂ x S	99	99	-0,08 ^{ns}	0,09 ^{**}	3,67 ^{**}	2,94 ^{**}	0,50 ^{ns}	-0,47 ^{**}	-0,65 ^{**}	-0,18 ^{ns}
TC x G _{RC} x E/S	1.584	1.188	-0,12 ^{**}	0,06 ^{**}	2,26 ^{**}	1,57 ^{**}	0,25 ^{**}	-0,44 ^{**}	-0,55 ^{**}	-0,11 ^{**}
TC x C ₁ x E/S	792	594	-0,15 ^{**}	0,07 ^{**}	2,47 ^{**}	1,71 ^{**}	0,28 ^{**}	-0,46 ^{**}	-0,57 ^{**}	-0,11 ^{**}
TC x C ₂ x E/S	792	594	-0,08 [*]	0,06 ^{**}	2,05 ^{**}	1,42 ^{**}	0,22 ^{**}	-0,41 ^{**}	-0,53 ^{**}	-0,12 ^{**}
Epistasia total (Z)	100	100	-0,33 [*]	0,13 ^{**}	4,98 ^{**}	3,48 ^{**}	0,48 ^{ns}	-0,12 ^{ns}	-0,38 [*]	-0,26 [*]
Z x S	100	100	-0,08 ^{ns}	0,09 ^{**}	3,71 ^{**}	2,99 ^{**}	0,51 ^{ns}	-0,44 ^{**}	-0,63 ^{**}	-0,19 ^{ns}
Z x E/S	800	600	-0,08 [*]	0,06 ^{**}	2,10 ^{**}	1,45 ^{**}	0,22 ^{**}	-0,41 ^{**}	-0,53 ^{**}	-0,12 ^{**}
Erro efetivo médio	2.610	2.088	-0,10 ^{**}	0,08 ^{**}	4,35 ^{**}	3,12 ^{**}	0,50 ^{**}	-0,59 ^{**}	-0,70 ^{**}	-0,11 ^{**}

^{ns}, * e ** não significativo, significativo a 0,05 e 0,01 de probabilidade pelo teste de Pillai adaptado por Silva (2015), respectivamente.

^a GL para produtos médios envolvendo os caracteres de florescimento.

^b Produtos médios multiplicados por 10².

ANEXO UU. Produtos médios e respectivas significâncias das análises de covariâncias conjuntas para as combinações do caráter acamamento e quebramento de plantas (ACQ) com os caracteres prolificidade (PROL), altura da planta (AP), altura da espiga (AE), posição relativa da espiga (PRE), florescimento masculino (FM), florescimento feminino (FF) e intervalo entre florescimentos (IF) em testecrosses provenientes do testador L-02-03D (TC₁), entre os grupos de ambientes (EG)

FC	GL	GL ^a	Produtos médios						
			ACQPROL ^b	ACQAP	ACQAE	ACQPRE ^c	ACQFM ^d	ACQFF ^d	ACQIF ^d
Grupos (S)	1	1	5.902,70 ^{ns}	33.758,25 ^{ns}	25.689,41 ^{ns}	41.173,64 ^{ns}	-16.888,84 ^{ns}	-16.417,25 ^{ns}	471,58 ^{ns}
Ambientes/S (E/S)	8	6	-2.125,89 ^{ns}	-4.741,74 ^{ns}	-3.044,85 ^{ns}	-1.029,15 ^{ns}	-9.354,26 ^{ns}	-13.832,36 ^{ns}	-4.478,09 ^{ns}
Testecrosses (TC)	99	99	-7,27 ^{ns}	-1,00 ^{ns}	1,50 ^{ns}	12,33 ^{ns}	-9,97 ^{ns}	-7,55 ^{ns}	2,42 ^{ns}
TC x S	99	99	-2,33 ^{ns}	0,92 ^{ns}	-1,31 ^{ns}	-10,29 ^{ns}	-4,97 ^{ns}	-1,09 ^{ns}	3,88 ^{ns}
TC x E/S	792	594	-1,44 ^{ns}	1,96 ^{ns}	2,16 ^{**}	3,92 ^{ns}	-0,59 ^{ns}	-1,56 ^{ns}	-0,97 ^{ns}
Gerações de RC (G _{RC})	2	2	-374,96 ^{ns}	-458,79 ^{ns}	-376,45 ^{ns}	-602,03 ^{ns}	-1.008,75 ^{ns}	7,47 ^{ns}	1.016,22 ^{ns}
G _{RC1} <i>vs</i> G _{RC2} (C ₁)	1	1	-744,88 ^{ns}	-906,46 ^{ns}	-752,09 ^{ns}	-1.226,76 ^{ns}	-2.020,92 ^{ns}	11,43 ^{ns}	2.032,35 ^{ns}
G _{RC1} +G _{RC2} <i>vs</i> 2G _{RC3} (C ₂)	1	1	-5,04 ^{ns}	-11,13 ^{ns}	-0,81 ^{ns}	22,70 ^{ns}	3,42 ^{ns}	3,50 ^{ns}	0,08 ^{ns}
G _{RC} x S	2	2	1,89 ^{ns}	3,67 ^{ns}	12,26 ^{ns}	30,98 ^{ns}	3,18 ^{ns}	-6,00 ^{ns}	-9,17 ^{ns}
C ₁ x S	1	1	6,10 ^{ns}	4,03 ^{ns}	21,58 ^{ns}	56,13 ^{ns}	-6,19 ^{ns}	-16,95 ^{ns}	-10,76 ^{ns}
C ₂ x S	1	1	-2,31 ^{ns}	3,32 ^{ns}	2,94 ^{ns}	5,83 ^{ns}	12,55 ^{ns}	4,96 ^{ns}	-7,58 ^{ns}
G _{RC} x E/S	16	12	-8,61 ^{ns}	-6,58 ^{ns}	-4,26 ^{ns}	-3,78 ^{ns}	-0,08 ^{ns}	-5,56 ^{ns}	-5,48 ^{ns}
C ₁ x E/S	8	6	-14,06 ^{ns}	-5,77 ^{ns}	-4,63 ^{ns}	-6,29 ^{ns}	4,60 ^{ns}	-4,73 ^{ns}	-9,33 ^{ns}
C ₂ x E/S	8	6	-3,17 ^{ns}	-7,40 ^{ns}	-3,89 ^{ns}	-1,27 ^{ns}	-4,76 ^{ns}	-6,39 ^{ns}	-1,63 ^{ns}
TC x G _{RC}	198	198	-2,45 [*]	-2,32 [*]	-0,36 ^{ns}	3,41 ^{ns}	-0,78 ^{ns}	0,86 ^{ns}	1,64 ^{ns}
TC x C ₁	99	99	-1,73 ^{ns}	-2,56 ^{ns}	-0,99 ^{ns}	0,16 ^{ns}	-1,26 ^{ns}	0,09 ^{ns}	1,36 ^{ns}
TC x C ₂	99	99	-3,18 [*]	-2,08 ^{ns}	0,27 ^{ns}	6,66 ^{ns}	-0,29 ^{ns}	1,63 ^{ns}	1,92 ^{ns}
TC x G _{RC} x S	198	198	-0,60 ^{ns}	0,11 ^{ns}	-0,07 ^{ns}	-0,28 ^{ns}	0,34 ^{ns}	0,99 ^{ns}	0,65 ^{ns}
TC x C ₁ x S	99	99	-0,62 ^{ns}	-0,34 ^{ns}	-0,70 ^{ns}	-2,01 ^{ns}	0,97 ^{ns}	1,71 ^{ns}	0,75 ^{ns}
TC x C ₂ x S	99	99	-0,59 ^{ns}	0,56 ^{ns}	0,56 ^{ns}	1,45 ^{ns}	-0,29 ^{ns}	0,27 ^{ns}	0,55 ^{ns}
TC x G _{RC} x E/S	1.584	1.188	-0,82 ^{**}	0,01 ^{ns}	0,10 ^{ns}	0,30 ^{ns}	0,29 ^{ns}	-0,07 ^{ns}	-0,36 ^{ns}
TC x C ₁ x E/S	792	594	-0,86 [*]	-0,62 ^{ns}	-0,39 ^{ns}	-0,37 ^{ns}	1,33 ^{**}	1,02 ^{ns}	-0,30 ^{ns}
TC x C ₂ x E/S	792	594	-0,78 [*]	0,65 [*]	0,58 [*]	0,97 ^{ns}	-0,74 ^{ns}	-1,16 [*]	-0,41 ^{ns}
Epistasia total (Z)	100	100	-3,20 [*]	-2,17 ^{ns}	0,26 ^{ns}	6,82 ^{ns}	-0,26 ^{ns}	1,64 ^{ns}	1,90 ^{ns}
Z x S	100	100	-0,60 ^{ns}	0,58 ^{ns}	0,59 ^{ns}	1,50 ^{ns}	-0,16 ^{ns}	0,31 ^{ns}	0,47 ^{ns}
Z x E/S	800	600	-0,80 [*]	0,57 ^{ns}	0,54 [*]	0,95 ^{ns}	-0,78 ^{ns}	-1,21 [*]	-0,42 ^{ns}
Erro efetivo médio	2.610	2.088	-1,18 ^{**}	0,16 ^{ns}	0,38 [*]	-0,68 ^{ns}	0,42 ^{ns}	0,34 ^{ns}	-0,03 ^{ns}

^{ns}, * e ** não significativo, significativo a 0,05 e 0,01 de probabilidade pelo teste de Pillai adaptado por Silva (2015), respectivamente.

^a GL para produtos médios envolvendo os caracteres de florescimento.

^b Produtos médios multiplicados por 10².

^c Produtos médios multiplicados por 10³.

^d Produtos médios multiplicados por 10.

ANEXO VV. Produtos médios e respectivas significâncias das análises de covariâncias conjuntas para as combinações do caráter prolificidade (PROL) com os caracteres altura da planta (AP), altura da espiga (AE), posição relativa da espiga (PRE), florescimento masculino (FM), florescimento feminino (FF) e intervalo entre florescimentos (IF) e para as combinações do caráter AP com os caracteres AE e PRE em testecrosses provenientes do testador L-02-03D (TC_i), entre os grupos de ambientes (EG)

FC	GL	GL ^a	Produtos médios							
			PROLAP	PROLAE	PROLPRE ^b	PROLFM ^c	PROLFF ^c	PROLIF ^c	APAE	APPRE ^c
Grupos (S)	1	1	9.597,92 ^{ns}	7.303,84 ^{ns}	11.706,21 ^{ns}	-2.282,45 ^{ns}	-2.218,72 ^{ns}	63,73 ^{ns}	4.177.155,41 ^{ns}	66.949,24 ^{ns}
Ambientes/S (E/S)	8	6	169,44 ^{ns}	125,26 ^{ns}	238,31 ^{ns}	171,74 ^{ns}	245,89 ^{ns}	74,15 ^{ns}	59.147,91 ^{**}	1.259,39 [*]
Testecrosses (TC)	99	99	3,11 ^{**}	2,04 ^{**}	2,49 ^{ns}	-2,53 ^{**}	-3,64 ^{**}	-1,11 ^{**}	857,94 ^{**}	9,07 ^{**}
TC x S	99	99	0,79 ^{**}	0,50 ^{**}	0,78 ^{ns}	-1,28 ^{**}	-1,12 ^{**}	0,16 ^{ns}	218,82 ^{**}	2,95 ^{**}
TC x E/S	792	594	0,81 ^{**}	0,60 ^{**}	1,19 ^{**}	-1,25 ^{**}	-1,26 ^{**}	-0,02 ^{ns}	167,13 ^{**}	2,32 ^{**}
Gerações de RC (G _{RC})	2	2	17,78 ^{ns}	14,24 ^{ns}	21,78 ^{ns}	37,34 ^{ns}	-1,29 ^{ns}	-38,63 ^{ns}	1.738,16 ^{ns}	25,13 ^{ns}
G _{RC1} <i>vs</i> G _{RC2} (C ₁)	1	1	34,21 ^{ns}	28,39 ^{ns}	46,30 ^{ns}	76,78 ^{ns}	-0,43 ^{ns}	-77,22 ^{ns}	3.454,57 ^{ns}	56,35 ^{ns}
G _{RC1} +G _{RC2} <i>vs</i> 2G _{RC3} (C ₂)	1	1	1,35 ^{ns}	0,10 ^{ns}	-2,75 ^{ns}	-2,10 ^{ns}	-2,15 ^{ns}	-0,05 ^{ns}	21,75 ^{ns}	-6,08 ^{ns}
G _{RC} x S	2	2	-0,17 ^{ns}	0,06 ^{ns}	0,29 ^{ns}	-0,20 ^{ns}	0,87 ^{ns}	1,06 ^{ns}	44,41 ^{ns}	0,99 ^{ns}
C ₁ x S	1	1	0,10 ^{ns}	0,51 ^{ns}	1,33 ^{ns}	0,81 ^{ns}	2,21 ^{ns}	1,40 ^{ns}	33,87 ^{ns}	0,88 ^{ns}
C ₂ x S	1	1	-0,43 ^{ns}	-0,38 ^{ns}	-0,76 ^{ns}	-1,21 ^{ns}	-0,48 ^{ns}	0,73 ^{ns}	54,94 ^{ns}	1,09 ^{ns}
G _{RC} x E/S	16	12	0,97 [*]	0,52 ^{ns}	-0,01 ^{ns}	-0,18 ^{ns}	-0,24 ^{ns}	-0,06 ^{ns}	127,98 ^{**}	0,06 ^{ns}
C ₁ x E/S	8	6	1,23 [*]	0,63 ^{ns}	-0,12 ^{ns}	-0,42 ^{ns}	-0,10 ^{ns}	0,31 ^{ns}	160,14 [*]	-1,27 ^{ns}
C ₂ x E/S	8	6	0,71 ^{ns}	0,41 ^{ns}	0,09 ^{ns}	0,06 ^{ns}	-0,37 ^{ns}	-0,43 ^{ns}	95,82 [*]	1,40 ^{ns}
TC x G _{RC}	198	198	0,34 ^{**}	0,24 ^{**}	0,42 ^{ns}	-0,07 ^{ns}	-0,35 ^{**}	-0,29 ^{**}	81,09 ^{**}	0,64 ^{**}
TC x C ₁	99	99	0,47 ^{**}	0,40 ^{**}	0,89 ^{**}	0,11 ^{ns}	-0,31 ^{ns}	-0,42 ^{**}	86,64 ^{**}	0,79 [*]
TC x C ₂	99	99	0,21 ^{ns}	0,09 ^{ns}	-0,06 ^{ns}	-0,25 ^{ns}	-0,40 [*]	-0,15 ^{ns}	75,54 ^{**}	0,49 ^{ns}
TC x G _{RC} x S	198	198	0,16 ^{**}	0,12 ^{**}	0,16 ^{ns}	-0,41 ^{**}	-0,52 ^{**}	-0,11 ^{ns}	34,12 ^{**}	0,17 ^{ns}
TC x C ₁ x S	99	99	0,17 [*]	0,11 ^{ns}	0,11 ^{ns}	-0,43 ^{**}	-0,52 ^{**}	-0,10 ^{ns}	35,87 ^{**}	0,26 ^{ns}
TC x C ₂ x S	99	99	0,16 [*]	0,13 [*]	0,21 ^{ns}	-0,39 ^{**}	-0,51 ^{**}	-0,12 ^{ns}	32,37 ^{**}	0,07 ^{ns}
TC x G _{RC} x E/S	1.584	1.188	0,14 ^{**}	0,10 ^{**}	0,21 ^{**}	-0,29 ^{**}	-0,37 ^{**}	-0,08 ^{**}	34,69 ^{**}	0,25 ^{**}
TC x C ₁ x E/S	792	594	0,15 ^{**}	0,13 ^{**}	0,30 ^{**}	-0,28 ^{**}	-0,35 ^{**}	-0,07 [*]	39,62 ^{**}	0,34 ^{**}
TC x C ₂ x E/S	792	594	0,12 ^{**}	0,07 ^{**}	0,12 ^{ns}	-0,29 ^{**}	-0,38 ^{**}	-0,09 ^{**}	29,76 ^{**}	0,16 ^{**}
Epistasia total (Z)	100	100	0,22 ^{ns}	0,09 ^{ns}	-0,08 ^{ns}	-0,27 ^{ns}	-0,41 [*]	-0,15 ^{ns}	75,01 ^{**}	0,42 ^{ns}
Z x S	100	100	0,16 ^{ns}	0,12 ^{ns}	0,20 ^{ns}	-0,40 ^{**}	-0,51 ^{**}	-0,11 ^{ns}	32,59 ^{**}	0,08 ^{ns}
Z x E/S	800	600	0,12 ^{**}	0,08 ^{**}	0,12 ^{ns}	-0,29 ^{**}	-0,38 ^{**}	-0,10 ^{**}	30,42 ^{**}	0,17 ^{**}
Erro efetivo médio	2.610	2.088	0,26 ^{**}	0,18 ^{**}	0,32 ^{**}	-0,37 ^{**}	-0,46 ^{**}	-0,07 ^{**}	57,82 ^{**}	0,65 ^{**}

^{ns}, * e ** não significativo, significativo a 0,05 e 0,01 de probabilidade pelo teste de Pillai adaptado por Silva (2015), respectivamente.

^a GL para produtos médios envolvendo os caracteres de florescimento.

^b Produtos médios multiplicados por 10³.

^c Produtos médios multiplicados por 10.

ANEXO WW. Produtos médios e respectivas significâncias das análises de covariâncias conjuntas para as combinações do caráter altura da planta (AP) com os caracteres florescimento masculino (FM), florescimento feminino (FF) e intervalo entre florescimentos (IF) e para as combinações do caráter altura da espiga (AE) com os caracteres posição relativa da espiga (PRE), FM, FF e IF em testecrosses provenientes do testador L-02-03D (TC₁), entre os grupos de ambientes (EG)

FC	GL	GL ^a	Produtos médios						
			APFM	APFF	APIF	AEPRE	AEFM	AEFF	AEIF
Grupos (S)	1	1	-158.112,69 ^{ns}	-153.697,73 ^{ns}	4.414,96 ^{ns}	5.094,72 ^{ns}	-122.219,23 ^{ns}	-118.806,52 ^{ns}	3.412,71 ^{ns}
Ambientes/S (E/S)	8	6	5.629,62 ^{ns}	5.813,82 ^{ns}	184,20 ^{ns}	150,46 ^{**}	5.550,40 ^{ns}	5.276,87 ^{ns}	-273,53 ^{ns}
Testecrosses (TC)	99	99	10,18 ^{ns}	15,41 ^{ns}	5,23 ^{ns}	1,27 ^{**}	9,39 ^{ns}	10,37 ^{ns}	0,99 ^{ns}
TC x S	99	99	-10,75 ^{**}	-14,30 ^{**}	-3,56 ^{ns}	0,42 ^{**}	-8,57 ^{**}	-11,31 ^{**}	-2,74 ^{ns}
TC x E/S	792	594	-12,12 ^{**}	-12,74 ^{**}	-0,62 ^{ns}	0,33 ^{**}	-10,08 ^{**}	-11,13 ^{**}	-1,06 ^{ns}
Gerações de RC (G _{RC})	2	2	403,84 ^{ns}	-25,34 ^{ns}	-429,18 ^{ns}	2,32 ^{ns}	351,78 ^{ns}	-4,57 ^{ns}	-356,35 ^{ns}
G _{RC1} vs G _{RC2} (C ₁)	1	1	852,51 ^{ns}	-4,82 ^{ns}	-857,33 ^{ns}	4,68 ^{ns}	708,58 ^{ns}	-4,01 ^{ns}	-712,59 ^{ns}
G _{RC1} +G _{RC2} vs 2G _{RC3} (C ₂)	1	1	-44,83 ^{ns}	-45,85 ^{ns}	-1,03 ^{ns}	-0,04 ^{ns}	-5,02 ^{ns}	-5,13 ^{ns}	-0,12 ^{ns}
G _{RC} x S	2	2	4,22 ^{ns}	5,82 ^{ns}	1,60 ^{ns}	0,28 ^{ns}	13,73 ^{ns}	22,05 ^{ns}	8,32 ^{ns}
C ₁ x S	1	1	3,54 ^{ns}	9,70 ^{ns}	6,16 ^{ns}	0,47 ^{ns}	14,19 ^{ns}	38,85 ^{ns}	24,66 ^{ns}
C ₂ x S	1	1	4,90 ^{ns}	1,94 ^{ns}	-2,96 ^{ns}	0,10 ^{ns}	13,27 ^{ns}	5,25 ^{ns}	-8,02 ^{ns}
G _{RC} x E/S	16	12	-2,88 ^{ns}	2,60 ^{ns}	5,48 ^{ns}	0,25 ^{**}	-0,17 ^{ns}	3,33 ^{ns}	3,50 ^{ns}
C ₁ x E/S	8	6	-12,06 ^{ns}	5,19 ^{ns}	17,25 ^{ns}	0,22 ^{ns}	-4,83 ^{ns}	10,01 ^{ns}	14,84 ^{ns}
C ₂ x E/S	8	6	6,31 ^{ns}	0,01 ^{ns}	-6,30 ^{ns}	0,28 [*]	4,49 ^{ns}	-3,34 ^{ns}	-7,83 ^{ns}
TC x G _{RC}	198	198	3,90 ^{**}	2,16 ^{ns}	-1,75 [*]	0,19 ^{**}	2,09 [*]	1,30 ^{ns}	-0,80 ^{ns}
TC x C ₁	99	99	5,53 ^{**}	2,54 ^{ns}	-2,99 [*]	0,18 ^{**}	2,34 ^{ns}	1,06 ^{ns}	-1,27 ^{ns}
TC x C ₂	99	99	2,28 ^{ns}	1,78 ^{ns}	-0,50 ^{ns}	0,19 ^{**}	1,85 ^{ns}	1,54 ^{ns}	-0,32 ^{ns}
TC x G _{RC} x S	198	198	-0,92 ^{ns}	-1,13 ^{ns}	-0,21 ^{ns}	0,12 ^{**}	-1,14 [*]	-1,57 ^{**}	-0,43 ^{ns}
TC x C ₁ x S	99	99	0,00 ^{ns}	-0,16 ^{ns}	-0,15 ^{ns}	0,13 ^{**}	-0,70 ^{ns}	-1,10 ^{ns}	-0,40 ^{ns}
TC x C ₂ x S	99	99	-1,83 [*]	-2,10 [*]	-0,27 ^{ns}	0,12 ^{**}	-1,58 [*]	-2,03 ^{**}	-0,45 ^{ns}
TC x G _{RC} x E/S	1.584	1.188	-1,66 ^{**}	-1,87 ^{**}	-0,21 ^{ns}	0,11 ^{**}	-1,29 ^{**}	-1,53 ^{**}	-0,24 ^{ns}
TC x C ₁ x E/S	792	594	-1,20 ^{**}	-1,27 ^{**}	-0,07 ^{ns}	0,11 ^{**}	-1,23 ^{**}	-1,34 ^{**}	-0,11 ^{ns}
TC x C ₂ x E/S	792	594	-2,11 ^{**}	-2,47 ^{**}	-0,36 ^{ns}	0,10 ^{**}	-1,35 ^{**}	-1,71 ^{**}	-0,36 ^{ns}
Epistasia total (Z)	100	100	1,81 ^{ns}	1,30 ^{ns}	-0,51 ^{ns}	0,19 ^{**}	1,78 ^{ns}	1,47 ^{ns}	-0,31 ^{ns}
Z x S	100	100	-1,76 ^{ns}	-2,05 [*]	-0,29 ^{ns}	0,12 ^{**}	-1,43 ^{ns}	-1,96 ^{**}	-0,53 ^{ns}
Z x E/S	800	600	-2,03 ^{**}	-2,45 ^{**}	-0,42 ^{ns}	0,10 ^{**}	-1,29 ^{**}	-1,73 ^{**}	-0,43 ^{ns}
Erro efetivo médio	2.610	2.088	-3,42 ^{**}	-4,01 ^{**}	-0,58 ^{**}	0,15 ^{**}	-2,82 ^{**}	-3,40 ^{**}	-0,57 ^{**}

^{ns}, * e ** não significativo, significativo a 0,05 e 0,01 de probabilidade pelo teste de Pillai adaptado por Silva (2015), respectivamente.

^a GL para produtos médios envolvendo os caracteres de florescimento.

ANEXO XX.Produtos médios e respectivas significâncias das análises de covariâncias conjuntas para as combinações do caráter posição relativa da espiga (PRE) com os caracteres florescimento masculino (FM), florescimento feminino (FF) e intervalo entre florescimentos (IF), para as combinações do caráter FM com os caracteres FF e IF e para a combinação entre os caracteres FF e IF em testecrosses provenientes do testador L-02-03D (TC₁), entre os grupos de ambientes (EG)

FC	GL	GL ^a	Produtos médios					
			PREFM ^b	PREFF ^b	PREIF ^b	FMFF	FMIF	FFIF
Grupos (S)	1	1	-19.858,91 ^{ns}	-19.304,39 ^{ns}	554,52 ^{ns}	5.018,45 ^{ns}	-144,15 ^{ns}	-140,13 ^{ns}
Ambientes/S (E/S)	8	6	921,43 ^{ns}	659,28 ^{ns}	-262,14 ^{ns}	3.589,73 [*]	-221,05 ^{ns}	81,99 ^{ns}
Testecrosses (TC)	99	99	1,28 ^{ns}	0,31 ^{ns}	-0,97 ^{ns}	10,62 ^{**}	-0,65 ^{ns}	2,68 ^{**}
TC x S	99	99	-1,24 ^{ns}	-1,64 [*]	-0,40 ^{ns}	3,16 ^{**}	-1,00 ^{**}	0,43 ^{ns}
TC x E/S	792	594	-2,15 ^{**}	-2,53 ^{**}	-0,39 [*]	2,70 ^{**}	-0,70 ^{**}	1,00 ^{**}
Gerações de RC (G _{RC})	2	2	56,12 ^{ns}	3,86 ^{ns}	-52,26 ^{ns}	1,84 ^{ns}	-122,74 ^{ns}	0,75 ^{ns}
G _{RC1} ^{vs} G _{RC2} (C ₁)	1	1	104,12 ^{ns}	-0,59 ^{ns}	-104,70 ^{ns}	-1,38 ^{ns}	-245,59 ^{ns}	1,39 ^{ns}
G _{RC1} +G _{RC2} ^{vs} 2G _{RC3} (C ₂)	1	1	8,13 ^{ns}	8,31 ^{ns}	0,19 ^{ns}	5,06 ^{ns}	0,11 ^{ns}	0,12 ^{ns}
G _{RC} x S	2	2	5,00 ^{ns}	7,11 ^{ns}	2,11 ^{ns}	1,75 ^{ns}	-1,04 ^{ns}	0,71 ^{ns}
C ₁ x S	1	1	4,38 ^{ns}	12,00 ^{ns}	7,62 ^{ns}	1,51 ^{ns}	0,96 ^{ns}	2,62 ^{ns}
C ₂ x S	1	1	5,61 ^{ns}	2,22 ^{ns}	-3,39 ^{ns}	1,99 ^{ns}	-3,05 ^{ns}	-1,21 ^{ns}
G _{RC} x E/S	16	12	1,28 ^{ns}	0,76 ^{ns}	-0,52 ^{ns}	0,68 ^{ns}	-2,28 [*]	1,17 ^{ns}
C ₁ x E/S	8	6	1,03 ^{ns}	2,73 ^{ns}	1,70 ^{ns}	0,47 ^{ns}	-3,40 ^{ns}	2,24 ^{ns}
C ₂ x E/S	8	6	1,53 ^{ns}	-1,20 ^{ns}	-2,73 ^{ns}	0,90 ^{ns}	-1,15 ^{ns}	0,10 ^{ns}
TC x G _{RC}	198	198	0,02 ^{ns}	0,06 ^{ns}	0,04 ^{ns}	1,60 ^{**}	-0,47 ^{**}	0,76 ^{**}
TC x C ₁	99	99	-0,33 ^{ns}	-0,24 ^{ns}	0,09 ^{ns}	1,57 ^{**}	-0,61 ^{**}	0,76 ^{**}
TC x C ₂	99	99	0,38 ^{ns}	0,37 ^{ns}	-0,01 ^{ns}	1,62 ^{**}	-0,33 [*]	0,77 ^{**}
TC x G _{RC} x S	198	198	-0,34 ^{ns}	-0,52 [*]	-0,18 ^{ns}	1,08 ^{**}	-0,34 ^{**}	0,51 ^{**}
TC x C ₁ x S	99	99	-0,34 ^{ns}	-0,52 ^{ns}	-0,18 ^{ns}	1,11 ^{**}	-0,23 [*]	0,65 ^{**}
TC x C ₂ x S	99	99	-0,34 ^{ns}	-0,51 ^{ns}	-0,18 ^{ns}	1,04 ^{**}	-0,45 ^{**}	0,37 ^{**}
TC x G _{RC} x E/S	1.584	1.188	-0,26 ^{**}	-0,36 ^{**}	-0,10 ^{ns}	0,91 ^{**}	-0,36 ^{**}	0,53 ^{**}
TC x C ₁ x E/S	792	594	-0,36 ^{**}	-0,45 ^{**}	-0,09 ^{ns}	0,87 ^{**}	-0,35 ^{**}	0,55 ^{**}
TC x C ₂ x E/S	792	594	-0,16 ^{ns}	-0,26 [*]	-0,10 ^{ns}	0,95 ^{**}	-0,37 ^{**}	0,51 ^{**}
Epistasia total (Z)	100	100	0,45 ^{ns}	0,45 ^{ns}	-0,01 ^{ns}	1,66 ^{**}	-0,32 [*]	0,76 ^{**}
Z x S	100	100	-0,28 ^{ns}	-0,49 ^{ns}	-0,21 ^{ns}	1,05 ^{**}	-0,47 ^{**}	0,35 ^{**}
Z x E/S	800	600	-0,14 ^{ns}	-0,27 [*]	-0,13 ^{ns}	0,95 ^{**}	-0,38 ^{**}	0,50 ^{**}
Erro efetivo médio	2.610	2.088	-0,58 ^{**}	-0,76 ^{**}	-0,17 ^{**}	1,20 ^{**}	-0,37 ^{**}	0,49 ^{**}

^{ns}, * e ** não significativo, significativo a 0,05 e 0,01 de probabilidade pelo teste de Pillai adaptado por Silva (2015), respectivamente.

^a GL para produtos médios envolvendo os caracteres de florescimento.

^b Produtos médios multiplicados por 10².

ANEXO YY. Produtos médios e respectivas significâncias das análises de covariâncias conjuntas para as combinações do caráter produção de grãos (PG) com os caracteres acamamento e quebramento de plantas (ACQ), prolificidade (PROL), altura da planta (AP), altura da espiga (AE), posição relativa da espiga (PRE), florescimento masculino (FM), florescimento feminino (FF) e intervalo entre florescimentos (IF) em testecrosses provenientes do testador L-04-05F (TC₂), entre os grupos de ambientes (EG)

FC	GL	GL ^a	Produtos médios							
			PGACQ	PGPROL ^b	PGAP	PGAE	PGPRE ^c	PGFM	PGFF	PGIF
Grupos (S)	1	1	-771,86 ^{ns}	2.413,24 ^{ns}	278.672,44 ^{ns}	225.181,61 ^{ns}	35.940,94 ^{ns}	-6.704,06 ^{ns}	-6.221,38 ^{ns}	482,68 ^{ns}
Ambientes/S (E/S)	8	6	-29,43 ^{ns}	127,30 ^{ns}	5.718,37 [*]	5.257,04 [*]	1.085,75 ^{ns}	1.048,46 ^{ns}	777,08 ^{ns}	-271,38 ^{ns}
Testecrosses (TC)	99	99	0,24 ^{ns}	3,15 ^{**}	33,99 ^{**}	27,85 ^{**}	4,63 ^{**}	-1,06 ^{ns}	-2,28 ^{**}	-1,22 ^{**}
TC x S	99	99	-0,12 ^{ns}	1,84 ^{**}	14,17 ^{**}	10,74 ^{**}	1,28 [*]	-1,23 ^{**}	-1,90 ^{**}	-0,67 ^{**}
TC x E/S	792	594	-0,13 ^{ns}	1,41 ^{**}	10,58 ^{**}	7,53 ^{**}	1,08 ^{**}	-0,93 ^{**}	-1,05 ^{**}	-0,12 ^{ns}
Gerações de RC (G _{RC})	2	2	-75,55 ^{ns}	76,60 ^{ns}	123,22 ^{ns}	-280,06 ^{ns}	-172,03 ^{ns}	24,32 ^{ns}	-68,39 ^{ns}	-92,70 ^{ns}
G _{RC1} <i>vs</i> G _{RC2} (C ₁)	1	1	-158,87 ^{ns}	130,37 ^{ns}	218,90 ^{ns}	-629,95 ^{ns}	-372,67 ^{ns}	62,10 ^{ns}	-127,98 ^{ns}	-190,08 ^{ns}
G _{RC1} +G _{RC2} <i>vs</i> 2G _{RC3} (C ₂)	1	1	7,76 ^{ns}	22,83 ^{ns}	27,54 ^{ns}	69,84 ^{ns}	28,60 ^{ns}	-13,47 ^{ns}	-8,80 ^{ns}	4,67 ^{ns}
G _{RC} x S	2	2	11,36 ^{ns}	7,92 ^{ns}	-19,21 ^{ns}	-20,50 ^{ns}	5,61 ^{ns}	-6,18 ^{ns}	-6,50 ^{ns}	-0,32 ^{ns}
C ₁ x S	1	1	23,39 ^{ns}	14,22 ^{ns}	-37,42 ^{ns}	-36,64 ^{ns}	14,60 ^{ns}	-11,71 ^{ns}	-12,82 ^{ns}	-1,12 ^{ns}
C ₂ x S	1	1	-0,66 ^{ns}	1,63 ^{ns}	-1,00 ^{ns}	-4,35 ^{ns}	-3,38 ^{ns}	-0,66 ^{ns}	-0,18 ^{ns}	0,48 ^{ns}
G _{RC} x E/S	16	12	-0,04 ^{ns}	1,91 ^{**}	0,56 ^{ns}	5,21 ^{ns}	2,68 ^{ns}	-0,89 ^{ns}	0,08 ^{ns}	0,97 ^{ns}
C ₁ x E/S	8	6	-0,19 ^{ns}	3,13 [*]	-2,09 ^{ns}	4,78 ^{ns}	3,07 ^{ns}	-2,23 ^{ns}	-0,37 ^{ns}	1,87 ^{ns}
C ₂ x E/S	8	6	0,11 ^{ns}	0,70 [*]	3,22 ^{ns}	5,64 ^{ns}	2,29 ^{ns}	0,45 ^{ns}	0,53 ^{ns}	0,08 ^{ns}
TC x G _{RC}	198	198	-0,20 ^{ns}	1,30 ^{**}	4,57 ^{**}	3,63 ^{**}	0,63 [*]	-0,42 ^{**}	-0,59 ^{**}	-0,17 ^{ns}
TC x C ₁	99	99	-0,09 ^{ns}	1,38 ^{**}	6,98 ^{**}	6,42 ^{**}	1,39 ^{**}	-0,27 ^{ns}	-0,47 ^{ns}	-0,20 ^{ns}
TC x C ₂	99	99	-0,32 [*]	1,22 ^{**}	2,15 ^{ns}	0,83 ^{ns}	-0,13 ^{ns}	-0,56 ^{**}	-0,71 ^{**}	-0,15 ^{ns}
TC x G _{RC} x S	198	198	-0,11 ^{ns}	0,68 ^{**}	2,54 ^{**}	2,01 ^{**}	0,24 ^{ns}	-0,35 ^{**}	-0,52 ^{**}	-0,17 ^{**}
TC x C ₁ x S	99	99	-0,08 ^{ns}	0,69 ^{**}	2,34 ^{**}	2,19 ^{**}	0,44 ^{ns}	-0,37 ^{**}	-0,42 ^{**}	-0,05 ^{ns}
TC x C ₂ x S	99	99	-0,13 ^{ns}	0,67 ^{**}	2,75 ^{**}	1,84 [*]	0,05 ^{ns}	-0,33 ^{**}	-0,62 ^{**}	-0,29 ^{**}
TC x G _{RC} x E/S	1.584	1.188	-0,09 ^{**}	0,61 ^{**}	1,69 ^{**}	1,23 ^{**}	0,20 ^{**}	-0,35 ^{**}	-0,46 ^{**}	-0,11 ^{**}
TC x C ₁ x E/S	792	594	-0,12 ^{**}	0,60 ^{**}	1,66 ^{**}	1,24 ^{**}	0,22 ^{**}	-0,35 ^{**}	-0,45 ^{**}	-0,10 ^{**}
TC x C ₂ x E/S	792	594	-0,06 ^{ns}	0,63 ^{**}	1,71 ^{**}	1,21 ^{**}	0,18 [*]	-0,34 ^{**}	-0,46 ^{**}	-0,12 ^{**}
Epistasia total (Z)	100	100	-0,24 ^{ns}	1,43 ^{**}	2,41 ^{ns}	1,52 ^{ns}	0,16 ^{ns}	-0,69 ^{**}	-0,80 ^{**}	-0,10 ^{ns}
Z x S	100	100	-0,14 ^{ns}	0,68 ^{**}	2,71 ^{**}	1,78 [*]	0,02 ^{ns}	-0,33 ^{**}	-0,62 ^{**}	-0,28 ^{**}
Z x E/S	800	600	-0,06 ^{ns}	0,63 ^{**}	1,73 ^{**}	1,26 ^{**}	0,20 ^{**}	-0,33 ^{**}	-0,45 ^{**}	-0,12 ^{**}
Erro efetivo médio	2.610	2.088	-0,09 ^{**}	0,70 ^{**}	3,44 ^{**}	2,45 ^{**}	0,35 ^{**}	-0,41 ^{**}	-0,54 ^{**}	-0,13 ^{**}

^{ns}, * e ** não significativo, significativo a 0,05 e 0,01 de probabilidade pelo teste de Pillai adaptado por Silva (2015), respectivamente.

^a GL para produtos médios envolvendo os caracteres de florescimento.

^b Produtos médios multiplicados por 10.

^c Produtos médios multiplicados por 10².

ANEXO ZZ.Produtos médios e respectivas significâncias das análises de covariâncias conjuntas para as combinações do carácter acamamento e quebramento de plantas (ACQ) com os caracteres prolificidade (PROL), altura da planta (AP), altura da espiga (AE), posição relativa da espiga (PRE), florescimento masculino (FM), florescimento feminino (FF) e intervalo entre florescimentos (IF) em testecrosses provenientes do testador L-04-05F (TC₂), entre os grupos de ambientes (EG)

FC	GL	GL ^a	Produtos médios						
			ACQPROL ^b	ACQAP	ACQAE	ACQPRE ^b	ACQFM ^c	ACQFF ^c	ACQIF ^c
Grupos (S)	1	1	-1.225,72 ^{ns}	-14.154,23 ^{ns}	-11.437,34 ^{ns}	-1.825,50 ^{ns}	-2.287,14 ^{ns}	-2.122,47 ^{ns}	164,67 ^{ns}
Ambientes/S (E/S)	8	6	-549,54 ^{ns}	-2.422,36 ^{ns}	-1.331,72 ^{ns}	248,29 ^{ns}	-9.501,57 ^{ns}	-14.540,07 ^{ns}	-5.038,50 ^{ns}
Testecrosses (TC)	99	99	4,79 ^{ns}	2,63 ^{ns}	3,56 ^{ns}	1,29 ^{ns}	3,45 ^{ns}	2,87 ^{ns}	-0,58 ^{ns}
TC x S	99	99	1,83 ^{ns}	6,70 [*]	3,58 ^{ns}	-0,10 ^{ns}	-3,41 ^{ns}	-3,57 ^{ns}	-0,15 ^{ns}
TC x E/S	792	594	-1,11 ^{ns}	1,39 ^{ns}	1,63 [*]	0,44 [*]	-2,80 [*]	-2,55 ^{ns}	0,25 ^{ns}
Gerações de RC (G _{RC})	2	2	-596,20 ^{ns}	-102,66 ^{ns}	330,70 ^{ns}	192,63 ^{ns}	-297,60 ^{ns}	517,24 ^{ns}	814,84 ^{ns}
G _{RC1} ^{vs} G _{RC2} (C ₁)	1	1	-1.300,39 ^{ns}	-218,35 ^{ns}	628,37 ^{ns}	371,73 ^{ns}	-524,39 ^{ns}	1.080,74 ^{ns}	1.605,14 ^{ns}
G _{RC1} +G _{RC2} ^{vs} 2G _{RC3} (C ₂)	1	1	107,99 ^{ns}	13,03 ^{ns}	33,04 ^{ns}	13,53 ^{ns}	-70,80 ^{ns}	-46,26 ^{ns}	24,54 ^{ns}
G _{RC} x S	2	2	43,31 ^{ns}	-11,63 ^{ns}	-11,15 ^{ns}	4,81 ^{ns}	-15,17 ^{ns}	-17,95 ^{ns}	-2,78 ^{ns}
C ₁ x S	1	1	88,93 ^{ns}	-23,40 ^{ns}	-22,92 ^{ns}	9,13 ^{ns}	-33,60 ^{ns}	-36,80 ^{ns}	-3,20 ^{ns}
C ₂ x S	1	1	-2,32 ^{ns}	0,14 ^{ns}	0,62 ^{ns}	0,48 ^{ns}	3,25 ^{ns}	0,90 ^{ns}	-2,35 ^{ns}
G _{RC} x E/S	16	12	-3,27 ^{ns}	4,71 ^{ns}	2,99 ^{ns}	0,29 ^{ns}	0,96 ^{ns}	0,91 ^{ns}	-0,05 ^{ns}
C ₁ x E/S	8	6	-6,75 ^{ns}	6,00 ^{ns}	2,13 ^{ns}	-0,43 ^{ns}	0,18 ^{ns}	-1,25 ^{ns}	-1,43 ^{ns}
C ₂ x E/S	8	6	0,22 ^{ns}	3,42 ^{ns}	3,85 ^{ns}	1,00 ^{ns}	1,74 ^{ns}	3,07 ^{ns}	1,32 ^{ns}
TC x G _{RC}	198	198	-3,60 ^{**}	-1,24 ^{ns}	0,20 ^{ns}	0,41 ^{ns}	-0,41 ^{ns}	-0,38 ^{ns}	0,02 ^{ns}
TC x C ₁	99	99	-3,49 ^{ns}	-1,91 ^{ns}	-1,47 ^{ns}	-0,21 ^{ns}	-2,62 ^{ns}	-3,94 ^{ns}	-1,32 ^{ns}
TC x C ₂	99	99	-3,71 [*]	-0,56 ^{ns}	1,88 ^{ns}	1,03 [*]	1,81 ^{ns}	3,18 ^{ns}	1,37 ^{ns}
TC x G _{RC} x S	198	198	-0,34 ^{ns}	-0,99 ^{ns}	-0,32 ^{ns}	0,08 ^{ns}	0,54 ^{ns}	1,51 ^{ns}	0,97 ^{ns}
TC x C ₁ x S	99	99	-0,28 ^{ns}	-1,04 ^{ns}	-0,68 ^{ns}	-0,15 ^{ns}	0,80 ^{ns}	2,02 ^{ns}	1,22 ^{ns}
TC x C ₂ x S	99	99	-0,40 ^{ns}	-0,95 ^{ns}	0,04 ^{ns}	0,31 ^{ns}	0,29 ^{ns}	1,00 ^{ns}	0,72 ^{ns}
TC x G _{RC} x E/S	1.584	1.188	-0,62 [*]	0,12 ^{ns}	0,28 ^{ns}	0,10 ^{ns}	0,38 ^{ns}	0,66 ^{ns}	0,29 ^{ns}
TC x C ₁ x E/S	792	594	-1,02 [*]	0,03 ^{ns}	0,27 ^{ns}	0,11 ^{ns}	0,49 ^{ns}	0,82 ^{ns}	0,33 ^{ns}
TC x C ₂ x E/S	792	594	-0,22 ^{ns}	0,21 ^{ns}	0,30 ^{ns}	0,09 ^{ns}	0,26 ^{ns}	0,51 ^{ns}	0,25 ^{ns}
Epistasia total (Z)	100	100	-2,60 ^{ns}	-0,43 ^{ns}	2,19 ^{ns}	1,15 ^{**}	1,08 ^{ns}	2,68 ^{ns}	1,60 ^{ns}
Z x S	100	100	-0,42 ^{ns}	-0,94 ^{ns}	0,05 ^{ns}	0,31 ^{ns}	0,31 ^{ns}	1,00 ^{ns}	0,69 ^{ns}
Z x E/S	800	600	-0,21 ^{ns}	0,24 ^{ns}	0,34 ^{ns}	0,10 ^{ns}	0,28 ^{ns}	0,54 ^{ns}	0,26 ^{ns}
Erro efetivo médio	2.610	2.088	-0,79 ^{**}	0,19 ^{ns}	0,22 ^{ns}	-0,15 [*]	0,02 ^{ns}	0,20 ^{ns}	0,27 ^{ns}

^{ns}, * e ** não significativo, significativo a 0,05 e 0,01 de probabilidade pelo teste de Pillai adaptado por Silva (2015), respectivamente.

^a GL para produtos médios envolvendo os caracteres de florescimento.

^b Produtos médios multiplicados por 10².

^c Produtos médios multiplicados por 10.

ANEXO AAA. Produtos médios e respectivas significâncias das análises de covariâncias conjuntas para as combinações do carácter prolificidade (PROL) com os caracteres altura da planta (AP), altura da espiga (AE), posição relativa da espiga (PRE), florescimento masculino (FM), florescimento feminino (FF) e intervalo entre florescimentos (IF) e para as combinações do carácter AP com os caracteres AE e PRE em testecrosses provenientes do testador L-04-05F (TC₂), entre os grupos de ambientes (EG)

FC	GL	GL ^a	Produtos médios							
			PROLAP	PROLAE	PROLPRE ^b	PROLFM ^c	PROLFF ^c	PROLIF ^c	APAE	APPRE ^c
Grupos (S)	1	1	4.425,35 ^{ns}	3.575,91 ^{ns}	5.707,46 ^{ns}	-821,70 ^{ns}	-762,54 ^{ns}	59,16 ^{ns}	4.129.331,71 ^{ns}	65.907,72 ^{ns}
Ambientes/S (E/S)	8	6	160,30 ^{ns}	134,31 ^{ns}	267,49 ^{ns}	233,24 ^{ns}	244,48 ^{ns}	11,24 ^{ns}	64.384,57 ^{**}	1.352,89 [*]
Testecrosses (TC)	99	99	1,81 ^{**}	1,75 ^{**}	3,88 ^{**}	-1,04 ^{ns}	-1,99 ^{**}	-0,95 ^{**}	706,24 ^{**}	8,55 ^{**}
TC x S	99	99	1,30 ^{**}	1,05 ^{**}	1,69 ^{**}	-1,42 ^{**}	-1,76 ^{**}	-0,34 ^{ns}	211,79 ^{**}	3,24 ^{**}
TC x E/S	792	594	0,71 ^{**}	0,51 ^{**}	0,85 ^{**}	-0,66 ^{**}	-0,83 ^{**}	-0,17 [*]	173,20 ^{**}	2,09 ^{**}
Gerações de RC (G _{RC})	2	2	10,88 ^{ns}	-20,92 ^{ns}	-132,62 ^{ns}	16,77 ^{ns}	-58,62 ^{ns}	-75,39 ^{ns}	-374,27 ^{ns}	-23,21 ^{ns}
G _{RC1} vs G _{RC2} (C ₁)	1	1	17,92 ^{ns}	-51,56 ^{ns}	-305,04 ^{ns}	51,27 ^{ns}	-105,66 ^{ns}	-156,94 ^{ns}	-865,81 ^{ns}	-51,22 ^{ns}
G _{RC1} +G _{RC2} vs 2G _{RC3} (C ₂)	1	1	3,83 ^{ns}	9,72 ^{ns}	39,81 ^{ns}	-17,73 ^{ns}	-11,58 ^{ns}	6,15 ^{ns}	117,28 ^{ns}	4,80 ^{ns}
G _{RC} x S	2	2	-0,73 ^{ns}	-0,77 ^{ns}	2,18 ^{ns}	-2,41 ^{ns}	-2,51 ^{ns}	-0,10 ^{ns}	18,80 ^{ns}	-0,69 ^{ns}
C ₁ x S	1	1	-1,42 ^{ns}	-1,39 ^{ns}	5,55 ^{ns}	-4,50 ^{ns}	-4,93 ^{ns}	-0,43 ^{ns}	36,67 ^{ns}	-1,46 ^{ns}
C ₂ x S	1	1	-0,04 ^{ns}	-0,15 ^{ns}	-1,18 ^{ns}	-0,32 ^{ns}	-0,09 ^{ns}	0,23 ^{ns}	0,94 ^{ns}	0,07 ^{ns}
G _{RC} x E/S	16	12	0,11 ^{ns}	0,53 ^{ns}	2,46 [*]	-0,49 ^{ns}	0,16 ^{ns}	0,65 ^{ns}	101,36 ^{**}	1,99 [*]
C ₁ x E/S	8	6	0,27 ^{ns}	0,86 ^{ns}	3,74 [*]	-1,43 ^{ns}	-0,08 ^{ns}	1,35 ^{ns}	69,71 [*]	1,73 ^{ns}
C ₂ x E/S	8	6	-0,06 ^{ns}	0,19 ^{ns}	1,18 ^{ns}	0,46 ^{ns}	0,41 ^{ns}	-0,04 ^{ns}	133,02 [*]	2,26 ^{ns}
TC x G _{RC}	198	198	0,49 ^{**}	0,43 ^{**}	0,88 [*]	-0,32 ^{ns}	-0,40 [*]	-0,07 ^{ns}	106,11 ^{**}	1,10 ^{**}
TC x C ₁	99	99	0,65 ^{**}	0,69 ^{**}	1,77 ^{**}	-0,21 ^{ns}	-0,20 ^{ns}	0,01 ^{ns}	124,76 ^{**}	1,38 ^{**}
TC x C ₂	99	99	0,33 [*]	0,18 ^{ns}	-0,02 ^{ns}	-0,44 ^{ns}	-0,60 [*]	-0,16 ^{ns}	87,46 ^{**}	0,84 [*]
TC x G _{RC} x S	198	198	0,24 ^{**}	0,19 ^{**}	0,31 ^{ns}	-0,32 ^{**}	-0,50 ^{**}	-0,18 ^{**}	60,83 ^{**}	0,59 ^{**}
TC x C ₁ x S	99	99	0,20 [*]	0,20 ^{**}	0,48 [*]	-0,31 ^{**}	-0,36 ^{**}	-0,05 ^{ns}	54,94 ^{**}	0,57 ^{**}
TC x C ₂ x S	99	99	0,28 ^{**}	0,18 [*]	0,13 ^{ns}	-0,33 ^{**}	-0,64 ^{**}	-0,31 ^{**}	66,71 ^{**}	0,61 ^{**}
TC x G _{RC} x E/S	1.584	1.188	0,11 ^{**}	0,10 ^{**}	0,21 ^{**}	-0,35 ^{**}	-0,45 ^{**}	-0,10 ^{**}	45,47 ^{**}	0,37 ^{**}
TC x C ₁ x E/S	792	594	0,12 ^{**}	0,10 ^{**}	0,24 ^{**}	-0,30 ^{**}	-0,38 ^{**}	-0,08 [*]	48,05 ^{**}	0,37 ^{**}
TC x C ₂ x E/S	792	594	0,10 ^{**}	0,09 ^{**}	0,19 [*]	-0,39 ^{**}	-0,51 ^{**}	-0,12 ^{**}	42,88 ^{**}	0,36 ^{**}
Epistasia total (Z)	100	100	0,36 [*]	0,27 ^{ns}	0,38 ^{ns}	-0,62 [*]	-0,71 ^{**}	-0,09 ^{ns}	87,76 ^{**}	0,88 [*]
Z x S	100	100	0,27 ^{**}	0,18 [*]	0,12 ^{ns}	-0,33 ^{**}	-0,63 ^{**}	-0,30 ^{**}	66,05 ^{**}	0,60 ^{**}
Z x E/S	800	600	0,10 ^{**}	0,09 ^{**}	0,20 [*]	-0,38 ^{**}	-0,50 ^{**}	-0,12 ^{**}	43,78 ^{**}	0,38 ^{**}
Erro efetivo médio	2.610	2.088	0,25 ^{**}	0,18 ^{**}	0,29 ^{**}	-0,32 ^{**}	-0,43 ^{**}	-0,11 ^{**}	64,74 ^{**}	0,67 ^{**}

^{ns}, * e ** não significativo, significativo a 0,05 e 0,01 de probabilidade pelo teste de Pillai adaptado por Silva (2015), respectivamente.

^a GL para produtos médios envolvendo os caracteres de florescimento.

^b Produtos médios multiplicados por 10³.

^c Produtos médios multiplicados por 10.

ANEXO BBB. Produtos médios e respectivas significâncias das análises de covariâncias conjuntas para as combinações do caráter altura da planta (AP) com os caracteres florescimento masculino (FM), florescimento feminino (FF) e intervalo entre florescimentos (IF) e para as combinações do caráter altura da espiga (AE) com os caracteres posição relativa da espiga (PRE), FM, FF e IF em testecrosses provenientes do testador L-04-05F (TC₂), entre os grupos de ambientes (EG)

FC	GL	GL ^a	Produtos médios						
			APFM	APFF	APIF	AEPRE	AEFM	AEFF	AEIF
Grupos (S)	1	1	-117.913,57 ^{ns}	-109.424,05 ^{ns}	8.489,53 ^{ns}	5.325,68 ^{ns}	-96.989,65 ^{ns}	-90.006,61 ^{ns}	6.983,05 ^{ns}
Ambientes/S (E/S)	8	6	7.796,87 ^{ns}	7.216,21 ^{ns}	-580,66 ^{ns}	158,46 ^{**}	8.338,75 ^{ns}	7.296,02 ^{ns}	-1.042,73 ^{ns}
Testecrosses (TC)	99	99	19,80 [*]	15,62 ^{ns}	-4,18 ^{ns}	1,53 ^{**}	25,57 ^{**}	16,84 ^{ns}	-8,73 [*]
TC x S	99	99	-13,46 ^{**}	-18,29 ^{**}	-4,83 [*]	0,46 ^{**}	-10,92 ^{**}	-13,80 ^{**}	-2,89 ^{ns}
TC x E/S	792	594	-11,63 ^{**}	-12,51 ^{**}	-0,88 ^{ns}	0,35 ^{**}	-10,35 ^{**}	-10,97 ^{**}	-0,62 ^{ns}
Gerações de RC (G _{RC})	2	2	36,14 ^{ns}	-112,82 ^{ns}	-148,96 ^{ns}	7,98 ^{ns}	-121,68 ^{ns}	179,99 ^{ns}	301,67 ^{ns}
G _{RC1} vs G _{RC2} (C ₁)	1	1	100,53 ^{ns}	-207,18 ^{ns}	-307,71 ^{ns}	14,74 ^{ns}	-191,20 ^{ns}	394,05 ^{ns}	585,26 ^{ns}
G _{RC1} +G _{RC2} vs 2G _{RC3} (C ₂)	1	1	-28,24 ^{ns}	-18,45 ^{ns}	9,79 ^{ns}	1,22 ^{ns}	-52,15 ^{ns}	-34,07 ^{ns}	18,08 ^{ns}
G _{RC} x S	2	2	11,30 ^{ns}	10,53 ^{ns}	-0,78 ^{ns}	-0,06 ^{ns}	11,12 ^{ns}	10,34 ^{ns}	-0,78 ^{ns}
C ₁ x S	1	1	18,08 ^{ns}	19,80 ^{ns}	1,72 ^{ns}	-0,14 ^{ns}	17,75 ^{ns}	19,44 ^{ns}	1,69 ^{ns}
C ₂ x S	1	1	4,53 ^{ns}	1,25 ^{ns}	-3,28 ^{ns}	0,03 ^{ns}	4,49 ^{ns}	1,24 ^{ns}	-3,25 ^{ns}
G _{RC} x E/S	16	12	3,14 ^{ns}	2,21 ^{ns}	-0,94 ^{ns}	0,34 ^{**}	-1,96 ^{ns}	5,31 ^{ns}	7,27 ^{ns}
C ₁ x E/S	8	6	6,19 ^{ns}	8,97 ^{ns}	2,78 ^{ns}	0,28 ^{**}	-1,68 ^{ns}	7,76 ^{ns}	9,44 ^{ns}
C ₂ x E/S	8	6	0,10 ^{ns}	-4,56 ^{ns}	-4,65 ^{ns}	0,39 [*]	-2,24 ^{ns}	2,86 ^{ns}	5,10 ^{ns}
TC x G _{RC}	198	198	4,94 ^{**}	4,43 ^{**}	-0,51 ^{ns}	0,30 ^{**}	6,08 ^{**}	5,83 ^{**}	-0,25 ^{ns}
TC x C ₁	99	99	5,93 [*]	6,78 ^{**}	0,85 ^{ns}	0,36 ^{**}	6,83 ^{**}	7,94 ^{**}	1,11 ^{ns}
TC x C ₂	99	99	3,95 [*]	2,08 ^{ns}	-1,87 ^{ns}	0,25 ^{**}	5,33 ^{**}	3,73 [*]	-1,60 ^{ns}
TC x G _{RC} x S	198	198	-1,13 ^{ns}	-0,77 ^{ns}	0,36 ^{ns}	0,14 ^{**}	-1,18 ^{ns}	-1,44 [*]	-0,26 ^{ns}
TC x C ₁ x S	99	99	-0,71 ^{ns}	-0,14 ^{ns}	0,57 ^{ns}	0,15 ^{**}	-0,58 ^{ns}	-0,89 ^{ns}	-0,31 ^{ns}
TC x C ₂ x S	99	99	-1,55 ^{ns}	-1,40 ^{ns}	0,15 ^{ns}	0,14 ^{**}	-1,77 ^{ns}	-1,99 ^{ns}	-0,22 ^{ns}
TC x G _{RC} x E/S	1.584	1.188	-1,50 ^{**}	-1,44 ^{**}	0,07 ^{ns}	0,12 ^{**}	-1,30 ^{**}	-1,16 ^{**}	0,14 ^{ns}
TC x C ₁ x E/S	792	594	-1,46 ^{**}	-0,96 [*]	0,50 ^{ns}	0,12 ^{**}	-1,37 ^{**}	-0,87 ^{**}	0,50 ^{ns}
TC x C ₂ x E/S	792	594	-1,55 ^{**}	-1,91 ^{**}	-0,37 ^{ns}	0,12 ^{**}	-1,23 ^{**}	-1,44 ^{**}	-0,21 ^{ns}
Epistasia total (Z)	100	100	3,63 ^{ns}	1,87 ^{ns}	-1,76 ^{ns}	0,26 ^{**}	4,76 ^{**}	3,35 ^{ns}	-1,41 ^{ns}
Z x S	100	100	-1,49 ^{ns}	-1,38 ^{ns}	0,11 ^{ns}	0,14 ^{**}	-1,71 ^{ns}	-1,96 ^{ns}	-0,25 ^{ns}
Z x E/S	800	600	-1,53 ^{**}	-1,94 ^{**}	-0,41 ^{ns}	0,12 ^{**}	-1,24 ^{**}	-1,40 ^{**}	-0,16 ^{ns}
Erro efetivo médio	2.610	2.088	-2,80 ^{**}	-3,53 ^{**}	-0,72 ^{**}	0,16 ^{**}	-2,33 ^{**}	-2,74 ^{**}	-0,39 [*]

^{ns}, * e ** não significativo, significativo a 0,05 e 0,01 de probabilidade pelo teste de Pillai adaptado por Silva (2015), respectivamente.

^a GL para produtos médios envolvendo os caracteres de florescimento.

ANEXO CCC. Produtos médios e respectivas significâncias das análises de covariâncias conjuntas para as combinações do caráter posição relativa da espiga (PRE) com os caracteres florescimento masculino (FM), florescimento feminino (FF) e intervalo entre florescimentos (IF), para as combinações do caráter FM com os caracteres FF e IF e para a combinação entre os caracteres FF e IF em testecrosses provenientes do testador L-04-05F (TC₂), entre os grupos de ambientes (EG)

FC	GL	GL ^a	Produtos médios					
			PREFM ^b	PREFF ^b	PREIF ^b	FMFF	FMIF	FFIF
Grupos (S)	1	1	-15.798,15 ^{ns}	-14.660,72 ^{ns}	1.137,43 ^{ns}	2.739,09 ^{ns}	-212,51 ^{ns}	-197,21 ^{ns}
Ambientes/S (E/S)	8	6	1.587,86 ^{ns}	1.192,60 ^{ns}	-395,26 ^{ns}	4.601,96 [*]	-808,43 ^{ns}	-423,88 ^{ns}
Testecrosses (TC)	99	99	7,14 ^{**}	3,70 ^{ns}	-3,44 ^{**}	10,61 ^{**}	-0,92 ^{ns}	1,90 ^{**}
TC x S	99	99	-1,88 ^{**}	-1,49 [*]	0,39 ^{ns}	2,85 ^{**}	-0,48 ^{ns}	1,51 ^{**}
TC x E/S	792	594	-2,11 ^{**}	-2,19 ^{**}	-0,08 ^{ns}	2,57 ^{**}	-0,89 ^{**}	0,96 ^{**}
Gerações de RC (G _{RC})	2	2	-71,85 ^{ns}	118,96 ^{ns}	190,81 ^{ns}	-20,28 ^{ns}	-39,77 ^{ns}	75,07 ^{ns}
G _{RC1} <i>vs</i> G _{RC2} (C ₁)	1	1	-122,24 ^{ns}	251,94 ^{ns}	374,18 ^{ns}	-50,13 ^{ns}	-74,46 ^{ns}	153,45 ^{ns}
G _{RC1} +G _{RC2} <i>vs</i> 2G _{RC3} (C ₂)	1	1	-21,47 ^{ns}	-14,02 ^{ns}	7,44 ^{ns}	9,57 ^{ns}	-5,08 ^{ns}	-3,32 ^{ns}
G _{RC} x S	2	2	-0,37 ^{ns}	-1,00 ^{ns}	-0,63 ^{ns}	1,92 ^{ns}	0,08 ^{ns}	0,16 ^{ns}
C ₁ x S	1	1	-2,19 ^{ns}	-2,40 ^{ns}	-0,21 ^{ns}	3,77 ^{ns}	0,33 ^{ns}	0,36 ^{ns}
C ₂ x S	1	1	1,44 ^{ns}	0,40 ^{ns}	-1,04 ^{ns}	0,06 ^{ns}	-0,17 ^{ns}	-0,05 ^{ns}
G _{RC} x E/S	16	12	-1,39 ^{ns}	2,17 ^{ns}	3,56 [*]	1,70 [*]	-1,49 ^{ns}	1,10 ^{ns}
C ₁ x E/S	8	6	-2,02 ^{ns}	1,61 ^{ns}	3,63 ^{ns}	3,17 ^{ns}	-1,80 ^{ns}	1,09 ^{ns}
C ₂ x E/S	8	6	-0,76 ^{ns}	2,73 ^{ns}	3,49 ^{ns}	0,22 ^{ns}	-1,19 ^{ns}	1,11 ^{ns}
TC x G _{RC}	198	198	1,49 ^{**}	1,45 ^{**}	-0,04 ^{ns}	2,92 ^{**}	-0,62 ^{**}	0,69 ^{**}
TC x C ₁	99	99	1,49 [*]	1,77 [*]	0,28 ^{ns}	3,10 ^{**}	-0,64 ^{**}	0,72 ^{**}
TC x C ₂	99	99	1,50 ^{**}	1,14 [*]	-0,36 ^{ns}	2,74 ^{**}	-0,60 ^{**}	0,67 ^{**}
TC x G _{RC} x S	198	198	-0,30 ^{ns}	-0,55 [*]	-0,25 ^{ns}	1,00 ^{**}	-0,34 ^{**}	0,63 ^{**}
TC x C ₁ x S	99	99	-0,18 ^{ns}	-0,48 ^{ns}	-0,31 ^{ns}	0,89 ^{**}	-0,37 ^{**}	0,55 ^{**}
TC x C ₂ x S	99	99	-0,42 ^{ns}	-0,62 [*]	-0,20 ^{ns}	1,11 ^{**}	-0,31 [*]	0,72 ^{**}
TC x G _{RC} x E/S	1.584	1.188	-0,25 ^{**}	-0,23 ^{**}	0,02 ^{ns}	0,90 ^{**}	-0,47 ^{**}	0,57 ^{**}
TC x C ₁ x E/S	792	594	-0,29 ^{**}	-0,24 [*]	0,05 ^{ns}	0,84 ^{**}	-0,57 ^{**}	0,53 ^{**}
TC x C ₂ x E/S	792	594	-0,22 [*]	-0,22 ^{ns}	-0,01 ^{ns}	0,96 ^{**}	-0,38 ^{**}	0,60 ^{**}
Epistasia total (Z)	100	100	1,27 [*]	0,99 ^{ns}	-0,28 ^{ns}	2,81 ^{**}	-0,65 ^{**}	0,63 ^{**}
Z x S	100	100	-0,40 ^{ns}	-0,61 [*]	-0,21 ^{ns}	1,10 ^{**}	-0,30 [*]	0,71 ^{**}
Z x E/S	800	600	-0,22 [*]	-0,19 ^{ns}	0,03 ^{ns}	0,96 ^{**}	-0,39 ^{**}	0,61 ^{**}
Erro efetivo médio	2.610	2.088	-0,42 ^{**}	-0,45 ^{**}	0,01 ^{ns}	1,12 ^{**}	-0,41 ^{**}	0,62 ^{**}

^{ns}, * e ** não significativo, significativo a 0,05 e 0,01 de probabilidade pelo teste de Pillai adaptado por Silva (2015), respectivamente.

^a GL para produtos médios envolvendo os caracteres de florescimento.

^b Produtos médios multiplicados por 10².

ANEXO DDD. Testecrosses de plantas F₂ com efeitos epistáticos significativos simultaneamente para dois ou mais caracteres para o grupo de ambientes sem estresse hídrico (SE), testecrosses provenientes do testador L-02-03D (TC₁)

Planta F ₂	Caracteres	PG	ACQ	PROL	AP	AE	PRE	FM	FF	IF
48	3			0,14*				-3,25**	-2,63*	
69	3				-14,10*	-15,60**	-0,03*			
97	3	-2,33*		-0,19**			-0,04*			
110	3				13,80*			-2,25*	-2,25*	
1	2				18,40**	11,60*				
13	2	3,13**		0,32**						
16	2			0,16*		13,30*				
17	2					12,30*			2,13*	
21	2				-16,00*		0,04*			
49	2	1,96*		0,17*						
60	2							-2,50*	-2,13*	
64	2	-2,50**				-12,20*				
79	2	-2,07*							-2,88**	

* e ** significativo a 0,05 e 0,01 de probabilidade pelo teste *t*, respectivamente.

PG, ACQ, PROL, AP, AE, PRE, FM, FF e IF referem-se aos caracteres produção de grãos (t ha⁻¹), acamamento e quebramento de plantas (%), prolificidade (esp pl⁻¹), altura da planta (cm), altura da espiga (cm), posição relativa da espiga, florescimento masculino (dias), florescimento feminino (dias) e intervalo entre florescimentos (dias), respectivamente.

ANEXO EEE. Testecrosses de plantas F₂ com efeitos epistáticos significativos simultaneamente para dois ou mais caracteres para o grupo de ambientes com estresse hídrico (CE), testecrosses provenientes do testador L-02-03D (TC₁)

Planta F ₂	Caracteres	PG	ACQ	PROL	AP	AE	PRE	FM	FF	IF
59	3	-1,80*			-17,60*	-12,00*				
93	3				15,90*	15,10*	0,04*			
5	2					-13,80*	-0,05*			
29	2				19,90**	14,40*				
44	2	1,83*		0,19*						
78	2	-1,92*		-0,23**						
87	2				20,00*		-0,04*			

* e ** significativo a 0,05 e 0,01 de probabilidade pelo teste *t*, respectivamente.

PG, ACQ, PROL, AP, AE, PRE, FM, FF e IF referem-se aos caracteres produção de grãos (t ha⁻¹), acamamento e quebramento de plantas (%), prolificidade (esp pl⁻¹), altura da planta (cm), altura da espiga (cm), posição relativa da espiga, florescimento masculino (dias), florescimento feminino (dias) e intervalo entre florescimentos (dias), respectivamente.

ANEXO FFF. Testecrosses de plantas F₂ com efeitos epistáticos significativos simultaneamente para dois ou mais caracteres para o grupo de ambientes sem estresse hídrico (SE), testecrosses provenientes do testador L-04-05F (TC₂)

Planta F ₂	Caracteres	PG	ACQ	PROL	AP	AE	PRE	FM	FF	IF
37	4	-1,78*			-17,30*	-15,50**		-2,75**		
76	4	1,73*			18,70**	25,40**	0,06**			
100	4	1,97*		0,22**				-2,13*	-2,63*	
40	3					19,90**	0,06**	-2,88**		
48	3			0,16*	14,80*				-3,50**	
70	3	1,95*						-2,38*	-3,63**	
98	3				18,00**	19,10**	0,04*			
11	2				-15,10*	-14,00*				
19	2							3,38*	2,25*	
34	2				-16,60*	-16,80**				
45	2	3,11**		0,41**						
49	2					-14,80**	-0,05**			
60	2					14,50*	0,05**			
69	2				-13,90*	-14,80*				
82	2	2,25**		0,18*						
88	2			-0,16*				2,25*		
90	2						0,04*	2,38*		
93	2				16,30*	15,00*				
103	2					12,60*	0,04*			
104	2			0,18*	15,30*					

* e ** significativo a 0,05 e 0,01 de probabilidade pelo teste *t*, respectivamente.

PG, ACQ, PROL, AP, AE, PRE, FM, FF e IF referem-se aos caracteres produção de grãos (t ha⁻¹), acamamento e quebramento de plantas (%), prolificidade (esp pl⁻¹), altura da planta (cm), altura da espiga (cm), posição relativa da espiga, florescimento masculino (dias), florescimento feminino (dias) e intervalo entre florescimentos (dias), respectivamente.

ANEXO GGG. Testecrosses de plantas F₂ com efeitos epistáticos significativos simultaneamente para dois ou mais caracteres para o grupo de ambientes com estresse hídrico (CE), testecrosses provenientes do testador L-04-05F (TC₂)

Planta F ₂	Caracteres	PG	ACQ	PROL	AP	AE	PRE	FM	FF	IF
45	3	1,50*		0,38**				-2,38*		
6	2							2,25*	3,13**	
8	2			0,18*					-2,50*	
10	2	-1,58*							2,88*	
23	2							-3,50**	-4,38**	
49	2			0,19*					-3,13*	
69	2			0,19*					-3,00*	
74	2							-3,25*	-4,38**	
78	2	2,36**		0,22**						
91	2	-1,73*							2,75*	
97	2			0,27**				-2,87**		
104	2	1,79**							-2,50*	

* e ** significativo a 0,05 e 0,01 de probabilidade pelo teste *t*, respectivamente.

PG, ACQ, PROL, AP, AE, PRE, FM, FF e IF referem-se aos caracteres produção de grãos (t ha⁻¹), acamamento e quebramento de plantas (%), prolificidade (esp pl⁻¹), altura da planta (cm), altura da espiga (cm), posição relativa da espiga, florescimento masculino (dias), florescimento feminino (dias) e intervalo entre florescimentos (dias), respectivamente.