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

**Mapeamento de QTLs em testecrosses de milho com diferentes testadores e
níveis de acidez do solo**

Mateus Figueiredo Santos

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

**Piracicaba
2008**

Mateus Figueiredo Santos
Engenheiro Agrônomo

Mapeamento de QTLs em testecrosses de milho com diferentes testadores e níveis de acidez do solo

Orientador:
Prof. Dr. CLÁUDIO LOPES DE SOUZA JÚNIOR

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

Piracicaba
2008

Dados Internacionais de Catalogação na Publicação (CIP)
DIVISÃO DE BIBLIOTECA E DOCUMENTAÇÃO - ESALQ/USP

Santos, Mateus Figueiredo

Mapeamento de QTLs em testecrosses de milho com diferentes testadores e níveis de acidez do solo / Mateus Figueiredo Santos - - Piracicaba, 2008.
167 p.

Tese (Doutorado) - - Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, 2008.
Bibliografia.

1. Acidez do solo 2. Genética molecular vegetal 3. Mapeamento genético 4. Marcador molecular 5. Melhoramento genético vegetal 6. Milho I. Título

CDD 633.15

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

Aos meus pais, Sinvaldo e Marli,
pelo amor, exemplo de luta e perseverança
que servem como estímulo para as minhas conquistas.

E aos meus irmãos, Adriana, Júnior, Cinara e Marcelo
pelo nosso convívio fraterno

Dedico

Agradecimentos

À Deus por tudo;

Aos meus familiares e amigos que sempre acreditaram em mim e me deram muito apoio em todos os momentos;

À Universidade de São Paulo e à ESALQ por todas as oportunidades oferecidas na minha graduação e pós-graduação;

Ao CNPq e CAPES pelas bolsas de estudo;

Ao Prof. Cláudio Lopes de Souza Júnior por orientar minha formação científica, pelo admirável comprometimento com a formação de recursos humanos em melhoramento de plantas e, principalmente, pela amizade construída nos quase 10 anos de convivência.

A todos os professores e funcionários do Departamento de Genética pelos ensinamentos durante a minha graduação e pós-graduação.

Em especial ao Prof. José Branco de Miranda Filho pela grande contribuição para o avanço do melhoramento de milho e pela amizade.

À Prof. Anete Pereira de Souza pela parceria com o nosso laboratório, fato esse imprescindível para o desenvolvimento desta tese.

Aos componentes da banca desta tese, pela aceitação em participar da defesa.

Ao amigo Ariberto Soares pela dedicação e amor pelo seu trabalho e, principalmente, pela nossa amizade.

Aos amigos Almir, Juscelino e Márcio pela importante contribuição nos experimentos em nosso laboratório.

Aos colegas do passado e atuais do Laboratório de Melhoramento de Milho pela amizade e pelo apoio em todas as etapas do desenvolvimento desta tese: Adelmo Silva, Rogério Pinto, Aurélio Aguiar, Luciana Carlini, Ubirajara Moreira, Dyeme Bento, Milena Lima, Geovani Alves, Tassiano Câmara, Gustavo Moro, Pedro Belicuas, Sidney Parenttoni, Sanzio Barrios, Emiliano Costa, Vitor Barbieri, Roberto Fritsche, Diego Velasquez.

A todos os amigos do Departamento de Genética, colegas pós-graduandos, funcionários, professores pelo nosso convívio amistoso. Quero agradecer em especial aos jogadores do Perna Futebol Clube e aos nossos fiéis torcedores, Luciana, Augusto, Seu Ari. Esse clube reuniu

peessoas não somente comprometidas em se praticar esse esporte, mas que souberam valorizar a amizade entre os pós-graduandos, funcionários e amigos do Departamento de Genética.

Aos amigos da Biblioteca Central, em especial a duas pessoas muito queridas, seu João e Dona Conceição.

É quase impossível agradecer a todas as pessoas que contribuíram para que eu chegasse até aqui. Quero agradecer a todas as pessoas que para mim confiaram suas amizades, passaram o seu precioso tempo comigo em diversas situações do cotidiano ESALQUEANO e PIRACICABANO. Não posso deixar de agradecer a alguns amigos especiais, como os da República LESMA LERDA, esse lar que me acolheu desde o primeiro dia em Piracicaba, agradeço por tudo pelo que passamos juntos, hoje considero todos que lá estiveram como amigos fraternos.

Aos amigos José Lavres, Gildemberg Amorim, Cláudio Kedhi, João de Deus, Suzana, Luís Fernando, Jorge Portela, Débora Rother e Ângela pelo companheirismo em todas as horas.

Às pessoas da minha terra natal Almenara no “Vale do Jequitinhonha” de Minas Gerais. Com elas aprendi a humildade, o companheirismo, a lutar dia após dia pela sobrevivência sempre com a cabeça erguida e com muita fibra. Espero um dia contribuir para o desenvolvimento desta região tão sofrida e de gente tão boa;

Enfim, a todos aqueles que direta ou indiretamente contribuíram para que eu chegasse até aqui.

SUMÁRIO

RESUMO	8
ABSTRACT	9
1 INTRODUÇÃO.....	10
2 DESENVOLVIMENTO.....	12
2.1 Revisão Bibliográfica	12
2.1.1 Acidez do solo e melhoramento de milho	12
2.1.2 Mapeamento de QTLs em milho e melhoramento	16
2.1.3 Mapeamento de QTLs em milho em ambientes ácidos (Solução Nutritiva e Solos).....	24
2.1.4 Interação QTL x ambiente e melhoramento	25
2.2 Material e Métodos	30
2.2.1 Material genético	30
2.2.2 Extração do DNA e genotipagem	32
2.2.3 Mapa genético.....	32
2.2.4 Áreas experimentais	33
2.2.5 Delineamentos e condução experimental	34
2.2.6 Caracteres avaliados e analisados.....	35
2.2.7 Análises estatístico-genéticas	36
2.2.8 Parâmetros genéticos	40
2.2.8.1 Estimativas de variâncias, coeficientes de herdabilidade, respostas à seleção e médias esperadas com a seleção	40
2.2.8.2 Análises de correlações entre testecrosses.....	42
2.2.9 Mapeamento de QTLs	45
2.2.9.1 Análise da interação QTLs x ambientes	48
2.2.9.2 Obtenção dos limites críticos “Threshold”	49
2.2.9.3 Efeitos médios de substituição alélica e identificação da origem dos alelos.....	50
2.2.9.4 Proporção da variação explicada pelos QTLs	52
2.2.9.5 Coincidência de QTLs mapeados nos diferentes testecrosses.....	53
2.3 Resultados e Discussão.....	54

2.3.1 Mapa genético.....	54
2.3.2 Análises de variância.....	55
2.3.2.1 Linhagens	55
2.3.2.2 Testecrosses	57
2.3.3 Parâmetros Genéticos	61
2.3.3.1 Médias	61
2.3.3.2 Estimativas de variâncias.....	63
2.3.3.3 Estimativas dos coeficientes de herdabilidade, respostas à seleção e médias esperadas com a seleção.....	66
2.3.3.4 Estimativas dos coeficientes de correlações.....	69
2.3.4 Mapeamento de QTLs	72
2.3.4.1 Produção de grãos.....	72
2.3.4.2 Acamamento e quebramento de plantas	75
2.3.4.3 Prolificidade	77
2.3.4.4 Caracteres de estatura da planta.....	79
2.3.4.5 Caracteres de florescimento.....	81
2.3.5 Considerações gerais	83
3 CONCLUSÕES	87
REFERÊNCIAS	88
ANEXOS	100

RESUMO

Mapeamento de QTLs em testecrosses de milho com diferentes testadores e níveis de acidez do solo

Nas regiões tropicais os solos apresentam diferentes níveis de acidez. Assim, o estudo da herança dos caracteres de importância econômica no milho nas regiões tropicais é necessário para se delinear os programas de melhoramento para os diferentes níveis de acidez do solo. Atualmente, o estudo da arquitetura dos caracteres quantitativos tem sido realizado através do mapeamento de QTLs. Nos programas de melhoramento de milho, linhagens de populações de melhoramento são cruzadas com linhagens elites (testadores) e os testecrosses são utilizados para avaliar o potencial genético de cada linhagem para o desenvolvimento de híbridos. O objetivo deste estudo foi mapear QTLs em testecrosses avaliados sob diferentes níveis de acidez do solo. Duzentas e cinquenta e seis plantas F_2 , obtidas do cruzamento das linhagens L 14-04B e L 08-05F, foram genotipadas com marcadores microsatélites para a construção de um mapa genético. As 256 plantas F_2 foram autofecundadas e suas respectivas progênies $F_{2,3}$ foram cruzadas com os testadores L 04-05F e L 02-03D. Os testecrosses foram avaliados em três tipos de solos: solo não ácido (SNA), solo de moderada acidez (SMA) e solo de alta acidez (SAA) em três anos agrícolas em Piracicaba, SP, em látices simples 16 x 16. Foram avaliados os caracteres: produção de grãos (PG), acamamento e quebramento de plantas (ACQ), prolificidade (PROL), alturas de planta (AP) e de espiga (AE), posição relativa de espiga (PRE), florescimento masculino (FM) e feminino (FF) e intervalo entre florescimentos (IF). O método de mapeamento por intervalo composto expandido para múltiplos ambientes foi utilizado para o mapeamento de QTLs e para detectar a interação QTL x acidez do solo. O número de QTLs mapeados diferiu de acordo com o testador utilizado; por exemplo, para PG foram mapeados 20 e 39 QTLs nos testecrosses da linhagem L 04-05F (TC1) e nos testecrosses da linhagem L 02-03D (TC2), respectivamente. Houve uma grande variação nas variâncias fenotípicas explicadas pelos QTLs; por exemplo, para PG houve uma variação de 0,01% a 5,29% e para AP houve uma variação de 0,01% a 13,54%. Foram mapeados QTLs em todos os cromossomos para a PG, ACQ e PROL; e para os outros caracteres foram mapeados QTLs na maioria dos cromossomos. A maioria dos QTLs mapeados para todos os caracteres interagiu com a acidez do solo. Por exemplo, para PG cerca de 80,00% dos QTLs mapeados apresentaram interação com a acidez do solo, enquanto que para os outros caracteres a porcentagem de QTLs que interagiu com a acidez do solo variou de 50,00% para FM a 93,03% para ACQ. O grande número de QTLs que interagiu com a acidez do solo é um sério desafio para a aplicação da seleção assistida por marcadores moleculares em programas de melhoramento de milho em regiões tropicais.

Palavras chave: *Zea mays*; Marcadores moleculares; Interação QTL x acidez do solo; Arquitetura genética

ABSTRACT

Mapping QTLs in maize testcrosses with different testers and soil acidity levels

In tropical maize cropping areas the soils present different levels of acidity. Thus, to study the inheritance of maize traits for these areas it is necessary to conduct experiments under different levels of soil acidity. Nowadays the architecture of the polygenic traits has been assessed by means of QTL mapping. Also, in applied breeding programs, experimental lines are crossed to elite lines (testers), and the testcrosses are used to assess their genetic potential for hybrid development. The objective of this research was to map QTLs in testcrosses evaluated under three levels of soil acidity. Two hundred and fifty six F_2 plants, developed from the cross between the inbreds lines L14-04B and L08-05F, were genotyped with microsatellite markers to construct a genetic map. The 256 F_2 plants were selfed and their respective $F_{2:3}$ progenies were testcrossed to the testers L04-05F and L02-03D, and these testcrosses were evaluated in three types of soils: non-acid soil (NAS), moderate acidity soil (MAS) and high acidity soil (HAS) in three cropping seasons in Piracicaba, SP, in 16 x 16 simple lattices. The traits recorded were: grain yield (GY), plant lodging (PL), prolificacy (PRO), plant (PH) and ear heights (EH), ear placement (EP), days to anthesis (DA), days to silking (DS), and anthesis-silking interval (ASI). The composite interval mapping extended to multiple environment was used to map QTLs and to detect QTL x soil interaction. The number of QTLs mapped was different for each tester; for instance, for GY, 20 and 39 QTLs were mapped in the testcrosses with L04-05F and L02-03D, respectively. The range of the phenotypic variance explained by the QTLs was very large for all traits; for instance for GY the range was from 0.01% to 5.29% and for plant height it was from 0.01% to 13.54%. QTLs were mapped in all chromosomes for GY, PL, and PRO; and for the other traits QTLs were mapped in almost all chromosomes. Most of the QTLs mapped for all traits interacted significantly with soil acidity. For instance, for GY about 80.00% of the QTLs mapped interacted with soil acidity, whereas for the other traits the percentage of the QTLs that interacted with soil acidity ranged from 50.00% for DS to 93.03% to PL. The high number of the QTLs that interacted with soil acidity imposes a serious challenge for marker assisted selection in maize breeding programs for tropical regions.

Key words: *Zea mays*; Molecular markers; QTL x soil acidity interaction; Genetic architecture

1 INTRODUÇÃO

Nas regiões tropicais existe uma grande variação de solos quanto à acidez (ESWARAN et al., 1997). Solos com $\text{pH} < 5,5$ são considerados ácidos e, geralmente, apresentam uma alta concentração de alumínio tóxico (Al^{3+}) e baixa disponibilidade de nutrientes (Ca, Mg, P, K, Mo) para as plantas. O alumínio tóxico reduz o sistema radicular das plantas, diminuindo a eficiência de absorção de água e nutrientes que, aliada à baixa disponibilidade de nutrientes, causa significativas perdas na produtividade de diversas culturas agrícolas. A produção de milho é realizada em mais de 8 milhões de hectares em solos ácidos no mundo (CEBALLOS et al., 1998) e com o aumento da demanda mundial por esse cereal essa área de cultivo deve aumentar, principalmente no cerrado brasileiro e nas savanas da África.

A produção de cultivares tolerantes à acidez do solo através do melhoramento genético é uma das principais alternativas para o aumento da produção de milho nas regiões tropicais (PANDEY et al., 2007). Nos programas de melhoramento os principais caracteres são quantitativos, os quais são controlados por muitos genes cada um com uma pequena contribuição na variação do caráter e elevada interação com ambientes (FALCONER; MACKAY, 1996). Para o melhor delineamento dos programas de melhoramento nas regiões tropicais, é necessário o estudo da herança desses caracteres em solos com diferentes níveis de acidez.

O estudo da herança dos caracteres quantitativos tem sido realizada utilizando-se o mapeamento de QTLs. O mapeamento de QTLs consiste na estimativa do número, posição no genoma, efeitos genéticos, interações QTL x ambientes e QTL x QTL (epistasia) dos locos que controlam os caracteres quantitativos (DOERGE, 2002). A principal utilização do mapeamento de QTLs no melhoramento é na seleção assistida por marcadores moleculares (SAM), sendo que a SAM tem apresentado tanto sucessos (STUBER; SISCO, 1991; TANKSLEY et al., 1996) quanto insucesso (MOREAU; CHARCOSSET; GALLAIS, 2004). Uma das principais causas desse insucesso é a elevada interação QTL x ambiente e, portanto, um estudo prévio da interação QTL x ambiente pode propiciar uma maior eficiência da aplicação da SAM.

Nos programas de melhoramento de milho, que têm por objetivo explorar a heterose, as linhagens obtidas de populações, tais como F_2 , retrocruzamentos e RILs, são cruzadas com testadores elites e os cruzamentos ou testecrosses são avaliados para a seleção das linhagens com

maiores capacidades de combinação para a produção de híbridos (HALLAUER, 1990). Normalmente, dois ou mais testadores são utilizados com o objetivo de selecionar linhagens com elevada concentração de alelos favoráveis em cruzamentos com vários testadores.

Devido a grande variação na acidez dos solos em regiões tropicais, a herança dos caracteres quantitativos deve ser estudada para o melhor delineamento da SAM nessas regiões. Entretanto, poucos estudos têm sido realizados para esse fim, limitando a utilização da SAM no melhoramento do milho para solos ácidos e não ácidos. Diante disso, os objetivos principais deste estudo foram: (i) mapear QTLs em testecrosses de milho com dois testadores distintos para diversos caracteres quantitativos em solos não ácido, de moderada acidez e de alta acidez (ii) avaliar o efeito da acidez do solo no mapeamento de QTLs nos diferentes testecrosses (iii) e comparar os QTLs mapeados nos diferentes testecrosses e nos diferentes níveis de acidez do solo.

2 DESENVOLVIMENTO

2.1 Revisão Bibliográfica

2.1.1 Acidez do solo e melhoramento de milho

Os solos ácidos ($\text{pH} \leq 5,5$) utilizados na agricultura geralmente possuem uma alta saturação por alumínio (Al^{3+}) e manganês (Mn^{2+}) e baixa disponibilidade de nutrientes (Ca^{2+} , Mg^{2+} , K^+ , PO_4^{3-}) (MALAVOLTA, 2006). Em relação à acidez, os solos são classificados como de baixa acidez ($\text{pH} 5,5-5,6$), moderada acidez ($\text{pH} 4,5-5,5$), alta acidez ($\text{pH} 3,5-4,5$) e extrema acidez ($\text{pH} < 3,5$). Os solos ácidos correspondem a 25,90% do território global e representam 66,09% dos solos do sub-continente Sul-Americano, 31,23% do sub-continente Norte-Americano, 28,74% do continente Africano, 19,69% do continente Asiático e 42,77% do continente Europeu (ESWARAN et al., 1997). A maior parte dos solos ácidos nesses continentes são de alta e moderada acidez e sua maior concentração ocorre nas regiões tropicais (VON UEXKÜLL; MUTERT, 1995). Por exemplo, no sub-continente Sul americano, 20,41% e 24,82% da área é composta por solos de alta e moderada acidez, respectivamente. No Cerrado Brasileiro, cerca de 205 milhões de hectares de solo agricultável é composto em sua maior parte por solos ácidos (BAHIA FILHO et al., 1997).

Aproximadamente 20% da produção de milho no mundo advém de solos ácidos, a qual é significativamente limitada pela toxidez por alumínio e deficiência de nutrientes, principalmente fósforo (KOCHIAN; HOEKENGA; PIÑEROS, 2004). Quando o pH do solo é inferior a 5,0, o alumínio é solubilizado na solução do solo em Al^{3+} tóxico à planta, o que reduz o volume e a profundidade do sistema radicular, limitando a absorção de água e nutrientes. A toxidez de alumínio tem sido considerada o principal fator de adaptação aos solos ácidos (MARSCHNER, 1991). O alumínio reage com os íons PO_4^{3-} produzindo fosfato de alumínio [$\text{Al}(\text{OH})_2\text{H}_2\text{PO}_4$] indisponibilizando o fósforo para as plantas. Assim, mesmo realizando-se adubação fosfatada, a eficiência da absorção do fósforo adicionado ao solo será reduzida em solos com alta saturação por alumínio (RAO et al., 1993).

As principais estratégias para aumentar a produtividade das culturas nos solos ácidos são a utilização de cultivares tolerantes produzidos pelo melhoramento genético e a correção da acidez

por meio da calagem (CaCO_2). O melhoramento genético apresenta um menor custo para o produtor e é mais eficiente na exploração das camadas sub-superficiais do solo pela utilização de cultivares tolerantes ao alumínio tóxico. A correção da acidez tem sido muito utilizada, porém a relação custo-benefício e a ineficiência de correção das camadas sub-superficiais a torna apenas uma solução parcial. O melhoramento de plantas e a correção do solo devem ser utilizados conjuntamente, sendo que cultivares tolerantes ao alumínio tóxico e mais eficientes na absorção de nutrientes nas camadas sub-superficiais podem permitir uma maior eficiência na produção agrícola nos solos ácidos (PANDEY et al., 2007).

O melhoramento de milho para produção de cultivares tolerantes a solos ácidos tem sido conduzido por diversas instituições no mundo, com destaque para o Centro Internacional de Mejoramiento de Maíz y Trigo (CIMMYT) no México (PANDEY et al., 2007) e, no Brasil, pela Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária – Embrapa Milho e Sorgo, Sete Lagoas - (PARENTONI et al., 2001). O programa de melhoramento para solos ácidos em ambas as instituições iniciou-se nos anos 70 do século passado e diversos cultivares foram disponibilizados no mercado, tais como o sintético CMS 36 e os híbridos BR201, BRS 1010 e BRS 1030 na Embrapa e os sintéticos SA-3 e SA-4 desenvolvidos no CIMMYT.

Nos programas de melhoramento de milho para solos ácidos uma fase importante é o “*screening*” dos genótipos tolerantes e suscetíveis à acidez do solo. Os genótipos podem ser avaliados para tolerância tanto em condições de campo como em condições controladas utilizando-se soluções nutritivas (URREA-GÓMEZ et al., 1996; PATERNIANI; FURLANI, 2002). Segundo Parentoni et al. (2001), correlações entre a performance do genótipo tolerante em solução nutritiva com alumínio e em condições de solo ácido tem variado de médias a baixas, e isto se deve ao fato de que, a toxidez de alumínio não é o único fator responsável pela menor produção verificada em solos ácidos, que depende de outras características como pH e disponibilidade de nutrientes. Assim, nos programas de melhoramento o “*screening*” dos genótipos tolerantes em condições de campo tem sido a forma mais utilizada, visto que o genótipo será selecionado para tolerância ao complexo da acidez, ou seja, aos diversos elementos tóxicos e eficiência na absorção dos nutrientes (PANDEY et al., 2007).

O principal parâmetro químico do solo para se avaliar a tolerância do milho à acidez é a saturação por alumínio (BAHIA FILHO et al., 1997) e o principal caráter para se avaliar a resposta ao estresse pela acidez é a produção de grãos (PANDEY et al., 2007). O milho é

considerado uma cultura de moderada tolerância ao alumínio tóxico (Al^{3+}) e níveis de saturação abaixo de 30% não afetam as performances dos caracteres da planta de forma acentuada. Pandey et al. (2007) relataram que nas pesquisas realizadas no CIMMYT níveis de saturação por alumínio variando de 45% a 65% e níveis de concentração de fósforo variando entre 5 mg kg^{-1} e 10 mg kg^{-1} são normalmente utilizados para a avaliação da tolerância do milho ao estresse pela acidez do solo.

Nas plantas de milho os principais sintomas de toxidez por alumínio (Al^{3+}) ocorrem nas raízes, que apresentam-se curtas, grossas e com pontas escuras, o que limita o volume do solo explorado, afetando negativamente a absorção de nutrientes e água, e conseqüentemente, na performance das plantas (MALAVOLTA, 2006).

Segundo Marschner (1991), os principais mecanismos de tolerância das plantas à acidez do solo são aqueles de exclusão e de tolerância interna. As estratégias de exclusão do estresse ocorrem pela alteração na rizosfera através do aumento do pH, liberação de substâncias que quelatam o alumínio, como ácidos orgânicos, e aumento da superfície das raízes por micorrizas para aumento da eficiência na absorção de fósforo. A tolerância interna ocorre pela menor demanda interna de nutrientes, redistribuição de nutrientes na planta e tolerância dos tecidos a elementos tóxicos como o alumínio. As estratégias de exclusão tem sido o mecanismo mais importante para a tolerância das plantas à acidez do solo.

Diversos trabalhos tem sido conduzidos para estudar a herança genética dos caracteres relacionados à tolerância à acidez do solo. Duque-Vargas et al. (1994), utilizando 256 progênies de irmãos germanos da população SA-3, reportaram que a magnitude da variância aditiva foi similar à variância dominante para produção de grãos; maior para os caracteres altura de planta e de espiga; e menor para florescimento feminino em solos ácidos. Assim, os autores sugeriram que a seleção recorrente, que aumenta a frequência dos alelos favoráveis nas populações, poderia ser efetiva para o aumento da frequência de alelos favoráveis para a tolerância à acidez do solo.

Borrero et al. (1995) estudaram a importância da variância aditiva e dominante e suas interações com os níveis de acidez do solo para 160 progênies S_1 em quatro populações de milho e mostraram que a variância aditiva foi inferior à variância de dominância para produção de grãos e florescimento feminino, e superior para altura de planta e de espiga em condições de solos ácidos. Os autores sugeriram que a seleção recorrente recíproca poderia ser efetiva para aumentar a produção de grãos em solos ácidos, pois essa explora de forma eficiente os efeitos não aditivos

nos cruzamento entre populações. Além disso, os autores mostraram que a correlação genética para produção de grãos avaliada nos solos ácidos e não ácidos foi baixa e positiva, sugerindo que a resposta correlacionada à seleção para diversos níveis de acidez pode ser alcançada.

Ceballos et al. (1998) estudaram os efeitos aditivos, dominantes e epistáticos para produção de grãos em milho utilizando linhagens tolerantes e suscetíveis e concluíram que a epistasia não foi importante para o controle da produção de grãos em solos não ácidos sendo que a variância de dominância foi responsável por 87,76% da variação total. Em solos ácidos, o efeito da epistasia foi importante, explicando de 15,00% a 27,00% da variação do caráter, mas ainda inferiores aos efeitos de dominância.

Velásquez (2000) utilizou oito linhagens, seus F_{1s} , F_{2s} e retrocruzamentos para estimar os efeitos genéticos aditivos, de dominância e epistáticos em milho em solos ácidos e não ácidos. Os efeitos de dominância foram superiores para produção de grãos e dias para florescimento feminino em ambos os solos. Para prolificidade, os efeitos de dominância somente foram importantes em solos ácidos. Os efeitos epistáticos foram superiores para altura de planta e de espiga em relação aos outros caracteres.

Welcker et al. (2005) avaliaram a heterose e capacidade de combinação para adaptação a solos ácidos utilizando seis populações tolerantes e cinco suscetíveis à acidez do solo para a produção de grãos. A acidez do solo reduziu a produção de grãos entre 46,00% e 73,00%. A heterose foi superior em solos ácidos (32,00%) em relação aos solos não ácidos (20,00%), sugerindo que cruzamentos interpopulacionais poderiam aumentar a produção de grãos em solos ácidos. Além disso, a alta proporção da capacidade geral de combinação na variação dos cruzamentos sugere que a seleção de parentais para os cruzamentos poderia ser realizada com base na performance *per se* das populações em solos ácidos.

Navas; Hallauer; Pandey (2008) relataram uma redução nos coeficientes de herdabilidades nos solos ácidos em relação aos solos não ácidos cerca de 2,0, 3,0, 3,0, 2,0, 2,0, 4,0 e 5,0 vezes para produção de grãos, florescimento masculino e feminino, intervalo entre florescimento masculino e feminino, prolificidade, altura de planta e de espiga, respectivamente, indicando que grande partes dos caracteres importantes no melhoramento de milho sofrem uma elevada redução nos coeficientes de herdabilidade em solos ácidos.

Alguns estudos mostraram a eficiência da seleção para aumento da produção de grãos em solos ácidos. Granados et al. (1993) avaliaram 14 ciclos de seleção pelo método espiga por fileira

modificada e dois ciclos de seleção recorrente intrapopulacional utilizando irmãos germanos na população SA-3. Para produção de grãos, houve um aumento de 1,99% pelo método espiga por fileira modificada e 13,96% pela seleção de irmãos germanos, respectivamente. Ceballos et al. (1995) avaliaram dois ciclos de seleção recorrente intrapopulacional utilizando irmãos germanos nas populações SA-4, SA-5, SA-6 e SA-7. Em média houve um ganho de 4,90% por ciclo seletivo para produção de grãos em solos ácidos.

2.1.2 Mapeamento de QTLs em milho e melhoramento

Os caracteres quantitativos são controlados por muitos genes no genoma das plantas e apresentam uma elevada interação com ambientes. A descoberta dos marcadores moleculares abundantes no genoma dos organismos (RFLPs, AFLPs, microssatélites, SNPs) aliada ao avanço dos modelos genéticos-estatísticos permitiu estudar individualmente os locos que controlam os caracteres quantitativos - QTLs (DOERGE, 2002). O mapeamento de QTLs consiste em estimar o número, posição no genoma, efeitos genéticos, QTLs pleiotrópicos e interações QTL x QTL (epistasia) e QTLs x ambientes (LYNCH; WALSH, 1998). No melhoramento genético, o objetivo do mapeamento de QTLs é estudar a arquitetura genética dos caracteres de importância econômica para uma posterior aplicação na seleção assistida por marcadores moleculares.

Diversos trabalhos de mapeamento de QTLs tanto em espécies alógamas, como milho, quanto em espécies autógamas, como arroz e soja, têm sido realizados em populações segregantes do tipo F_2 , retrocruzamentos e linhagens endogâmicas recombinantes (RILs) (LYNCH; WALSH, 1998). Esses delineamentos genéticos e o emprego de modelos estatísticos cada vez mais elaborados (ZENG, 1994; JANSEN; STAM, 1994; JIANG; ZENG, 1995; KAO; ZENG; TEASDALE, 1999) têm permitido um estudo completo da herança dos caracteres quantitativos. Diversos caracteres, como produção de grãos e seus componentes, caracteres morfológicos da planta e relacionados ao florescimento foram caracterizados pelo estudo do número de QTLs que os controlam, efeitos na variação, grau de dominância, interação com ambientes e epistasia (LU; ROMERO-SEVERSON; BERNARDO, 2003; SIBOV et al., 2003; MIHALJEVIC; UTZ; MELCHINGER, 2005; LIMA et al., 2006). Estudos como estes são fundamentais para o conhecimento da arquitetura genética dos caracteres, no entando

dependendo da espécie considerada, as informações obtidas podem não ser diretamente aplicáveis ao melhoramento.

No melhoramento de milho, no qual busca-se explorar a heterose em cruzamentos, os QTLs mapeados em populações *per se* (F_2 , Retrocruzamentos e RILs) são pouco relacionados àqueles mapeados em cruzamentos dessas populações com testadores (testecrosses). Diversos trabalhos têm sido realizados para avaliar a coincidência dos QTLs mapeados em populações e seus testecrosses e os resultados indicaram que, para caracteres de herança complexa como produção de grãos, há uma baixa coincidência dos QTLs (BEAVIS et al., 1994; GROH et al., 1998; KERNS et al., 1999; AUSTIN et al., 2000; AUSTIN et al., 2001; MIHALJEVIC et al., 2005). Portanto, o mapeamento de QTLs deve ser realizado em testecrosses ao invés de populações, pois os QTLs mapeados nos testecrosses podem ser utilizados diretamente nos programas de melhoramento de milho.

Os testecrosses a serem utilizados no mapeamento de QTLs podem ser obtidos em qualquer fase do processo de avanço de endogamia nas plantas de uma população, ou seja, desde plantas F_2 até linhagens endogâmicas recombinantes (RILs) (COWEN, 1988). Nos programas de melhoramento, o descarte inicial de linhagens com baixa capacidade combinatória é desejável, pois os recursos dos programas de melhoramento podem ser melhor alocados nas linhagens mais promissoras (BERNARDO, 1991). Desse ponto de vista, a utilização de progênies $F_{2;3}$, originadas da autofecundação de plantas F_2 é desejável para a obtenção de testecrosses para o mapeamento de QTLs no caso do descarte precoce (STROMBERG; DUDLEY; RUFENER II, 1994; EATHINGTON; DUDLEY; RUFENER II, 1997; KNAPP, 1998; RAGOT; LEE, 2007).

A magnitude da variância genética dos testecrosses é um fator determinante no mapeamento de QTLs (SCHÖN, 1994). Rawlings; Thompson (1962) sugeriram que a variância genética de testecrosses pode ser maximizada de acordo com o testador utilizado. Considerando apenas um loco, dos diversos que controlam um caráter quantitativo, a expressão da contribuição desse loco para a variância genética de testecrosses é: $(1/2)pq(1 + F_g)(\alpha_T)^2$ em que $p = q = 1/2$ e $F_g=0$ no caso de testecrosses obtidos de uma população F_2 ; α_T refere-se ao efeito médio de substituição alélica do testador. A expressão do α_T é: $[a + d(s - r)]$, em que a refere-se ao efeito aditivo, d ao efeito de dominância, s à frequência do alelo desfavorável no testador e r é a frequência do alelo favorável no testador para o loco que controla o caráter (MIRANDA FILHO; VENCOSKY, 2001); se o testador for uma linhagem endogâmica essas frequências podem ser

$s = 0$ e $r = 1$ ou $s = 1$ e $r = 0$. Então, para maximizar a variância genética de testecrosses a população deve apresentar um grande número de locos com frequências $p = q = 1/2$, que é obtida utilizando parentais contrastantes para um caráter; na ausência de dominância ($d = 0$) o α_T depende apenas do efeito do a , e apenas a divergência genética da população afeta a variância genética de testecrosses; na presença de dominância ($d > 0$) o α_T é maximizado se o testador possuir $s = 1$ e $r = 0$, ou seja, o testador que maximiza a variância genética é aquele com um maior número de alelos desfavoráveis para os locos que controlam o caráter. Hallauer; Lopez-Perez (1979) mostraram que linhagens com alta frequência de alelos favoráveis podem ser utilizadas para a maximização da variância genética de testecrosses, mas essas devem apresentar uma alta complementariedade genética com a população, isto é, a linhagem testadora deve apresentar alelos desfavoráveis ($s = 1$) nos locos que a população apresenta alelos favoráveis ($p = 1$) e deve apresentar alelos favoráveis ($r = 1$) nos locos que a população apresenta alelos desfavoráveis ($q = 1$). Nessa situação, a média e a variabilidade genética dos testecrosses são conjuntamente maximizadas, elevando-se a resposta à seleção nos programas de melhoramento.

No mapeamento de QTLs em testecrosses obtidos de uma população F_2 e um testador homozigoto (linhagem) o efeito médio de uma substituição alélica é obtido do seguinte contraste, de acordo Bernardo (2002): $\alpha_T = (QQ_T - qQ_T)$ em que Q e q são os alelos originados da população e Q_T é o alelo originado do testador para um QTL controlando o caráter; considere que o alelo Q_T pode ser tanto o alelo favorável quanto o desfavorável para o controle do caráter. Se Q_T for um alelo favorável e na presença de dominância ($d > 0$) o contraste acima pode apresentar valor muito baixo ou nulo uma vez que os efeitos dos alelos da população podem ser mascarados pelo alelo Q_T e o contraste não ser significativo. Note que, nessa situação, o efeito de substituição será nulo ($\alpha_T = 0$) e, conseqüentemente, a contribuição do QTL para a variância genética será nula. Portanto, o testador utilizado pode afetar o mapeamento de QTLs, principalmente para caracteres que apresentam grau de dominância variando de dominância parcial a completa, como é o caso da produção de grãos em milho (HALLAUER; MIRANDA FILHO, 1988).

No melhoramento de milho, a seleção de linhagens é baseada no cruzamento com mais de um testador do programa de melhoramento (HALLAUER, 1990). Esse procedimento permite a seleção de linhagens com alta capacidade de combinação com diversos testadores. O mérito relativo de se utilizar mais de um testador para a avaliação das linhagens depende da correlação

genética entre os testecrosses dos diferentes testadores. No mapeamento de QTLs, espera-se que a magnitude da correlação genética entre os testecrosses de diferentes testadores reflita no número e efeitos dos QTLs mapeados nos diferentes testecrosses (SCHÖN et al., 1994). Portanto, o mapeamento de QTLs com mais de um testador permite avaliar a interação QTL x testador, aplicando-se com eficiência os resultados do mapeamento de QTLs nos programas de melhoramento.

Resultados de mapeamento de QTLs em testecrosses com testadores distintos tem sido reportados em diversos estudos. Schön et al. (1994) utilizaram duas linhagens elites não relacionadas (KW4115 e KW5361) como testadores e encontraram alta coincidência entre os QTLs mapeados nos testecrosses desses testadores para os caracteres peso de 1000 grãos e altura de planta. Todos os seis QTLs mapeados para peso de 1000 grãos e três dos quatro QTLs mapeados para altura de planta coincidiram com os QTLs mapeados nos testecrosses da KW5361 e os da KW4115. Porém, para conteúdo de proteína, somente um dos cinco QTLs mapeados foram coincidentes entre os testadores, sendo que os pesquisadores relataram que apesar das elevadas magnitudes das correlações genéticas entre as diferentes populações de testecrosses para esse caráter, houve uma baixa coincidência entre os QTLs mapeados nos diferentes testecrosses. Entre as hipóteses sugeridas pelos pesquisadores para explicar a ausência de coincidência, a principal foi a baixa proporção da variância genética explicada pelos QTLs, ou seja, QTLs coincidentes não foram detectados pela metodologia de mapeamento utilizada.

Ajmone-Marsan et al. (1994) relataram que para altura de planta o número de QTLs mapeados em testecrosses de diferentes testadores variou com o testador. Foram mapeados um e quatro QTLs nos testecrosses das linhagens testadoras Mo17 e A1, respectivamente, e apenas um QTL coincidiu entre os diferentes testecrosses.

Ajmone-Marsan et al. (1995) mapearam 2 e 3 QTLs para produção de grãos nos testecrosses do testador Mo17 e A1, respectivamente, sendo que apenas 1 QTL coincidiu entre os testadores. Esse QTL, localizado próximo à região organizadora do nucléolo no cromossomo 6, explicou 24,50% da variância fenotípica do caráter. Os pesquisadores sugeriram que, na presença de dominância controlando o caráter, e elevada frequência de alelos favoráveis no testador, os QTLs podem não ser identificados devido ao mascaramento dos alelos da população pelos alelos dos testadores. Esse mascaramento dos alelos da população pelos alelos dos testadores pode

causar diferenças no número e na coincidência entre os QTLs mapeados nos diferentes testecrosses.

Lübberstedt et al. (1997) mapearam QTLs em testecrosses utilizando dois testadores distintos e reportaram que foram mapeados 16 QTLs nos testecrosses do testador KW5361 e 14 QTLs nos testecrosses do testador KW4115 para o caráter altura de planta, sendo que 10 QTLs mapeados foram coincidentes nos diferentes testecrosses. O mesmo ocorreu para concentração de matéria seca, uma vez que 8 dos 9 QTLs mapeados nos testecrosses utilizando o testador KW4115 foram também detectados para o outro testador. No entanto, para produção de matéria seca, concentração e produção de amido, menos de 50% dos QTLs mapeados utilizando os dois testadores coincidiram entre os testecrosses. Esses pesquisadores sugeriram que a consistência dos QTLs mapeados entre testecrosses de diferentes testadores ocorre quando: no controle genético do caráter prevalece os efeitos aditivos; somente um alelo parental (parental 1 ou 2 no caso de população F_2) é dominante sobre os dois alelos dos dois testadores; os dois alelos dos testadores são dominantes sobre somente um alelo parental. Resultados inconsistentes podem surgir então, quando: o efeito de dominância ou sobredominância dos alelos dos testadores mascararem a diferença entre os alelos do parental 1 e parental 2 no QTL, somente para um dos testadores; a relação de dominância entre os alelos parentais e o alelo do testador é diferente para os testecrosses dos diferentes testadores e, nesse caso, os efeitos de substituição alélica serão diferentes em magnitude; os alelos dos QTLs dos parentais 1 e 2 apresentam diferentes interações epistáticas com os alelos dos QTLs dos testadores em outros locos; a interação QTL x ambiente e o erro experimental afetam os resultados do mapeamento de QTLs de forma diferente para os testecrosses de diferentes testadores.

Kerns et al. (1999) avaliaram o efeito de testadores de grupos heteróticos distintos no mapeamento de QTLs para produção de grãos (PG), acamamento de plantas (ACQ) e alturas de planta (AP) e de espiga (AE). Os pesquisadores relataram que o testador utilizado influenciou no número de QTLs mapeados nos testecrosses para todos os caracteres. Para PG, ACQ, AP e AE foram mapeados, respectivamente, 23, 34, 35 e 44 QTLs nos testecrosses da linhagem do grupo heterótico Stiff Stalk Synthetic (SSS) e 10, 12, 18 e 10 QTLs nos testecrosses da linhagem do grupo heterótico Lancaster (LANC). Os pesquisadores concluíram que os testecrosses do testador do grupo heterótico SSS apresentaram maior magnitude da variância genética e isto influenciou no número de QTLs mapeados e na porcentagem de variância fenotípica explicada pelos QTLs.

O menor número de QTLs mapeados na linhagem do grupo heterótico Lancaster pode ter ocorrido em função da presença de alelos favoráveis e dominantes sobre os alelos da população nessa linhagem.

Ajmone-Marsan et al. (2001) mapearam 5 e 4 QTLs para a produção de grãos nos testecrosses dos testadores Mo17 e A1, respectivamente, e somente 1 QTL foi comum entre os dois testadores. Os pesquisadores concluíram que a escolha do testador é uma importante decisão para a utilização dos marcadores moleculares na seleção assistida, uma vez que os QTLs identificados podem se específicos para cada testador.

Austin et al. (2000) utilizaram três testadores, as linhagens B73 e A632 do mesmo grupo heterótico (BSSS) e B91 de um grupo heterótico distinto (BSCB1), no mapeamento de QTLs em testecrosses para o caráter produção de grãos. Foram mapeados 7, 6 e 2 QTLs nos testecrosses da B91, A632 e B73, respectivamente, indicando que o testador utilizado influenciou no número de QTLs mapeados. Além disso, apenas três dos QTLs mapeados foram coincidentes em mais de um testador. Austin; Lee; Veldboom (2001), utilizando os mesmos testecrosses do trabalho anterior, mapearam QTLs para os caracteres altura de planta (AP) e de florescimento masculino (FM). Para AP foram mapeados 10, 8 e 10 QTLs nos testecrosses das linhagens B73, A632 e B91, respectivamente, sendo que oito QTLs foram coincidentes em mais de um testador. Para FM foram mapeados 11, 10 e 10 QTLs nos testecrosses das linhagens B73, A632 e B91, respectivamente, sendo que 11 QTLs foram coincidentes em mais de um testador.

Como comentado inicialmente, a principal aplicação do mapeamento de QTLs no melhoramento de plantas é na seleção assistida por marcadores moleculares (SAM). Diversos esquemas de SAM foram sugeridos, sendo que a transferência via retrocruzamento assistido por marcadores moleculares de QTLs mapeados em linhagens não elites para linhagens elites tem sido uma das formas de aplicação da SAM para caracteres quantitativos.

Stuber e Sisco (1991) realizaram o mapeamento seguido de transferência de QTLs via retrocruzamentos assistidos por marcadores moleculares para o melhoramento do híbrido elite obtido do cruzamento entre as linhagens elites B73 x Mo17. Duas outras linhagens elites, Oh43 e Tx303 foram utilizadas na obtenção de uma população $F_{3:4}$, posteriormente retrocruzada com cada uma das linhagens B73 e Mo17, e utilizada no mapeamento. Seis QTLs para produção de grãos mapeados em Tx303 e seis mapeados em Oh43 foram transferidos por meio de três gerações de retrocruzamento às linhagens B73 e Mo17, respectivamente, obtendo-se linhagens elites

melhoradas. As plantas utilizadas no retrocruzamento foram selecionadas com base na presença de marcadores ligados aos QTLs a serem transferidos e na presença de marcadores presentes na linhagem recorrente. Dos híbridos obtidos do cruzamento entre linhagens B73 melhoradas com a linhagem Mo17 original, 32% apresentaram produção de grãos superior à do híbrido B73 x Mo17, utilizado como testemunha. Para os híbridos obtidos do cruzamento entre linhagens Mo17 melhoradas com a B73 original, 44% apresentaram performance superior ao do B73 x Mo17. Os resultados indicaram, portanto, a possibilidade do uso de marcadores moleculares tanto no mapeamento quanto no direcionamento da transferência de QTLs de interesse via retrocruzamentos, e redução no tempo de obtenção de genótipos melhorados de pelo menos duas vezes em relação ao processo tradicional.

Tanksley; Nelson (1996) propuseram um método mais eficiente que o anterior, denominado mapeamento de QTLs em retrocruzamentos avançados, que permite a realização do mapeamento de QTLs e a introgressão dos QTLs favoráveis nas linhagens elites simultaneamente. Para isso, uma linhagem elite é utilizada como parental recorrente e uma linhagem não elite é utilizada como parental doador no retrocruzamento. O mapeamento de QTLs é realizado na terceira geração de retrocruzamento (RC3) para reduzir o efeito dos alelos desfavoráveis presentes na linhagem não elite. Posteriormente, as plantas do retrocruzamento são autofecundadas por duas gerações e a linhagem que apresentar a maior porcentagem do genoma do parental recorrente com o (s) QTL (s) de interesse oriundo do parental doador é selecionada para avaliação em experimentos contendo a linhagem original. Esse método foi sugerido com base em simulação de dados, mas a sua eficiência foi relatado com base em dados empíricos (TANKSLEY et al., 1996; LIANG et al., 2004).

O método sugerido por Tanksley; Nelson (1996) pode ser utilizado tanto em espécies autóгамas quanto em espécies alógamas. Para espécies autóгамas, na qual o cultivar é uma linhagem, o método é o mesmo descrito acima. Para espécies alógamas, nas quais os cultivares são híbridos, é necessária uma simples modificação. Considere que exista um híbrido elite LA x LB, e que o objetivo seja aumentar a performance desse híbrido via retrocruzamento assistido. Para isso, pretende-se utilizar uma linhagem LC que contenha QTLs favoráveis para o aumento da performance do híbrido. Assim, o mapeamento de QTLs seria realizado no RC2 do cruzamento linhagem LA x LC. Entretanto, como o objetivo é mapear QTLs para aumentar a performance do híbrido, o mapeamento de QTLs deve ser realizado nos testecrosses da geração RC2 entre LA (pai

recorrente) e LC (pai doador) com a LB (testador), diferentemente do método sugerido para as espécies autógamas que mapeia os QTLs no RC3. Após duas gerações de autofecundação, a seleção é realizada na linhagem que contenha uma elevada porcentagem do parental recorrente mas com os QTLs favoráveis do parental doador (LC). Então, essa linhagem “melhorada” é cruzada com a LB para obtenção do híbrido que será avaliado em experimentos contendo o híbrido original.

Outra alternativa de aplicação da SAM é na seleção de genótipos superiores existentes nas populações utilizando índices de seleção baseados nos marcadores ligados a QTLs e nas informações fenotípicas ou somente nas informações dos QTLs mapeados (LANDE; THOMPSON, 1990; KAO; ZENG; TEASDALE, 1999). Para isso, os genótipos são classificados obtendo-se os valores genotípicos com base nos índices de seleção ou com base na probabilidade desses genótipos conterem os QTLs mapeados.

Moreau; Charcosset e Gallais et al. (2004) compararam a eficiência dos métodos de seleção fenotípica convencional, seleção combinada utilizando dados fenotípicos e de marcadores moleculares e seleção baseada unicamente nas informações dos marcadores. Para isso, foi construído um modelo para a estimação do valor genético das progênes $F_{3;4}$ utilizadas no mapeamento, a partir do somatório dos efeitos aditivos estimados para cada QTL mapeado, ou “escore molecular”, com os efeitos genéticos preditos utilizando-se a avaliação fenotípica pelo método BLUP. Para cada método de seleção foi utilizado, portanto, o valor genético das progênes estimado com base no “escore molecular” na informação fenotípica. Para a seleção foi construído um índice atribuindo-se pesos aos valores de produção e umidade de grãos. Na comparação das metodologias foram utilizados dois ciclos com a seleção fenotípica convencional, dois ciclos de seleção combinada e um ciclo de seleção combinada seguido por dois ciclos de seleção baseada no “escore molecular”. Não foi verificada diferença significativa entre a seleção fenotípica e a seleção combinada, que apresentaram ganhos genéticos de magnitudes semelhantes para o caráter. Para os dois ciclos de seleção realizados estritamente com base no “escore molecular”, realizados após um ciclo de seleção combinada, não foi obtido resposta à seleção. Portanto, a SAM foi efetiva em aumentar a resposta à seleção, mas não foi mais eficiente do que a seleção fenotípica.

2.1.3 Mapeamento de QTLs em milho em ambientes ácidos (Solução Nutritiva e Solos)

Alguns estudos têm sido realizados para mapear QTLs para a tolerância ao alumínio tóxico como fator de adaptação aos solos ácidos. Sibov et al. (1999) identificaram dois locos que controlaram o crescimento de raízes em solução nutritiva contendo alumínio tóxico na linhagem Cat-100-6 utilizando marcadores moleculares RFLPs. Os locos localizaram-se nos braços curtos dos cromossomos 6 (*Alm 1*) e 10 (*Alm 2*) sendo que o efeito do *Alm 2* foi, aproximadamente, três vezes superior ao *Alm 1*. Ninamango-Cárdenas et al. (2003), utilizando 168 progênies $F_{3:4}$ e um mapa de 17 marcadores RFLP e 34 marcadores microssatélites, mapearam QTLs para crescimento de raiz em solução nutritiva contendo alumínio tóxico (Al^{3+}). Foram mapeados cinco QTLs nos cromossomos 2, 6 e 8 que explicaram 60,00% da variação fenotípica. O QTL no cromossomo 6 foi mapeado na mesma posição QTL (*Alm 1*) identificado por Sibov et al. (1999), sugerindo ser esta uma região que contém gene (s) que controlam o crescimento de raízes de milho sob estresse de alumínio. O QTL mapeado no cromossomo 8 localizou-se próximo a genes responsáveis pela expressão da enzima isocitrato desidrogenase envolvida na expressão do ácido cítrico, composto orgânico que aumenta a tolerância ao alumínio tóxico (FUENTE et al., 1997).

O fósforo é o principal nutriente que limita a produção de milho em solos ácidos. Assim, o mapeamento de QTLs para aumento da eficiência da absorção de fósforo em condições de alta acidez tem sido realizado. Em milho, Zhu et al. (2005) mapearam QTLs para comprimento e número de raízes laterais em solução nutritiva contendo baixo e alto teor de fósforo. Foram utilizadas 160 linhagens endogâmicas recombinantes (RILs) e um mapa genético com 196 marcadores de diversos tipos (RFLPs, microssatélites e isoenzimas). Em solução com alto teor de fósforo foram mapeados um e cinco QTLs para número e comprimento de raízes, respectivamente, que explicaram de 3,31% a 7,10% da variação fenotípica. Esses QTLs situaram-se nos cromossomos 1 (dois QTLs), 2 (dois QTLs), 3, 6 e 8 (um QTL). Em solução com baixo teor de fósforo foram mapeados um e seis QTLs para número e comprimento de raízes, respectivamente, que explicaram de 3,97% a 10,04% da variação fenotípica. Esses QTLs situaram-se nos cromossomos 2 (dois QTLs), 3 (um QTL), 4 (dois QTLs) e 8 (um QTL). Apenas 1 QTL (no cromossomo 2) coincidiu entre alto e baixo fósforo para o comprimento de raízes, o que mostrou uma alta interação QTL x teor de fósforo. Os autores concluíram que os QTLs mapeados em alto e baixo fósforo poderiam ser utilizados para a seleção assistida por marcadores

moleculares para aumentar o número e crescimento de raízes, visando o aumento na eficiência na absorção de fósforo.

Os resultados relatados anteriormente foram conduzidos em solução nutritiva e o principal objetivo foi mapear QTLs para tolerância ao alumínio e eficiência de fósforo individualmente. Pandey et al. (2007) argumentaram que o mapeamento de QTLs para apenas uma causa da acidez do solo e para caracteres de estrutura da raiz possuem limitado valor para o desenvolvimento de germoplasma adaptado aos solos ácidos, pois diversos fatores influenciam a produção em solos ácidos.

Apenas um estudo de mapeamento de QTLs em condições de campo em solos ácidos e não ácidos está relatado na literatura. Navas; Hallauer; Pandey (2008), utilizando uma população de 214 progênies $F_{2:3}$ e um mapa genético com 118 marcadores microssatélites, mapearam QTLs para produção de grãos em três solos ácidos e dois solos férteis. Nos solos ácidos foram mapeados cinco QTLs nos cromossomos 1 (três QTLs), 2 (um QTL) e 5 (um QTL) que explicaram de 2,00% a 8,00% da variação fenotípica. Em solos não ácidos foram mapeados cinco QTLs nos cromossomos 2, 4, 5, 6 e 8 que explicaram de 2,00% a 11,00% da variação fenotípica. Os pesquisadores sugeriram que a toxidez de alumínio é importante, mas os QTLs mapeados em solos ácidos podem ser relacionados não somente à tolerância ao alumínio tóxico, mas também a um complexo de fatores simultaneamente.

Os resultados do melhoramento convencional têm aumentado a produção do milho em solos ácidos, como visto anteriormente. Entretanto, o melhorista deve utilizar as ferramentas disponíveis no melhoramento para o aumento da produção de grãos. A utilização da seleção assistida por marcadores moleculares é uma das alternativas para o aumento da eficiência da seleção de cultivares superiores para solos ácidos, porém poucos estudos de mapeamento de QTLs foram conduzidos para esse fim nas regiões tropicais (PANDEY, 2007).

2.1.4 Interação QTL x ambiente e melhoramento

A interação QTL x ambiente ocorre quando há uma expressão diferencial dos QTLs em relação às mudanças ambientais ou quando há uma ausência de expressão do QTL em alguns dos ambientes avaliados (VAN EEUWIJK et al., 2005). A interação QTL x ambiente tem sido relatada em vários trabalhos para grande número de espécies, principalmente para caracteres

quantitativos (PATERSON et al., 1991; JANSEN et al., 1995; CROSSA et al., 1999; CAO et al., 2001; YADAV et al., 2003; MALOSETTI et al., 2004; VARGAS et al., 2006; BABOUCARR et al., 2007).

Na cultura do milho, o estudo da interação QTL x ambiente é de grande importância principalmente em países de clima tropical, nos quais a diversidade ambiental (precipitação, temperatura, tipo de solo) é bastante ampla. Apesar disso, existem poucos resultados sobre a detecção do efeito da interação QTLs x ambientes para caracteres de importância econômica em milho (BOHN et al., 1996; BOHN et al., 1997; GROH et al., 1998; CROSSA et al., 1999; LIMA et al., 2006; VARGAS et al., 2006), mesmo com o desenvolvimento de diversas metodologias estatístico-genéticas para o teste da ocorrência de interação QTLs x ambientes (JIANG; ZENG, 1995; VAN EEUWIJK et al., 2005).

Stubber et al. (1992) relataram baixo efeito da interação QTLs x ambientes na expressão da produção de grãos, em avaliação realizada em seis ambientes. Segundo os autores, o resultado é surpreendente tendo em vista a constatação de efeito significativo para a interação genótipos x ambientes na análise de variância realizada para este caráter. Veldboom; Lee (1994) realizaram o mapeamento de QTLs para produção de grãos, componentes da produção e caracteres morfológicos e fisiológicos em milho utilizando apenas um ambiente. Foi relatada a necessidade de avaliações posteriores em vários ambientes para a identificação de QTLs estáveis, considerando-se a ocorrência de efeito ambiental na expressão dos caracteres.

Veldboom; Lee (1996) realizaram o mapeamento de QTLs para produção de grãos e para sete componentes de produção em dois ambientes, com o objetivo de comparar os QTLs identificados em cada ambiente. Foram realizadas análises com as observações fenotípicas dos caracteres em cada ambiente, e também com as médias das observações nos dois ambientes, sendo que foram mapeados 39 QTLs, considerando-se todos os caracteres. Apenas 50% dos QTLs foram mapeados em dois ambientes simultaneamente, caracterizando a ocorrência da interação QTL x ambiente e indicando que a avaliação realizada em apenas um ambiente seria insuficiente para a elucidação do número aproximado de QTLs envolvidos no controle dos caracteres.

Lübberstedt et al. (1997) mapearam QTLs em testecrosses de milho utilizando diferentes testadores para altura de planta e produção de matéria seca. Para altura de planta poucos QTLs apresentaram interação com o ambiente, apesar da interação genótipo x ambiente ter sido

significativa. Entretanto, para o caráter produção de matéria seca, a maioria dos QTLs apresentaram interação QTL x ambiente. Houve uma alta consistência nos QTLs mapeados entre os testecrosses de diferentes testadores para altura da planta e baixa consistência de QTLs nos testecrosses para o caráter produção de matéria seca. Os autores propuseram que a interação QTL x ambiente pode ter sido o fator mais importante para a inconsistência de QTLs entre testecrosses de diferentes testadores para produção de matéria seca.

Ribaut et al. (1997) realizaram o mapeamento de QTLs para produção de grãos, prolificidade, número de grãos e peso de 100 grãos em 3 ambientes. Foi detectada uma alta interação QTL x ambientes, sendo que, 83% dos QTLs mapeados nos três ambientes foram identificados especificamente em um ambiente.

Khairallah et al. (1998), utilizando o método CIM (Composite Interval Mapping) estendido para múltiplos ambientes (mCIM) (JIANG; ZENG, 1995), avaliaram a interação QTL x ambiente em uma população de progênies $F_{2:3}$ em três diferentes anos para os caracteres resistência à *Diatraea grandiosella*, altura de planta, florescimento feminino e intervalo entre florescimentos. Dos 40 QTLs mapeados para os quatro caracteres, 22 (55,00%) apresentaram interação com ambientes. Os autores relataram que a deficiência de ferro provocada pelo alto pH do solo pode ter causado diferenças nos QTLs mapeados nos solos com diferentes níveis de acidez. Os autores sugeriram ainda que o maior número de QTLs detectados no estudo, em relação a outros trabalhos, foi devido à alta herdabilidade dos caracteres utilizados, ao elevado tamanho populacional e ao aumento no poder do teste estatístico quando múltiplos ambientes são utilizados.

Jiang et al. (1999), utilizando o mCIM, compararam o efeito de quatro ambientes que variaram quanto à temperatura (21,30° C, 24,60° C, 16,80° C, 13,20° C) em progênies $F_{3:4}$ de milho de um cruzamento entre uma linhagem adaptada a altas temperaturas (>28,00° C) e outra adaptada a baixas temperaturas (< 16,00° C). Os caracteres analisados foram produção de grãos, produção de biomassa, número de folhas, altura de planta, número de ramificações do pendão, florescimentos masculino e feminino e intervalo entre florescimentos. Os pesquisadores relataram que os QTLs mapeados para cada caráter foram geralmente específicos para um ou dois ambientes e poucos QTLs foram mapeados em três ou mais ambientes simultaneamente. Entretanto, os caracteres apresentam diferentes magnitudes da interação QTL x ambiente. Por exemplo, para os caracteres produção de grãos e produção de biomassa a relação entre o número

de QTLs mapeados em somente um ambiente e o número de QTLs mapeados em dois ou mais ambientes foi de cerca de 4,0 vezes. Para os caracteres número de folhas, altura de planta, número de ramificações do pendão esta relação foi de aproximadamente 0,8, e para os caracteres florescimentos masculino e feminino e intervalo entre florescimentos foi cerca de 1,0 vez, indicando que os QTLs relacionados à produção de grãos e produção de biomassa apresentaram maior interação com temperatura.

Lima et al. (2006), utilizando o mCIM, mapearam QTLs para diversos caracteres em uma população de milho tropical utilizando 256 indivíduos $F_{2:3}$ em diferentes condições ambientais de precipitação e tipo de solo. Dos QTLs mapeados 75,00% interagiram com os ambientes para produção de grãos e prolificidade; 50,00% para acamamento de planta e altura de planta; e 44,40% para altura de espiga. Esses resultados mostraram que um elevado número de QTLs mapeados nos diversos ambientes em região tropical apresentaram interação QTL x ambiente. Além disso, os pesquisadores sugeriram que a presença de QTLs mapeados em diversos ambientes simultaneamente deve ser rara em ambientes tropicais, pois o germoplasma melhorado nessas regiões são ambiente-específicos.

Navas; Hallauer; Pandey (2008) utilizaram uma população de 214 progênies $F_{2:3}$ de milho e um mapa genético com 118 marcadores microssatélites para mapear QTLs para produção de grãos em três solos ácidos e dois solos não ácidos. Nos solos ácidos e não ácidos foram mapeados cinco QTLs em cada solo, sendo que nenhum dos QTLs mapeados nos solos ácidos foram coincidentes com aqueles mapeados nos solos não ácidos, indicando uma alta interação QTL x acidez do solo.

Trabalhos utilizando a seleção assistida por marcadores moleculares não têm obtido sucesso e uma das principais causas tem sido atribuída à interação QTLs x ambientes. Stromberg; Dudley; Rufener (1994) atribuíram à interação QTL x ambientes como possível causa da baixa coincidência de testecrosses obtidos de plantas F_2 e de linhagens $F_{2:6}$. Os QTLs nos testecrosses de plantas F_2 mapeados em condições de estresse hídrico podem ter sido específico para essas condições, enquanto que, os QTLs que se expressaram nos testecrosses das progênies $F_{2:6}$ mapeados em condições com ausência do estresse, podem ter sido totalmente diferentes daqueles encontrados na situação de estresse. Moreau; Charcosset; Gallais (2004) compararam a seleção assistida por marcadores moleculares com a seleção fenotípica em três ciclos de seleção assistida e seleção baseada em marcadores moleculares, e não encontraram eficiência da seleção assistida

em relação à fenotípica. Os autores relataram que os QTLs selecionados no primeiro ciclo de seleção podem não ter se expressado nos ciclos posteriores de seleção devido à alta interação QTL x ambiente. Conclui-se, então, que um melhor entendimento da arquitetura dos caracteres quantitativos é necessário antes de se praticar a seleção assistida por marcadores moleculares.

Os resultados de seleção assistida por marcadores moleculares encontrados na literatura são oriundos de regiões temperadas onde a variabilidade ambiental é bem menor do que nas regiões tropicais. A ineficiência da seleção assistida por marcadores moleculares causada principalmente pela interação QTL x ambiente em regiões temperadas mostra a importância do estudo da interação QTL x ambiente nas regiões tropicais. Como relatado por Lima et al. (2006), a interação QTL x ambiente deve ser mais pronunciada em regiões tropicais onde os genótipos são submetidos a diferentes condições de temperatura, precipitação e tipos de solos. Portanto, estudos da interação QTL x ambiente em regiões tropicais são necessários para a aplicação mais eficiente da seleção assistida por marcadores moleculares nos programas de melhoramento.

Bernardo (2002) sugeriu três formas de utilizar as informações do mapeamento da interação QTL x ambiente: a interação QTL x ambiente pode ser ignorada considerando apenas os QTLs estáveis nos diversos ambientes no melhoramento; a interação QTL x ambiente pode ser reduzida dividindo-se os ambientes em sub-grupos menos heterogêneos quanto às condições ambientais e, subsequentemente, estimar os QTLs específicos para cada sub-grupo; e a interação QTL x ambiente pode ser explorada através da identificação de QTLs para somente um determinado ambiente. A primeira estratégia seria ideal para os programas de melhoramento, visto que os QTLs mapeados poderiam ser utilizados em diversos ambientes simultaneamente. Porém, como visto anteriormente nos diversos trabalhos, a interação QTL x ambiente é acentuada, principalmente em regiões tropicais. Assim, a segunda e a terceira estratégias podem ser as que permitirão uma maior resposta à seleção assistida por marcadores moleculares em regiões tropicais.

2.2 Material e Métodos

2.2.1 Material genético

Neste estudo foram utilizados 512 testecrosses de milho de origem tropical obtidos do cruzamento entre uma amostra de 256 progênies $F_{2:3}$ e dois testadores no Departamento de Genética da Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz” da Universidade de São Paulo (ESALQ/USP).

A população F_2 originou-se do cruzamento entre as linhagens L14-04B (S_5) e L08-05F (S_7) as quais pertencem a grupos heteróticos distintos, apresentam divergência genética para diversos caracteres e alta capacidade específica de combinação para produção de grãos (SIBOV et al., 2003a) (Figura 1). A linhagem L14-04B de grãos amarelos dentados e a linhagem L08-05F de grãos duros alaranjados foram obtidas das populações BR-106 e IG-1, respectivamente. Detalhes sobre a origem dessas populações foram apresentados por Souza Jr. et al. (1993) e Santos et al. (2005). A população BR-106 foi liberada pela Embrapa Milho e Sorgo (Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária - Sete Lagoas, MG) e a população IG-1, pela ESALQ/USP.

Os testadores foram as linhagens L 04-05F e L 02-03D pertencentes ao programa de melhoramento de milho do Departamento de Genética da ESALQ/USP. Essas linhagens são genótipos elites, pois apresentam uma alta concentração de alelos favoráveis para diversos caracteres. As linhagens L04-05F e L02-03D foram obtidas das populações IG-1 e IG-2, respectivamente, que são de grupos heteróticos distintos (Figura 1).

Nos anos agrícolas de 2002/2003 e 2003/2004, as 256 progênies $F_{2:3}$ foram cruzadas com os testadores L04-05F e L02-03D dando origem a 256 testecrosses com cada testador. Os cruzamentos foram realizados em lotes isolados de despendoamento na Estação Experimental Fazenda Anhembi do Departamento de Genética da ESALQ/USP. As progênies $F_{2:3}$ foram utilizadas como fêmeas e os testadores como machos. Cinquenta sementes de cada progênie $F_{2:3}$ e cinquenta sementes dos testadores foram semeadas em linhas de 10 m. A cada quatro linhas de fêmeas foi semeada uma linha de macho e, para que houvesse coincidência entre florescimentos, as linhas de macho foram semeadas em duas épocas, no dia e quatro dias após a semeadura das linhas de fêmeas. O despendoamento das linhas de fêmeas consistiu na retirada total dos pendões, manualmente, antes que esses estivessem expostos, para evitar a contaminação dos cruzamentos.

Na época da colheita, as linhas de fêmeas foram colhidas e conduzidas ao laboratório. Antes da debulha, as espigas colhidas em cada linha foram avaliadas para a retirada de eventuais fontes de contaminação. As espigas foram então debulhadas e as sementes obtidas foram tratadas e armazenadas em câmara fria.

Origem das linhagens

Figura 1 - Germoplasma tropical utilizado para a obtenção das linhagens parentais da população F₂ e das linhagens testadoras utilizadas neste estudo

Há de se ressaltar que nem todas as progênes produziram sementes em quantidade suficiente para suprir as necessidades deste estudo e, portanto, nos anos agrícolas 2004/2005 e 2005/2006, o procedimento acima descrito foi repetido para aumentar o número de sementes.

2.2.2 Extração do DNA e genotipagem

A metodologia de extração e amplificação do DNA foi detalhadamente descrita por Sibov et al. (2003a). De cada planta F₂ utilizada para obtenção das progênes F_{2:3}, coletou-se folhas que foram acondicionadas em sacos de sombrite, armazenadas em gelo e transportadas ao CEBMEG (Laboratório do Centro de Biologia Molecular e Engenharia Genética da Universidade Estadual de Campinas) para posterior liofilização, maceração e extração do DNA. O tipo de marcador molecular utilizado foram os microssatélites, os quais são caracterizados por serem codominantes. Para obtenção dos marcadores foram utilizados 859 pares de “*primers*” para amplificar microssatélites de milho obtidos do “Maize Data Bank” e sintetizados pela Gibco BRL (São Paulo, SP).

2.2.3 Mapa genético

Dos 859 pares de “*primers*” utilizados, 144 amplificaram seqüências de DNA, apresentaram polimorfismo e não apresentaram desvios significativos de segregação 1:2:1 (População F₂) pelo teste de qui-quadrado, e assim, foram utilizados para construção do mapa genético. Para o teste de segregação foi utilizado um nível de significância (α) conjunto de 5% de probabilidade, a partir do qual foi obtido o nível de significância para o teste de cada marcador, seguindo os procedimentos sugeridos por Bonferroni (PROVINCE, 2001).

O mapa genético foi elaborado utilizando-se o programa computacional Mapmaker versão 3.0 (LANDER et al., 1987; LINCON; DALY; LANDER, 1992). As etapas para a elaboração do mapa foram: *i*) formação dos grupos de ligação - os grupos de ligação foram estabelecidos utilizando-se o comando “*group*”, considerando “LOD score” igual a 3,0 e distância máxima entre locos igual a 50 cM. Utilizou-se a função de mapeamento de Kosambi (1944) para a conversão de frequência de recombinação em distância genética. Dos 144 marcadores microssatélites, 143 distribuíram-se em 13 grupos de ligação, sendo que um marcador não se ligou a nenhum dos grupos de ligação; *ii*) ordenação dos marcadores nos grupos de ligação - obtida pela comparação das verossimilhanças de todas as ordens possíveis, através do comando “*compare*”. Por esse comando foram ordenados grupos de ligação com no máximo 10 marcadores. Em grupos de ligação que apresentavam número de marcadores superior a 10, foram

selecionadas 10 marcas bem distribuídos pelo genoma para serem ordenados pelo comando “try”; *iii*) verificação de erros - utilizou-se o comando “ripple” para conferir a ordem final dos marcadores; *iv*) agrupamento de marcador não ligado e de grupos de ligação - para agrupar marcadores não ligados e estabelecer 10 grupos de ligação, correspondentes aos 10 cromossomos do milho, foi utilizada a informação da posição dos marcadores microsatélites nos “bins” cromossômicos (intervalo com cerca de 20 cM entre dois marcadores), conforme estabelecido no “Maize Genetics and Genomic Database”. Os marcadores alocados nos 10 grupos de ligação foram novamente submetidos às etapas *ii* e *iii*, obtendo-se então, a ordem final dos marcadores no mapa genético.

2.2.4 Áreas experimentais

Os 512 testecrosses foram avaliados em solos apresentando diferentes níveis de acidez e fertilidade, nas Estações Experimentais do Departamento de Genética e na Fazenda Anhembi, ambas pertencentes ao Departamento de Genética da ESALQ/USP e situadas no município de Piracicaba, SP. No ano agrícola 2004/2005, antes da época de semeadura, foi realizada a amostragem e análises químicas dos solos (Tabela 1).

Tabela 1 - Análises químicas⁽¹⁾ dos solos das Estações Experimentais utilizadas para avaliação das linhagens e testecrosses

Parâmetro químico	Estação Experimental ⁽⁶⁾					
	Deptº. Genética		Fazenda Anhembi - SC		Fazenda Anhembi - SNC	
	0-20 cm	20-40 cm	0-20 cm	20-40 cm	0-20 cm	20-40 cm
pH	5,3	5,7	5,1	4,3	3,9	3,9
P (mg dm ⁻³)	51,0	17,0	42,0	10,0	8,0	5,0
Mn (mg dm ⁻³)	61,0	34,0	3,0	1,0	7,0	5,0
m ⁽²⁾ (%)	0,0	0,0	29,3	48,2	56,6	56,7
S.B ⁽³⁾ (mmolc dm ⁻³)	47,1	51,7	24,1	16,1	9,2	10,7
CTC ⁽⁴⁾ (mmolc dm ⁻³)	78,6	73,7	62,1	63,1	89,2	98,7
V ⁽⁵⁾ (%)	60,0	70,0	39,0	26,0	10,0	11,0

⁽¹⁾Laboratório de Solos AFOCAPI/COPLACANA-Piracicaba-SP; ⁽²⁾ m é a saturação por alumínio na CTC efetiva ($m\% = Al/(Al + Ca + K + Mg)$); ⁽³⁾ S.B é a soma de bases ($S.B = Ca + K + Mg$); ⁽⁴⁾ CTC é a capacidade de troca catiônica [$CTC = (H + Al) + Ca + K + Mg$]; ⁽⁵⁾ V é a porcentagem da CTC ocupada por bases trocáveis [$V = (S.B/CTC) \times 100$]; ⁽⁶⁾ SC e SNC referem-se aos solos corrigido e não corrigido, respectivamente.

Na Estação Experimental do Departamento de Genética, o solo de textura argilosa, denominado Nitossolo Vermelho, apresentou baixa acidez, ausência de saturação por alumínio (Al^{3+}), alto teor de fósforo e alta saturação por bases (V%) nas camadas superficial (0-20 cm) e sub-superficial (20-40 cm). Na Estação Experimental Anhembi, com solo de textura arenosa, denominado de Latossolo Amarelo, foram utilizados dois locais que diferiram pela aplicação ou não de corretivo (calcário). O solo corrigido apresentou acidez moderada, moderada saturação por alumínio, alto teor de fósforo e moderado V% na camada superficial (0-20 cm) e alta acidez, alta saturação por alumínio e baixos teores de fósforo e V% na camada sub-superficial (20-40 cm). O solo não corrigido apresentou alta saturação por alumínio e baixos teores de fósforo e V%, tanto na camada superficial quanto na sub-superficial. Neste estudo, de acordo a análise química, os solos das Estações Experimentais do Departamento de Genética e Anhembi Corrigido e Anhembi Não Corrigido foram considerados como não ácido (SNA), de moderada acidez (SMA) e alta acidez (SAA), respectivamente, de acordo com a classificação sugerida por Eswaran et al. (1997).

2.2.5 Delineamentos e condução experimental

Nos anos agrícolas de 2004/2005, 2005/2006 e 2006/2007, os 512 testecrosses foram avaliados em dois experimentos no delineamento em látice 16 x 16 com duas repetições em cada um dos solos. Cada experimento foi constituído por 128 testecrosses oriundos do testador L04-05F (TC1) e 128 testecrosses oriundos do testador L02-03D (TC2) totalizando 256 testecrosses. No início de cada repetição foram alocados três híbridos comerciais como testemunhas. Cada parcela foi constituída por uma linha de 4,0 m, no espaçamento de 0,8 m entre parcelas. No momento da semeadura, foram distribuídas 50 sementes por parcela e após 30 dias foi realizado o desbaste, restando 20 plantas na parcela a cada 0,2 m. Essa densidade de semeadura corresponde a um estande médio de aproximadamente 62.500 plantas ha^{-1} . Na instalação dos experimentos, delimitou-se a área experimental e nessa área as repetições dos dois experimentos foram aleatorizadas visando reduzir o efeito da heterogeneidade ambiental. Os experimentos foram conduzidos seguindo-se as recomendações de cultivo do milho e a irrigação foi realizada quando necessária.

No ano agrícola 2006/2007, foi instalado um experimento com as linhagens parentais da população F_2 (L 14-04B e L 08-05) e os testadores (L 04-05F e L 02-03D) em blocos

casualizados com 8 repetições em cada nível de acidez do solo. Cada parcela foi constituída por uma linha de 2,0 m, no espaçamento de 0,8 m entre linhas e 0,2 m entre plantas dentro das linhas, o que corresponde a um estande médio de aproximadamente 62.500 plantas ha⁻¹. Os tratos culturais foram os mesmos utilizados nos experimentos dos testecrosses.

2.2.6 Caracteres avaliados e analisados

Em cada parcela dos experimentos dos testecrosses e das linhagens foram avaliados os seguintes caracteres:

- i) Florescimento masculino (FM) - número de dias para a antese masculina, considerando-se ao menos 50% das plantas da parcela com anteras visíveis;
- ii) Florescimento feminino (FF) - número de dias para a antese feminina, considerando-se ao menos 50% das plantas com estilos-estigmas visíveis;
- iii) Altura da planta (AP) - altura da planta, em cm, obtida de cinco plantas competitivas e mensurada a partir do nível do solo à altura da folha bandeira;
- iv) Altura da espiga (AE) - altura da espiga, em cm, obtida de cinco plantas competitivas e mensurada a partir do nível do solo à inserção da primeira espiga;
- v) Estande - número total de plantas da parcela;
- vi) Plantas acamadas (AC) - número total de plantas apresentando, aproximadamente, um ângulo de inclinação em relação ao solo menor que 30°;
- vii) Plantas quebradas (Q) - número total de plantas quebradas abaixo da primeira espiga;
- viii) Espigas por parcela (NE) - número total de espigas considerando-se aquelas de tamanho igual ou superior à média da parcela. Assim, as espigas pequenas e/ou mal formadas foram agrupadas para equivaler a uma espiga de tamanho médio;
- ix) Peso de grãos - peso de grãos total da parcela, em kg parcela⁻¹;
- x) Umidade de grãos - umidade, em %, mensurada em amostras retiradas de cada parcela utilizando-se um aparelho eletrônico (Dickey-John).

Os caracteres utilizados nas análises foram: i) florescimento masculino (FM), em dias; i) florescimento feminino (FF), em dias; iii) intervalo entre florescimentos (IF) obtido pela subtração FF- FM, em dias; iv) altura da planta (AP), em cm, obtido a partir da média das cinco

plantas avaliadas; v) altura da espiga (AE), em cm, obtida a partir da média das cinco plantas avaliadas; vi) posição relativa da espiga (PRE) obtida pela relação entre AE e AP; vii) acamamento e quebramento (ACQ) obtido pela soma de AC e Q, e em porcentagem (%) do estande da parcela; viii) prolificidade (PROL) obtida pela relação entre NE e estande, em espigas planta⁻¹; e ix) produção de grãos (PG) corrigido para 15,5% de umidade e convertido em t ha⁻¹.

2.2.7 Análises estatístico-genéticas

Análises de variância individuais e conjuntas foram realizadas para os experimentos com as linhagens e para os experimentos com os testecrosses. Para a análise conjunta dos experimentos das linhagens o modelo foi considerado fixo (eq. 1) e a interação entre os efeitos fixos como aleatória, isto é:

$$y_{ijk} = \mu + l_i + s_j + (ls)_{ij} + b_{k(j)} + e_{ijk} \quad (1)$$

em que:

y_{ijk} é a observação da linhagem i , no solo j , no bloco k dentro do solo j ;

μ é a média geral do experimento;

l_i é o efeito fixo da i -ésima linhagem, sendo $i = 1, 2, 3, 4$;

s_j é o efeito fixo do j -ésimo solo, sendo $j = 1, 2, 3$;

$(ls)_{ij}$ é o efeito aleatório da ij -ésima interação linhagem x solo;

$b_{k(j)}$ é o efeito do k -ésimo bloco dentro j -ésimo solo, sendo que $k = 1, 2, \dots, 8$;

e_{ijk} é o erro associado à ijk -ésima observação.

A interação linhagem x solo foi desdobrada em linhagem dentro de solo para se avaliar o efeito do nível de acidez do solo em cada linhagem. Para comparar as médias entre linhagens dentro de cada nível de acidez do solo e entre solos, foi utilizado o teste t para comparações múltiplas através do cálculo da diferença mínima significativa (DMS) (PIMENTEL-GOMES, 2000). No quadro da análise de variância estão apresentadas as esperanças dos quadrados médios e os testes F de cada fonte de variação (Tabela 2).

Tabela 2 - Resumo do quadro de análise de variância conjunta das linhagens, esperanças dos quadrados médios e testes F para as diversas fontes de variação

FV	GL ⁽¹⁾	QM	E(QM)	F
Blocos	K(J - 1)	-	-	-
Linhagens (L)	(I - 1)	QM ₁	$\sigma_e^2 + K\sigma_{LS}^2 + JK \sum \theta_l$	QM ₁ /QM ₃
Solos (S)	(J - 1)	QM ₂	$\sigma_e^2 + K\sigma_{LS}^2 + IK \sum \theta_s$	QM ₂ /QM ₃
L x S	(I - 1)(J - 1)	QM ₃	$\sigma_e^2 + K\sigma_{LS}^2$	QM ₃ /QM ₈
L 14-04B/S	(J - 1)	QM ₄	$\sigma_e^2 + K \sum \theta_{L14-04/S}$	QM ₄ /QM ₈
L 08-05F/S	(J - 1)	QM ₅	$\sigma_e^2 + K \sum \theta_{L08-05/S}$	QM ₅ /QM ₈
L 04-05F/S	(J - 1)	QM ₆	$\sigma_e^2 + K \sum \theta_{L04-05/S}$	QM ₆ /QM ₈
L 02-03D/S	(J - 1)	QM ₇	$\sigma_e^2 + K \sum \theta_{L02-03/S}$	QM ₇ /QM ₈
Erro	J(I - 1)(K - 1)	QM ₈	σ_e^2	-

⁽¹⁾ I, J, K referem-se aos números de solos, linhagens e blocos, respectivamente.

Para os experimentos dos testecrosses, foram realizadas as análises de variâncias individuais para cada caráter em cada experimento nos diferentes anos e solos. O estande foi utilizado como covariável na análise dos caracteres produção de grãos (PG), acamamento e quebramento (ACQ) e prolificidade (PROL). Além disso, o caráter ACQ foi transformado para $\sqrt{x\% + 0,5}$ visando um melhor ajuste dos dados à distribuição normal.

Para as análises individuais, o modelo aleatório de acordo com o delineamento utilizado sugerido por Cochran; Cox (1966) foi (eq. 2):

$$y_{ijk} = \mu + t_i + r_j + b_{k(j)} + e_{ijk} \quad (2)$$

em que:

y_{ijk} refere-se à observação do i-ésimo testecross, na j-ésima repetição, no k-ésimo bloco dentro da j-ésima repetição;

μ é a média geral do experimento;

t_i é o efeito aleatório do i-ésimo testecross, sendo $i=1,2,...,256$;

r_j é o efeito aleatório da j-ésima repetição, sendo $j=1,2$;

$b_{k(j)}$ é o efeito aleatório do k-ésimo bloco, dentro j-ésima repetição, sendo $j=1,..16$;

e_{ijk} é o erro associado à ijk -ésima observação.

Para todos os caracteres, os quadrados médios dos erros (QMe) das análises individuais dos dois experimentos foram testados para verificar a homogeneidade das variâncias utilizando o teste F máximo (PIMENTEL-GOMES, 2000). Posteriormente, foram realizadas as análises conjuntas utilizando as médias ajustadas e os quadrados médios dos erros efetivos de cada experimento. Para isso, considerou-se um modelo misto sendo que o efeito de solo foi considerado fixo e os efeitos de anos dentro de solos, testecrosses e interações testecrosses x solos e testecrosses x anos dentro de solos como aleatórios, segundo o modelo proposto por Montgomery (2001) (eq. 3):

$$y_{ijkl} = \mu + t_i + s_j + a_{k(j)} + (ts)_{ij} + (ta)_{ik(j)} + \bar{e}_{ijkl} \quad (3)$$

em que:

y_{ijkl} refere-se à observação do i -ésimo testecross, j -ésimo solo, no k -ésimo ano dentro do j -ésimo solo, na l -ésima repetição;

μ é a média geral do experimento;

t_i é o efeito aleatório do i -ésimo testecross dentro do j -ésimo solo, sendo $i=1,2,\dots,256$;

s_j é o efeito fixo do j -ésimo solo;

$a_{k(j)}$ é o efeito aleatório do k -ésimo ano dentro do j -ésimo solo, sendo $k=1,2,3$;

$(ts)_{ij}$ é o efeito aleatório da ij -ésima interação testecrosses x solo;

$(ta)_{ik(j)}$ é o efeito aleatório da ik -ésima interação testecross x ano dentro do j -ésimo solo;

$\bar{e}_{ijkl}$ é o erro efetivo médio associado à $ijkl$ -ésima observação.

As análises conjuntas foram realizadas para cada experimento (E) e, posteriormente, os graus de liberdade (GL) e a soma de quadrados (SQ) de ambos os experimentos foram somadas para se obter as análises conjuntas agrupadas. Na análise de variância conjunta agrupada as fontes de variações de testecrosses e testecrosses x anos foram decompostas em testecrosses oriundos da linhagem testadora L04-05F (TC1), testecrosses oriundos da linhagem testadora L02-03D (TC2) e contraste entre TC1 e TC2 dentro de solo (Tabela 3). Todas as análises de variância foram realizadas utilizando o PROC GLM do SAS (SAS INSTITUTE, 1990).

Tabela 3 - Resumo do quadro de análise de variância conjunta agrupada dos testecrosses, esperanças dos quadrados médios e testes F para as diversas fontes de variação

FV ⁽¹⁾	GL ⁽²⁾	QM	E(QM)	F
Solo (S)/E	(J-1)(E)	QM ₁	$\sigma_e^2 + L\sigma_{TC \times A}^2 + LK\sigma_{TxS}^2 + LI\sigma_{A/S}^2 + LKI\sum \theta_S$	QM ₁ /(QM ₂ + QM ₂₂ - QM ₁₃)
Anos/S (A)/E	(K-1)(JE)	QM ₂	$\sigma_e^2 + L\sigma_{TC \times A}^2 + LI\sigma_{A/S}^2$	QM ₂ /QM ₁₃
Testecrosses (TC)/S/E	(I-1)(JE)	QM ₃	$\sigma_e^2 + L\sigma_{TC \times A/S}^2 + LK\sigma_{TC/S}^2$	QM ₃ /QM ₁₃
TC1/SNA/E	(II-1)(E)	QM ₄	$\sigma_e^2 + L\sigma_{TC1 \times A/SNA}^2 + LK\sigma_{TC1/SNA}^2$	QM ₄ /QM ₁₄
TC1/SMA/E	(II-1)(E)	QM ₅	$\sigma_e^2 + L\sigma_{TC1 \times A/SMA}^2 + LK\sigma_{TC1/SMA}^2$	QM ₅ /QM ₁₅
TC1/SAA/E	(II-1)(E)	QM ₆	$\sigma_e^2 + L\sigma_{TC1 \times A/SAA}^2 + LK\sigma_{TC1/SAA}^2$	QM ₆ /QM ₁₆
TC2/SNA/E	(I2-1)(E)	QM ₇	$\sigma_e^2 + L\sigma_{TC2 \times A/SNA}^2 + LK\sigma_{TC2/SNA}^2$	QM ₇ /QM ₁₇
TC2/SMA/E	(I2-1)(E)	QM ₈	$\sigma_e^2 + L\sigma_{TC2 \times A/SMA}^2 + LK\sigma_{TC2/SMA}^2$	QM ₈ /QM ₁₈
TC2/SAA/E	(I2-1)(E)	QM ₉	$\sigma_e^2 + L\sigma_{TC2 \times A/SAA}^2 + LK\sigma_{TC2/SAA}^2$	QM ₉ /QM ₁₉
TC1 vs TC2/SNA/E	E ⁽³⁾	QM ₁₀	$\sigma_e^2 + L\sigma_{(TC1 \text{ vs } TC2) \times A/SNA}^2 + LK\sum \theta_{(TC1 \text{ vs } TC2)/SNA}$	QM ₁₀ /QM ₂₀
TC1 vs TC2/SMA/E	E	QM ₁₁	$\sigma_e^2 + L\sigma_{(TC1 \text{ vs } TC2) \times A/SMA}^2 + LK\sum \theta_{(TC1 \text{ vs } TC2)/SMA}$	QM ₁₁ /QM ₂₁
TC1 vs TC2/SAA/E	E	QM ₁₂	$\sigma_e^2 + L\sigma_{(TC1 \text{ vs } TC2) \times A/SAA}^2 + LK\sum \theta_{(TC1 \text{ vs } TC2)/SAA}$	QM ₁₂ /QM ₂₂
TC x A/S/E	(I-1)(K-1)(JE)	QM ₁₃	$\sigma_e^2 + L\sigma_{TxA}^2$	QM ₁₃ /QM ₂₇
TC1 x A/SNA/E	(II-1)(K-1)(E)	QM ₁₄	$\sigma_e^2 + L\sigma_{TC1 \times A/SNA}^2$	QM ₁₄ /QM ₂₇
TC1 x A/SMA/E	(II-1)(K-1)(E)	QM ₁₅	$\sigma_e^2 + L\sigma_{TC1 \times A/SMA}^2$	QM ₁₅ /QM ₂₇
TC1 x A/SAA/E	(II-1)(K-1)(E)	QM ₁₆	$\sigma_e^2 + L\sigma_{TC1 \times A/SAA}^2$	QM ₁₆ /QM ₂₇
TC2 x A/SNA/E	(I2-1)(K-1)(E)	QM ₁₇	$\sigma_e^2 + L\sigma_{TC2 \times A/SNA}^2$	QM ₁₇ /QM ₂₇
TC2 x A/SMA/E	(I2-1)(K-1)(E)	QM ₁₈	$\sigma_e^2 + L\sigma_{TC2 \times A/SMA}^2$	QM ₁₈ /QM ₂₇
TC2 x A/SAA/E	(I2-1)(K-1)(E)	QM ₁₉	$\sigma_e^2 + L\sigma_{TC2 \times A/SAA}^2$	QM ₁₉ /QM ₂₇
(TC1 vs TC2) x SNA/E	(K-1)(E)	QM ₂₀	$\sigma_e^2 + L\sigma_{(TC1 \text{ vs } TC2) \times A/SNA}^2$	QM ₂₀ /QM ₂₇
(TC1 vs TC2) x SMA/E	(K-1)(E)	QM ₂₁	$\sigma_e^2 + L\sigma_{(TC1 \text{ vs } TC2) \times A/SMA}^2$	QM ₂₁ /QM ₂₇
(TC1 vs TC2) x SAA/E	(K-1)(E)	QM ₂₂	$\sigma_e^2 + L\sigma_{(TC1 \text{ vs } TC2) \times A/SAA}^2$	QM ₂₂ /QM ₂₇
TC x S/E	(I-1)(J-1)(E)	QM ₂₃	$\sigma_e^2 + L\sigma_{TC \times A}^2 + LK\sigma_{TC \times S}^2$	QM ₂₃ /QM ₁₃
TC1 x S/E ⁽⁴⁾	(II-1)(J-1)(E)	QM ₂₄	$\sigma_e^2 + L\sigma_{TC1 \times A}^2 + LK\sigma_{TC1 \times S}^2$	QM ₂₄ /QM _{14,15,16}
TC2 x S/E ⁽⁵⁾	(I2-1)(J-1)(E)	QM ₂₅	$\sigma_e^2 + L\sigma_{TC2 \times A}^2 + LK\sigma_{TC2 \times S}^2$	QM ₂₅ /QM _{17,18,19}
(TC1 vs TC2) x S/E ⁽⁶⁾	(J-1)(E)	QM ₂₆	$\sigma_e^2 + L\sigma_{(TC1 \text{ vs } TC2) \times A}^2 + LK\sum \theta_{(TC1 \text{ vs } TC2) \times S}$	QM ₂₆ /QM _{20,21,22}
Erro efetivo médio	(B-1)(LB-B-1)(JKE)	QM ₂₇	σ_e^2	

⁽¹⁾TC1 e TC2 referem-se aos testecrosses das linhagens testadoras L 04-05F e L 02-03D, respectivamente; SNA, SMA e SAA são os solos não ácido, de moderada e alta acidez, respectivamente.

⁽²⁾ I, J, K, L, B referem-se ao número testecrosses, solos, anos, repetições e blocos, respetivamente

⁽³⁾ Refere-se ao número de experimentos (2) utilizados para a avaliação dos 512 testecrosses.

⁽⁴⁾ O teste F foi realizado utilizando-se no denominador a média dos quadrados médios 14,15 e 16.

⁽⁵⁾ O teste F foi realizado utilizando-se no denominador a média dos quadrados médios 17,18 e 19.

⁽⁶⁾ O teste F foi realizado utilizando-se no denominador a média dos quadrados médios 20,21 e 22.

2.2.8 Parâmetros genéticos

2.2.8.1 Estimativas de variâncias, coeficientes de herdabilidade, respostas à seleção e médias esperadas com a seleção

Os parâmetros genéticos dos testecrosses foram estimados para cada testador em cada nível de acidez do solo com base nas esperanças matemáticas dos quadrados médios da análise conjunta agrupada, como proposto por Searle; Casela; MacCulloch (1992), da seguinte forma:

Variância genética de testecrosses ($\hat{\sigma}_{TC}^2$) (eq. 4):

$$\hat{\sigma}_{TC}^2 = (QM_{TC} - QM_{TCxA})/LK \quad (4)$$

Variância fenotípica com base em médias de testecrosses ($\sigma_{\bar{F}_{TC}}^2$) (eq. 5):

$$\hat{\sigma}_{\bar{F}_{TC}}^2 = QM_{TC}/LK \quad (5)$$

Variância da interação testecrosses x solos ($\hat{\sigma}_{TCxS}^2$) (eq. 6):

$$\hat{\sigma}_{TCxS}^2 = (QM_{TCxS} - QM_{TCxA})/LK \quad (6)$$

em que:

L refere-se ao número de repetições dos experimentos;

K refere-se ao número de anos de avaliação.

Coeficiente de herdabilidade com base em médias de testecrosses ($\hat{h}_{\bar{X}_{TC}}^2$) (eq. 7):

$$\hat{h}_{\bar{X}_{TC}}^2 = \hat{\sigma}_{TC}^2 / \hat{\sigma}_{\bar{F}_{TC}}^2 \quad (7)$$

Os intervalos de confiança (IC) dos componentes de variância foram calculados segundo Burdick; Graybill (1992) com nível de probabilidade de 0,95 (eq. 8):

$$IC(\hat{\sigma}^2)_{0,95} = n_t \hat{\sigma}_i^2 / \chi_{n_t, 0,975}^2 \leq \hat{\sigma}_i^2 \leq n_t \hat{\sigma}_i^2 / \chi_{n_t, 0,025}^2 \quad (8)$$

sendo: n_t o número de graus de liberdade associados à estimativa do componente de variância calculados segundo Satterthwaite (1946), $\hat{\sigma}_i^2$ é a estimativa do componente de variância (σ_{TC}^2 , σ_{FC}^2 e σ_{TCXS}^2) e $\chi_{n_t, 0,975}^2$ e $\chi_{n_t, 0,025}^2$ referem-se aos valores tabelados de χ^2 com n_t graus de liberdade a 0,975 e 0,025 de probabilidade, respectivamente.

As precisões das estimativas dos coeficientes de herdabilidade com base em médias foram obtidas utilizando o intervalo de confiança de 0,95 de probabilidade, como proposto por Knapp; Stroup; Ross (1985) (eq.9):

$$IC(h_{\bar{x}}^2)_{0,95} = \left[1 - \frac{1}{(QM_{TC}/QM_{TCXA})F_{0,975;GL_{TC};GL_{TCXA}}} \leq h_{\bar{x}}^2 \leq 1 - \frac{1}{(QM_{TC}/QM_{TCXA})F_{0,025;GL_{TC};GL_{TCXA}}} \right] \quad (9)$$

em que: $F_{0,975;GL_{TC};GL_{TCXA}}$ e $F_{0,025;GL_{TC};GL_{TCXA}}$ referem-se aos valores tabelados de F a 0,975 e 0,025 de probabilidade, respectivamente, com graus de liberdade de testecrosses (GL_{TC}) e graus de liberdade da interação de testecrosses x anos dentro de solos (GL_{TCXA}).

As estimativas das variâncias genéticas, fenotípicas e coeficientes de herdabilidade foram comparadas com base nos intervalos de confiança. Assim, as estimativas obtidas para o mesmo testador nos diferentes níveis de acidez do solo foram consideradas como diferentes a $P \leq 0,05$ se dentro dos intervalos de confiança de cada estimativa não ocorresse o valor estimado da outra estimativa; o mesmo critério foi adotado para a comparação das estimativas das variâncias genéticas, fenotípicas e coeficientes de herdabilidade para os diferentes testadores nos diferentes solos.

As estimativas das respostas à seleção com base em médias de testecrosses (R_s) e as estimativas das médias após um ciclo de seleção (μ_{C1}) foram estimadas para cada testador em cada solo da seguinte forma (eq. 10 e 11) :

$$\hat{R}_s = i(\hat{\sigma}_{TC}^2)/\hat{\sigma}_{\bar{F}} \quad (10)$$

$$\hat{\mu}_{Cl} = \hat{\mu}_O + \hat{R}_s \quad (11)$$

em que:

i é o coeficiente de seleção estandardizado quando se realiza a seleção truncada ($i=1,76$);

$\sigma_{\bar{T}_{TC}}$ é o desvio padrão fenotípico;

μ_O é a estimativa das médias dos testecrosses.

2.2.8.2 Análises de correlações entre testecrosses

Para cada caráter, foram estimadas as seguintes correlações genéticas e fenotípicas entre testecrosses e tipos de solos: (a) a correlação entre os testecrosses de um mesmo testador em dois diferentes níveis de acidez do solo; (b) a correlação entre os testecrosses de diferentes testadores em cada solo; (c) a correlação entre os testecrosses de diferentes testadores em dois diferentes solos. Para o primeiro tipo de correlação (a), foi considerado como variável x o caráter avaliado em um solo e como variável y o mesmo caráter avaliado em outro solo e como variável z a soma $x + y$; para o segundo tipo de correlação (b) o mesmo caráter foi considerado como variável x para os testecrosses de um testador e variável y para os testecrosses do outro testador e como variável z a soma $x + y$; para o terceiro tipo de correlação (c) foi considerada como variável x os testecrosses com um testador em um solo e como variável y o mesmo caráter avaliado no outro testador em um solo diferente e como variável z a soma $x + y$. A partir dessas variáveis, os produtos médios (PM) entre os testecrosses foram calculados seguindo os procedimentos sugeridos por Vencovsky; Barriga (1992) (eq.12):

$$PM_{xy} = (1/2)(QM_z - QM_x - QM_y) \quad (12)$$

em que: QM_z , QM_x e QM_y referem-se aos quadrados médios das variáveis x , y e z em que $z = x + y$, dos testecrosses x e dos testecrosses y , respectivamente.

As esperanças matemáticas dos produtos médios são semelhantes às dos quadrados médios apresentados na Tabela 4, com a diferença de que ao invés de componentes de variância são componentes de covariâncias. A partir dessas esperanças foi possível estimar os seguintes parâmetros genéticos para cada caráter dentro de cada solo:

Covariância genética entre os testecrosses x e y ($C\hat{ov}_{TC_{xy}}$) (eq.13):

$$C\hat{ov}_{TC_{xy}} = (PM_{TC_{xy}} - PM_{TCxA_{xy}})/LK \quad (13)$$

Covariância fenotípica com base em médias entre os testecrosses x e y ($C\hat{ov}_{\bar{F}_{xy}}$) (eq. 14):

$$C\hat{ov}_{\bar{F}_{TCxy}} = PM_{TC_{xy}}/LK \quad (14)$$

em que:

PM refere-se a produtos médios;

TC e TCxA referem-se às fontes de covariação de testecrosses e testecrosses x anos;

L refere-se ao número de repetições;

K refere-se ao número de anos de avaliação.

A partir das estimativas das covariâncias genéticas e fenotípicas, foram estimados os coeficientes de correlações genéticas ($\hat{r}_{TC_{xy}}$) e fenotípicas com base em médias ($\hat{r}_{\bar{F}_{TCxy}}$) entre os testecrosses x e y para cada caráter da seguinte forma (eq. 15, 16):

$$\hat{r}_{TC_{xy}} = C\hat{ov}_{TC_{xy}}/\hat{\sigma}_{TC_x} \hat{\sigma}_{TC_y} \quad (15)$$

$$\hat{r}_{\bar{F}_{TCxy}} = C\hat{ov}_{\bar{F}_{TCxy}}/\hat{\sigma}_{\bar{F}_{TC_x}} \hat{\sigma}_{\bar{F}_{TC_y}} \quad (16)$$

em que:

$\hat{\sigma}_{TC_x}$ e $\hat{\sigma}_{TC_y}$ são os desvios padrão das estimativas das variâncias genéticas de testecrosses x e y, respectivamente;

$\hat{\sigma}_{\bar{F}_{TC_x}}$ e $\hat{\sigma}_{\bar{F}_{TC_y}}$ são os desvios padrão das estimativas das variâncias fenotípicas com base nas médias de testecrosses x e y, respectivamente.

Foram calculados os desvios padrão das correlações genéticas e fenotípicas utilizando o teste t de Student para testar as significâncias das estimativas dos coeficientes de correlações genéticas e fenotípicas, seguindo os procedimentos sugeridos por Vencovsky; Barriga (1992). O valor de t foi calculado pela seguinte expressão (eq. 17):

$$t = \hat{r}_{TC_{xy}} / s_{\hat{r}_{TC_{xy}}} \quad (17)$$

em que:

$\hat{r}_{TC_{xy}}$ é a estimativa da correlação fenotípica ou genética associada aos caracteres x e y ;

$s_{\hat{r}_{TC_{xy}}}$ é o desvio padrão associado a $\hat{r}_{TC_{xy}}$.

2.2.9 Mapeamento de QTLs

O mapeamento de QTLs foi realizado para os testecrosses oriundos do testador L 04-05F e L 02-03D e para cada caráter, separadamente. Para isso, foi utilizado o programa computacional QTL Cartographer versão 1.17 (BASTEN; WEIR; ZENG, 2001), módulo *Jzmapqtl*. O mapa genético da população F₂ proveniente do programa Mapmaker versão 3.0 e as médias ajustadas de cada ano nos diferentes níveis de acidez do solo (SBA, SMA e SAA) foram considerados nesta análise. A metodologia de mapeamento por intervalo composto (Composite Interval Mapping - CIM) descrita por Zeng (1994), e expandida para análise de múltiplos ambientes (mCIM) (JIANG; ZENG, 1995) foi empregada no mapeamento de QTLs. O modelo matemático considerado segundo Jiang e Zeng (1995) e adaptado para testecrosses foi (eq. 18):

$$y_{jm} = b_{0m} + b_m^* x_j^* + \sum_l^t (b_{lm} x_{jl}) + e_{jm} \quad (18)$$

em que:

y_{jm} é o valor fenotípico do j -ésimo testecross avaliado no m -ésimo ambiente (ano) ($j = 1, 2, \dots, 256$, $m = 1, 2, \dots, 9$);

b_{0m} é o efeito médio do modelo para o ambiente m ;

b_m^* é o efeito aditivo (a^*) do provável QTL referente ao ambiente m ;

x_j^* é a variável identificadora do genótipo do provável QTL, assumindo valores de 0, 1 e 2, respectivamente, para os genótipos qq, Qq e QQ, segundo probabilidades que dependem da fração de recombinação entre o marcador i e o QTL, condicionais aos genótipos dos marcadores flanqueadores i e $i+1$ ($i = 1, 2, \dots, 144$ na população F₂);

x_{jl} é a variável identificadora associada ao cofator l , assumindo t marcadores selecionados como cofatores ($l = 1, 2, \dots, t$);

b_{lm} é o coeficiente de regressão parcial entre os valores fenotípicos e os valores atribuídos a x_{jl} ;

e_{jm} é o efeito residual associado ao j -ésimo testecross no m -ésimo ambiente.

Os cofatores foram selecionados por ambiente, utilizando o procedimento de regressão “stepwise” (forward/backward), com $\alpha = 5\%$ para inclusão e exclusão de marcadores ao modelo. O uso de procedimento “stepwise” tende a reduzir os problemas de colinearidade entre cofatores. Contudo, uma das dificuldades no uso do mapeamento por intervalo composto é a apropriada seleção do conjunto de cofatores a serem empregados nas análises (VARGAS et al., 2006). Lee; Wu (2003) utilizaram dados simulados para avaliar a eficiência de cofatores em relação ao número de QTLs, considerando número e tipo de marcadores e espaçamento entre marcadores. Os resultados demonstraram que: i) a interferência do “background” genético foi mais eficientemente absorvida com marcadores ligados às regiões que influenciavam o caráter em relação aqueles não ligados; ii) marcadores bem selecionados proporcionaram uma alta precisão quanto às posições e efeitos dos QTLs; iii) geralmente, três a cinco cofatores ofereceram resultados exatos; e iv) a utilização de um grande número de marcas como cofatores ocasionou distúrbios nas análises quando a herdabilidade era baixa. Jansen e Stam (1994) sugeriram que o número de cofatores a serem utilizados deve ser menor que $2\sqrt{n}$, em que n é o número de genótipos avaliados. Nesse caso, o número de cofatores utilizado neste trabalho deveria ser de, no máximo $2\sqrt{256} = 32$, por ambiente. Basten; Weir; Zeng (2001) sugeriram que na análise de mapeamento por intervalo composto expandido para múltiplos ambientes, sejam utilizados dois ou três marcadores como cofatores por ambiente, evitando-se a utilização de um número exagerado dos mesmos. Nesse caso, como o número de ambientes no presente trabalho foi nove, 27 marcadores deveriam ser utilizados como cofatores, por caráter. Outros autores utilizaram o número total de cofatores obtido na análise de regressão sem posterior seleção (ROMÁN et al., 2002; UNGERER et al., 2003; DINTINGER et al., 2005).

Neste trabalho, todos os marcadores selecionados utilizando o procedimento “stepwise” foram utilizados, exceto aqueles marcadores com redundância de informação. Com esse procedimento o número de cofatores utilizados para os caracteres PG, PROL, ACQ, AP, AE, PRE, FM, FF e IF foram de 38, 50, 60, 42, 40, 52, 30, 52 e 48 para os TC1 e de 40, 50, 47, 56, 45, 51, 34, 43 e 55 para os TC2, respectivamente. Esses valores correspondem a um número médio de cofatores por ambiente variando entre 4 e 7 dependendo do caráter e dos testecrosses considerados. Com isso, depreende-se que o critério utilizado na escolha dos marcadores cofatores foi adequado para que se tenha equilíbrio entre precisão das estimativas e eficiência do teste estatístico no mapeamento de QTLs. Em outros trabalhos de mapeamento utilizando-se o

CIM ou o CIM expandido para múltiplos ambientes, o número de cofatores utilizados por ambiente tem variado entre 3 e 8 dependendo do caráter avaliado (HANOCQ et al., 2004; DINTINGER et al., 2005; LIMA et al., 2006).

No mapeamento de QTLs, para a estimação dos efeitos genéticos e da interação QTLs x ambientes foi empregado o método da máxima verossimilhança, sendo o teste estatístico para a presença do QTL e da interação QTLs x ambientes correspondente ao teste da razão de verossimilhança (TRV) dado por (eq. 19):

$$TRV = -2\ln\left(\frac{L_0}{L_1}\right) \quad (19)$$

em que:

L_0 é o valor da função de verossimilhança sob a hipótese de nulidade H_0 ,

L_1 é o valor da função de verossimilhança sob a hipótese alternativa H_1 .

As hipóteses construídas para o teste da presença de um provável QTL em um determinado ambiente m , com efeitos aditivos ($a_1, a_2, \dots, a_m$) em cada um deles são:

$$H_0 : a_1 = a_2 = \dots = a_m = 0$$

$$H_1 : \text{ao menos um } a \neq 0.$$

O teste da razão de verossimilhança foi realizado a cada 1 cM (centimorgan), que corresponde ao parâmetro denominado “walking speed” definido na entrada dos dados para a realização da análise pelo QTL Cartographer, a partir do marcador à esquerda para cada intervalo ao longo da região genômica compreendida pelos marcadores. Com os resultados dos *TRVs* foi construído um gráfico de posição onde, os pontos no eixo das abscissas corresponderam à posição em que os *TRVs* foram realizados, em cM, e o eixo das ordenadas corresponderam aos valores dos *TRVs* para cada posição, sendo obtida a curva *TRV* x posição para a análise conjunta em múltiplos ambientes. A partir da curva *TRV* x posição foi realizado o mapeamento de QTLs como se segue: para cada intervalo entre marcadores foi observado o maior valor da curva *TRV* x posição (pico), caso este valor ultrapassasse o limite crítico, ou “threshold”, definido para o *TRV* na análise conjunta, o QTL foi declarado presente naquele ponto. Caso fossem observados mais de um pico excedendo o limite crítico em um mesmo intervalo, o QTL foi declarado presente

naquele com maior valor de *TRV*, desse modo, para cada intervalo, apenas um QTL foi considerado presente.

No mapa genético desenvolvido para a população F_2 foram constatadas regiões que se apresentavam pouco saturadas por marcadores. Essas regiões podem mascarar o mapeamento de QTLs, principalmente, pela redução no desequilíbrio de ligação propiciando maior possibilidade de recombinação entre marcas e o provável QTL e pela possibilidade de inúmeros efeitos estarem sendo expressos nesses intervalos, o que influencia a precisão das estimativas de posição e efeito dos QTLs. Lee e Wu (2003) constataram que várias marcas espaçadas de 4 a 20 cM não mudaram extremamente a detecção de múltiplos QTLs, mas a eficiência foi menor quando o espaçamento entre marcas excedeu 30 cM. Assim, no presente trabalho, foram desconsiderados das análises de mapeamento de QTLs os intervalos entre marcas superiores a 37,2 cM.

2.2.9.1 Análise da interação QTLs x ambientes

Para análise da interação QTL x ambientes, o *TRV* foi realizado considerando-se a hipótese H_0 como sendo $a_1 = a_2 = \dots = a_m$ e a hipótese H_1 sendo $a_1 \neq a_2 \neq \dots \neq a_m$. O teste foi realizado a cada 1 cM (“walking speed”), a partir do marcador à esquerda, em cada intervalo. O efeito associado à interação QTL x ambientes foi declarado significativo se, na posição (pico) em que foi detectado o QTL na análise conjunta, o valor do *TRV* da análise da interação QTL x ambientes ultrapassasse o limite crítico estabelecido para a interação QTL x ambientes.

A significância dos efeitos dos QTLs para um ambiente em particular foi testada caso o efeito da interação QTL x ambientes fosse significativo, caso contrário, admitiu-se que o efeito do QTL detectado não variou entre os ambientes avaliados e a análise por ambiente foi desconsiderada. Para a posição onde o QTL foi detectado na análise conjunta, foi observado o valor correspondente do *TRV* em cada análise individual. Para cada ambiente o efeito do QTL foi considerado significativo se o valor do *TRV* do ambiente excedesse o limite crítico estabelecido para a análise individual.

2.2.9.2 Obtenção dos limites críticos “Threshold”

Os limites críticos adotados para o mapeamento de QTLs em múltiplos ambientes, para as análises da interação QTL x ambientes e para o efeito dos QTLs em cada ambiente, foram obtidos segundo os procedimentos propostos por Vieira et al. (2000). O valor do limite crítico depende do número de testes independentes (N_t) para a presença do QTL, que foi estimado por (eq. 20):

$$N_t = \sum_{l=1}^{13} [(T_l/35) + 1] \quad (20)$$

em que:

N_t é o número estimado de testes independentes para a presença do QTL,

T_l é o comprimento do l -ésimo grupo de ligação formado na elaboração do mapa ($l = 1, 2, \dots, 10$),

Os grupos de ligação correspondem ao número de grupos formados quando da elaboração do mapa genético conforme descrito anteriormente na seção 2.2.3. O valor 35 corresponde ao comprimento médio dos intervalos nos 10 grupos de ligação, que foi de 15 cM, e do valor do “*window size*” utilizado na análise, que foi de 10 cM. Assim, foram considerados independentes os testes realizados a cada 35 cM de comprimento, equivalente a soma do comprimento médio dos grupos de ligação com o valor do “*window size*” de cada lado do intervalo (15+10+10). O número estimado de intervalos nos quais os testes foram considerados independentes foi de 70, sendo o valor do nível de significância empregado em cada teste individualmente, igual a $\alpha = (0,05/70) = 0,000714$, de acordo com a correção de Bonferroni para o nível de significância geral $\alpha = 5\%$ de probabilidade.

No mapeamento de QTLs realizado em m ambientes, o teste da razão de verossimilhança possui distribuição aproximada de χ^2 com $m+1$ graus de liberdade para a presença do QTL e $m-1$ graus de liberdade para a interação QTLs x ambientes, sendo o teste para a interação realizado na posição em que o QTL foi previamente detectado na análise conjunta. Na obtenção do limite crítico para análise dos efeitos dos QTLs em cada ambiente, condicionado à presença do QTL, foi empregado o teste de χ^2 a 5% de significância. O número de graus de liberdade

associado ao teste de χ^2 foi 2, correspondendo ao número de classes genotípicas em uma população F_2 (3 menos 1).

Os limites críticos (“*threshold*”) utilizados para os *TRVs* no mapeamento em múltiplos ambientes foram de $\chi^2_{0,000714;10} = 30,48$ para os 9 ambientes o que corresponde a um valor de *LOD score* igual a 6,62. Na análise do efeito da interação, os limites críticos empregados foram de $\chi^2_{0,000714;8} = 26,97$ que corresponde a um *LOD score* igual a 5,86. O limite crítico para análise dos efeitos dos QTLs em cada ambiente foi de $\chi^2_{0,05;2} = 5,99$, que equivale a um *LOD score* de 1,3.

O critério adotado para se considerar a presença de um QTL em um determinado solo foi se em pelo menos em um ambiente (ano) o QTL apresentasse *LOD score* acima de 1,3. Caso não houvesse significância do QTL nos três anos de avaliação em um determinado solo, esse QTL foi considerado ausente.

2.2.9.3 Efeitos médios de substituição alélica e identificação da origem dos alelos

No mapeamento de QTLs utilizando-se testecrosses, o efeito de substituição alélica não é fornecido diretamente pelo QTL Cartographer, uma vez que este fornece os efeitos aditivos (a^*) e de dominância (d^*). Assim, é preciso calcular o efeito médio de uma substituição alélica, $\alpha_T = a + (s - r)d$, em que a e d são os efeitos aditivo e de dominância e s e r as frequências dos alelos favorável e desfavorável do QTL considerado. Como o testador é uma linhagem endogâmica tem-se: $\alpha_T = a + d$ para $s = 1$ ou $\alpha_T = a - d$ para $r = 1$ (MIRANDA FILHO; VENCOVSKY, 2001). Para calcular o efeito médio de uma substituição alélica, foram consideradas as frequências genotípicas dos genótipos da população e de seus respectivos testecrosses com testadores com alelos favoráveis e desfavoráveis e seus valores genotípicos (Tabela 4).

Tabela 4. Frequências e valores genotípicos dos testecrosses para linhagens testadoras com alelo favorável e desfavorável

Genótipos	Frequências	Testador – Alelo favorável	
		$Q_T Q_T$	Valor Genotípico
QQ	1/4	QQ_T	a
Qq	1/2	$(1/2)(QQ_T + qQ_T)$	$(1/2)(a + d)$
qq	1/4	qQ_T	d

Genótipos	Frequências	Testador – Alelo desfavorável	
		$q_T q_T$	Valor Genotípico
QQ	1/4	Qq_T	d
Qq	1/2	$(1/2)(Qq_T + qq_T)$	$(1/2)(a + d)$
qq	1/4	qq_T	-a

O contraste $(QQ - qq)/2$ mensura o efeito aditivo do QTL (a^*) obtido do QTL Cartographer. Utilizando-se este contraste para os testecrosses da Tabela 4, obtém-se (eq. 21) e 22):

$$a^* = (QQ - qq)/2 = (a - d)/2 \quad (21)$$

e

$$a^* = (QQ - qq)/2 = (a + d)/2 \quad (22)$$

O primeiro contraste (eq. 21) estima o efeito aditivo do QTL para o testador com o alelo favorável ($Q_T Q_T$) e o segundo (eq. 22) estima o efeito aditivo para o testador com o alelo desfavorável ($q_T q_T$). Assim, o efeito aditivo (a^*) obtido na análise do QTL Cartographer multiplicado por 2 mensura o efeito médio de uma substituição alélica do QTL considerado em testecrosses, isto é: $2a^* = a - d$ para o QTL em que o genótipo do testador é $Q_T Q_T$ e $2a^* = a + d$ para o QTL em que o genótipo do testador é $q_T q_T$.

A origem dos alelos favoráveis foi obtida de acordo com o sinal dos a_s^* conforme proposto por Lübberstedt et al. (1997). Sendo as linhagens parentais contrastantes para diversos caracteres, atribuiu-se de forma arbitrária à linhagem de maior performance (L 14-04B) os valores positivos, o que significa que o alelo favorável (Q) para o QTL mapeado foi originado da linhagem L 14-04B. Por outro lado, atribuiu-se à linhagem de menor performance (L 08-05F) os valores negativos, o que significa que o Q foi originado da L 08-05F.

2.2.9.4 Proporção da variação explicada pelos QTLs

A proporção da variância fenotípica explicada pelo i -ésimo QTL ($\hat{R}_{iF}^2$) foi calculada conforme proposto por Bohn et al. (1997) como (eq. 23):

$$\hat{R}_{iF}^2 = \hat{\sigma}_{Q_i}^2 / \hat{\sigma}_F^2 \quad (23)$$

em que:

$\hat{\sigma}_F^2$ é a média das variâncias fenotípicas obtidas nos solos não ácido (SNA), de moderada acidez (SMA) e de alta acidez (SAA);

$\hat{\sigma}_{Q_i}^2$ é a variância genética do i -ésimo QTL em uma população de testecrosses, que correspondem às equações 24 e 25:

$$\hat{\sigma}_{Q_i}^2 = (1/8)(a + d)^2 \quad (24)$$

ou

$$\hat{\sigma}_{Q_i}^2 = (1/8)(a - d)^2 \quad (25)$$

em que:

$(a + d)$ e $(a - d)$ referem-se aos efeitos médios de substituição alélica do QTL Q_i .

A proporção da variância genética explicada pelo i -ésimo QTL ($\hat{R}_{iG}^2$) foi calculada como sendo (eq. 26):

$$\hat{R}_{iG}^2 = \hat{R}_{iF}^2 / \hat{h}_X^2 \quad (26)$$

em que:

$\hat{h}_{\bar{x}}^2$ é média dos coeficientes de herdabilidade com base em médias de testecrosses obtidas nos SNA, SMA e SAA.

2.2.9.5 Coincidência de QTLs mapeados nos diferentes testecrosses

Para cada caráter foram estimados intervalos de confiança para os QTL mapeados de acordo com o critério estabelecido por Lander; Botstein (1989) denominado “*one-LOD support interval*” a fim de identificar a coincidência de posições entre os QTLs mapeados nos testecrosses obtidos dos diferentes testadores. Cada intervalo de confiança foi obtido com base na distribuição aproximada de χ^2 com 1 gl, que corresponde a um *TRV* quando se testa apenas um parâmetro, ou seja, a posição do QTL.

Os limites dos intervalos de confiança para cada QTL mapeado foram estabelecidos da seguinte forma: a partir do gráfico *TRV* x posição e para cada intervalo entre marcas onde foi detectada a presença de um QTL, o limite do intervalo de confiança foi estimado considerando o valor do *TRV* no pico da curva *TRV* x posição (posição do QTL) decrescido de 4,61, a esquerda e a direita da curva, que equivale ao decréscimo de 1 *LOD score*. O intervalo de confiança calculado corresponde, no máximo, à distância entre as marcas em questão. O decréscimo de 4,61 na curva de χ^2 com 1 gl equivale aproximadamente ao nível $\alpha = 95\%$ de probabilidade para as estimativas dos intervalos de confiança (LYNCH; WALSH, 1998). Quando da ocorrência de sobreposição de intervalos de confiança entre os QTLs mapeados para diferentes testecrosses considerou-se que esses QTLs ocorriam em regiões genômicas indistinguíveis.

2.3 Resultados e Discussão

2.3.1 Mapa genético

Na população F_2 obtida do cruzamento L 14-04B x L 08-05F, os 143 marcadores microssatélites empregados na elaboração do mapa genético distribuíram-se em todos os cromossomos. O comprimento do mapa genético desenvolvido para essa população foi estimado em 1.844,80 cM, com espaçamento médio entre marcas de 12,90 cM. O comprimento dos cromossomos variou de 112,22 cM (cromossomo 9) a 264,55 cM (cromossomo 1) e o número de marcas em cada cromossomo variou de 9 (cromossomo 7) a 21 (cromossomo 2). As marcas distribuíram-se de forma desigual no genoma, havendo regiões cromossômicas com maior concentração de marcadores, como no braço curto do cromossomo 2, e outras com uma menor concentração de marcadores como no braço longo do cromossomo 9 (Figura 2).

A precisão do mapeamento de QTLs depende do comprimento do mapa genético, da distribuição dos marcadores moleculares nos cromossomos e do espaçamento entre marcadores (LYNCH; WALSH, 1998). Em diversos estudos, mapas genéticos para mapeamento de QTLs têm sido desenvolvidos com um número variado de marcadores, de distância entre esses e de comprimento total dos mapas. Mangolin et al. (2004) relataram comprimento de mapa igual a 1.438,60 cM, com intervalo médio entre marcadores de 19,18 cM; Sibov et al. (2003a) relataram comprimento de 1.634,00 com intervalo médio entre marcadores de 14,00 cM; Bento (2006) relatou comprimento de mapa de 1.858,56 cM, com intervalo médio entre marcadores de 13,47. O menor comprimento de mapa foi relatado por Lopes (2003), com 1.156,72 cM e intervalo médio de 14,28 cM. Diante disso, o mapeamento de QTLs realizado neste estudo foi realizado com precisão equivalente aos trabalhos relatados na literatura.

2.3.2 Análises de variância

2.3.2.1 Linhagens

Nas análises de variâncias individuais foram detectadas diferenças altamente significativas pelo teste F ($P \leq 0,01$) entre as linhagens para todos os caracteres nos solos não ácido (SNA) e de moderada acidez (SMA), exceto para os caracteres acamamento e quebramento de plantas (ACQ) e altura de espiga (AE). No solo de alta acidez (SAA) foram detectadas diferenças altamente significativas entre as linhagens para a maioria dos caracteres, exceto para altura de planta (AP) e altura de espiga (AE) que apresentaram diferenças significativas ($P \leq 0,05$) e para ACQ que não apresentaram diferenças significativas. Esses resultados indicam a presença de variabilidade genética entre as linhagens utilizadas neste estudo para a maioria dos caracteres nos diferentes níveis de acidez do solo (Tabela 5).

Na análise de variância conjunta a fonte de variação solo apresentou diferenças significativas pelo teste F ($P \leq 0,05$) para produção de grãos (PG), diferenças altamente significativas para AP ($P \leq 0,01$) e não apresentou diferenças significativas para os demais caracteres, indicando que houve efeito do solo na PG, que é um caráter de herança complexa, e não houve efeito do solo para a maioria dos caracteres de herança menos complexa. A fonte de variação linhagem x solo (L x S) foi altamente significativa para os caracteres PG, posição relativa da espiga (PRE), florescimento masculino (FM) e florescimento feminino (FF); foi significativa para prolificidade (PROL); e não foi significativa para os demais caracteres. O desdobramento da interação L x S em linhagem dentro de solo (L/S) mostrou que houve diferenças altamente significativas ($P \leq 0,01$) para todas as linhagens para PG, exceto para a linhagem L 08-05F. Para PROL, caráter que apresenta uma correlação alta e positiva com produção de grãos, apenas as linhagens L 04-05F e L 08-05F não apresentaram interação com o nível de acidez do solo. Isso indica que o nível de acidez do solo não afetou de forma acentuada as performances dos caracteres PG e PROL para as linhagens L 04-05F e L 08-05F, que são do tipo “Flint” em relação às linhagens L 02-03D e L 14-04B que são do tipo dentado. Não foi observada relação consistente entre a origem e a performance das linhagens nos diferentes solos para os demais caracteres (Tabela 6).

Mesmo utilizando-se ambientes muito contrastantes quanto à acidez do solo, não houve diferenças expressivas entre os quadrados médios dos erros das análises individuais, sendo que, as alterações nos coeficientes de variação experimental (CVs) foram determinadas pela diferença entre as médias dos caracteres. Na análise de variância conjunta o CV para PG foi de 28,17% e para os demais caracteres variou de 2,61% (FM) a 106,60% (IF). Os CVs obtidos tanto nas análises individuais quanto nas análises conjuntas estão dentro dos limites encontrados na literatura de experimentação em milho para solos ácidos e não ácidos, indicando que houve uma boa precisão experimental (HALLAUER ; MIRANDA FILHO, 1988; SALAZAR et al., 1997; VELÁSQUEZ, 2000; ALVES, 2006).

As linhagens L 14-04B e L 08-05F, parentais da população F₂, são de grupos heteróticos distintos e possuem performances diferenciais para diversos caracteres, evidenciando a divergência genética entre elas (SIBOV et al., 2003). Neste estudo, a performance diferencial entre as linhagens parentais foi confirmada em solos com diferentes níveis de acidez para a maioria dos caracteres, exceto para AE e ACQ. O aumento da acidez do solo reduziu a divergência genética entre as linhagens parentais para os caracteres PG, PROL, FM e FF. Para PG, por exemplo, no SNA a performance da linhagem L 14-04B foi cerca 5,0 vezes superior à performance da linhagem L 08-05F, enquanto que nos solos ácidos (SMA e SAA) essa superioridade reduziu para aproximadamente 2,0 vezes. Isso deveu-se à redução de 43,04% e 40,80% na produção de grãos da linhagem L 14-04B no SMA e no SAA, respectivamente, em relação ao SNA (Tabela 7).

A média da produção de grãos das linhagens testadoras L 04-05F e L 02-03D foram, respectivamente, de 4,24 t ha⁻¹ e 4,51 t ha⁻¹ no SNA; de 3,72 t ha⁻¹ e 2,56 t ha⁻¹ no SMA; e de 2,51 t ha⁻¹ e 1,74 t ha⁻¹ no SAA. Assim, a performance da L 04-05 F foi significativamente ($P \leq 0,05$) superior à performance da L 02-03D nos solos ácidos. A performance da linhagem L 04-05D foi significativamente reduzida em 12,26% no SMA e em 40,80% no SAA em relação ao SNA; já para a linhagem L 02-03D houve redução de 43,24% no SMA e de 61,52% no SAA, indicando que a performance da linhagem L 02-03D foi mais afetada com o aumento da acidez do solo.

Para ACQ não foram detectadas diferenças significativas entre os testadores nos diferentes solos e as médias dos testadores não foram alteradas com o aumento da acidez do solo. Para PROL as médias das linhagens L 04-05F e L 02-03D não diferiram significativamente no SNA e no SMA, mas nos SAA a linhagem L 04-05F apresentou performance significativamente

superior à performance da L 02-03D. Para os caracteres de estatura da planta, a L 02-03D apresentou médias superiores às médias da L 04-05F nos diferentes solos para AP, enquanto que para AE e PRE a linhagem L 04-05F apresentou maiores médias em relação às médias da L 02-03D nos diferentes solos. Houve redução da média dos caracteres de estatura da planta somente no SAA. Para os caracteres de florescimento as linhagens as médias das linhagens não diferiram para FF, mas a L 04-05F apresentou médias superiores às médias da L 02-03D para FM e IF em todos os solos. Houve aumento significativo das médias dos caracteres de florescimento para todas as linhagens nos solos ácidos.

Diante disso, as performances das linhagens parentais e testadores para todos os caracteres se alteraram de acordo o solo. Para PG, principal caráter nos programas de melhoramento, as linhagens do grupo heterótico I (tipo “Flint”) foram mais tolerantes à acidez do solo em relação às linhagens do grupo heterótico II (tipo Dentado) (Figura 1). Como a média e a variância genética dos testecrosses depende tanto da divergência genética dos parentais da população quanto dos efeitos dos alelos dos testadores (Bernardo, 2002), pode-se inferir que o testador utilizado e o nível de acidez do solo podem interferir nesses parâmetros populacionais.

2.3.2.2 Testecrosses

Para produção de grãos (PG), nas análises de variância individuais nos solos não ácido (SNA), de moderada (SMA) e alta acidez (SAA), foram detectadas diferenças altamente significativas ($P \leq 0,01$) entre os testecrosses nos três anos de avaliação, exceto no SAA (2004/05) que apresentou diferenças significativas ($P \leq 0,05$). Infere-se, portanto, que houve variabilidade genética entre os testecrosses nos diferentes níveis de acidez do solo. As médias variaram de 6,64 t ha⁻¹ (SAA) a 11,58 t ha⁻¹ (SNA). Os intervalos de variação das médias foram maiores no SNA em relação aos solos ácidos (Tabela 8).

Para os caracteres ACQ, PROL, caracteres de estatura da planta e caracteres de florescimento foram detectadas diferenças altamente significativas ($P \leq 0,01$) e significativas ($P \leq 0,05$) entre os testecrosses, exceto para acamamento e quebramento de plantas (ACQ) em 2006/2007 no SNA, em 2004/05 e 2006/07 no SMA e em 2005/06 e 2006/2007 no SAA; para prolificidade (PROL) em 2006/07 no SNA, em 2005/06 no SMA e em 2004/05 no SAA; para altura da espiga (AE) em 2004/05 no SAA; e para florescimento masculino (FM) em 2005/06 no

SNA. Portanto, infere-se que houve variabilidade genética entre os testecrosses nos diferentes solos para esses caracteres. As médias dos testecrosses variaram nos diferentes níveis de acidez do solo e os intervalos de variação das médias foram superiores nos SMA e SAA em relação ao SNA (Tabelas 9 a 16).

Nas análises de variância conjuntas a fonte de variação solo (S) foi significativa ($P \leq 0,05$) para PG e ACQ e altamente significativa ($P \leq 0,01$) para AP e AE, enquanto que para os demais caracteres não houve diferenças significativas, indicando que não houve efeito do solo para a maioria dos caracteres. A fonte de variação anos (A) foi altamente significativa para todos os caracteres em todos os solos, mostrando que houve diferenças ambientais entre os anos de avaliação nos diferentes solos. Para as fontes de variação testecrosses (T), interações testecrosses x solos (T x S) e testecrosses x anos (T x A) foram detectadas diferenças altamente significativas para a maioria dos caracteres, exceto para a interação T x S para ACQ, PRE e caracteres de florescimento, e para a interação T x A para AP (Tabelas 17 a 19).

Para PG houve diferenças altamente significativas ($P \leq 0,01$) para a fonte de variação TC1 (testecrosses da linhagem testadora L 04-05F) nos SNA e SMA e diferenças significativas ($P \leq 0,05$) no SAA, enquanto que para a fonte de variação TC2 (testecrosses da linhagem testadora L 02-03D) houve diferenças altamente significativas em todos os níveis de acidez do solo. Esses resultados indicam que houve variabilidade genética para PG entre os testecrosses de ambos os testadores em todos os solos. O contraste TC1 vs TC2 foi significativo somente no SNA, mostrando que nos SMA e SAA as médias dos TC1 e TC2 não diferiram significativamente. A interação TC1 x S foi significativa e a interação TC2 x S foi altamente significativa e, portanto, infere-se que houve um comportamento diferencial dos testecrosses de ambos os testadores nos diferentes solos. O contraste (TC1 vs TC2) x S não foi significativo, indicando que o contraste TC1 vs TC2 não se alterou nos diferentes solos. A interação TC1 x A não foi significativa nos SNA e SMA e foi altamente significativa no SAA, enquanto que para os TC2 houve diferenças altamente significativas em todos os solos, indicando que os TC2 apresentaram uma maior interação com anos em relação aos TC1. A interação do contraste (TC1 vs TC2) x A foi significativa, indicando que o contraste TC1 vs TC2 se alterou nos diferentes anos.

Para ACQ houve diferenças altamente significativas ($P \leq 0,01$) para TC1 em todos os níveis de acidez do solo, exceto no SNA. Para os TC2, houve diferenças significativas ($P \leq 0,05$)

no SNA, não significativas no SMA e altamente significativas ($P \leq 0,01$) no SAA. Esses resultados indicam a presença da variabilidade genética entre os testecrosses dos diferentes testadores em todos os solos, exceto para os TC1 no SNA e para os TC2 no SMA. O contraste TC1 vs TC2 foi significativo apenas no SMA, indicando que as médias de ACQ dos TC1 e TC2 não diferiram nos SNA e SAA. As interações TC1 x S, TC2 x S e a interação do contraste (TC1 vs TC2) x S não foram significativas, mostrando que o acamamento e quebramento de plantas dos testecrosses não se alterou entre os solos. A interação T x A foi significativa para TC1 e TC2 em todos os solos, exceto no SNA, indicando que o ACQ dos testecrosses se alteraram nos diferentes anos nos SMA e SAA. A interação (TC1 vs TC2) x A foi altamente significativa em todos os solos, indicando que o contraste TC1 vs TC2 se alterou nos diferentes anos.

Para PROL houve diferenças altamente significativas ($P \leq 0,01$) para TC1 no SNA e SMA e significativa ($P \leq 0,05$) no SAA, enquanto que para TC2 houve diferenças altamente significativas em todos os solos, evidenciando a presença de variabilidade genética entre os testecrosses de ambos os testadores em todos os solos. O contraste TC1 vs TC2 foi altamente significativo no SAA, entretanto, não apresentou diferenças significativas nos demais solos, indicando que houve diferenças entre as médias dos TC1 e TC2 apenas no SAA. Para TC1 x S e TC2 x S não foram identificadas diferenças significativas, indicando que para PROL as performances dos TC1 e dos TC2 não se alteraram nos diferentes solos. Por outro lado, a interação (TC1 vs TC2) x S foi altamente significativa, indicando que o contraste TC1 vs TC2 diferiu de acordo o solo. A interação TC1 x A não foi significativa nos SNA e SMA, mas foi altamente significativa no SAA. A interação TC2 x A não foi significativa no SNA e foi altamente significativa nos SMA e SAA, indicando que os TC2 apresentaram uma elevada interação com anos e superior à apresentada pelos TC1. A interação do contraste (TC1 vs TC2) x A não foi significativa no SNA e no SMA mas foi altamente significativa no SAA, indicando que o contraste TC1 vs TC2 se alterou nos diferentes anos apenas no SAA.

Houve diferenças altamente significativas ($P \leq 0,01$) para TC1 e TC2 em relação aos caracteres de estatura da planta nos SNA, SMA e SAA, indicando a presença de variabilidade genética entre os testecrosses nos diferentes tipos de solo. O contraste TC1 vs TC2 no SNA foi altamente significativo para AP e PRE e não foi significativo para AE; no SMA foi significativo ($P \leq 0,05$) para AP e PRE e não foi significativo para AE; e no SAA não foi significativo para AP e foi altamente significativo para AE e PRE. A interação TC1 x S foi significativa para AP e

AE e altamente significativa para PRE, indicando que houve alteração na média dos caracteres de estatura da planta para os TC1 nos diferentes solos. Por outro lado, a interação TC2 x S não foi significativa, indicando que não houve alteração da média dos caracteres de estatura da planta para os TC2 nos diferentes solos. A interação TC1 x A não foi significativa para todos os caracteres de estatura da planta no SNA e no SMA e altamente significativa no SAA. A interação TC2 x A não foi significativa para todos os caracteres no SNA; no SMA não foi significativa para AP, altamente significativa para AE e significativa para PRE; e no SAA foi altamente significativa para todos os caracteres.

Para os caracteres de florescimento foram detectadas diferenças altamente significativas ($P \leq 0,01$) para TC1 e TC2 em todos os solos, indicando a presença de variabilidade genética entre os testecrosses em todos os tipos de solos. Para os caracteres FM e IF o contraste TC1 vs TC2 foi altamente significativo no SNA e significativo ($P \leq 0,05$) nos SMA e SAA, indicando que a média desses caracteres diferiram entre os TC1 e os TC2 nos diferentes solos. Para o FF os contrastes TC1 vs TC2 nos diferentes solos não diferiram significativamente, indicando que não houve diferenças entre a média de FF dos TC1 e dos TC2 em todos os solos. As interações dos TC1 x S, TC2 x S e (TC1 vs TC2) x S não foram significativas para todos os caracteres de florescimento, indicando que a performance desses caracteres não foram afetadas pela acidez do solo. Para FM e FF as interações TC1 x A e TC2 x A não foram significativas nos diferentes solos, exceto para o caráter FF no SAA para os TC2. Para o IF a interação TC1 x A foi altamente significativa no SNA, significativa no SMA e altamente significativa no SAA, enquanto que a interação TC2 x A foi significativa apenas no SAA. O contraste (TC1 vs TC2) x A foi altamente significativo para todos os caracteres de florescimento nos diferentes solos.

Os CVs com valores mais elevados foram detectados no SAA em todos os experimentos. Considerando os diferentes anos, os maiores CVs no SAA para PG, ACQ, PRO, AP, AE, PRE, FM, FF e IF foram de 20,39%, 69,77%, 15,74%, 6,91%, 9,49%, 5,29%, 2,89%, 3,15%, 118,51%, respectivamente. Nas análises de variância conjuntas os CVs para PG, ACQ, PROL, AP, AE, PRE, FM, FF e IF foram de 12,05%, 57,68%, 9,97%, 4,29%, 6,68%, 4,49%, 2,34%, 2,35% e 56,01%, respectivamente. Os valores CVs encontram-se dentro dos limites encontrados na literatura em experimentação com milho, indicando que a precisão experimental foi similar às reportadas na literatura para solos ácidos e não ácidos (HALLAUER; MIRANDA FILHO, 1988; BORRERO et al., 1995; SALAZAR et al., 1997; VELÁSQUEZ, 2000).

Portanto, houve variabilidade genética entre os testecrosses em todos os níveis de acidez do solo para todos os caracteres, exceto para ACQ no SNA (TC1) e no SMA (TC2). A performance dos testadores nos diferentes solos interferiu na interação testecrosses x solo. Por exemplo, para PG a interação significativa T x S para ambos os testecrosses, foi devida à alteração na performance dos testadores de acordo o solo. Outro exemplo, é o caso dos caracteres AE e PRE, que apresentaram interação significativa somente para os TC1, devido à performance diferencial da L 04-05F nos diferentes solos.

2.3.3 Parâmetros Genéticos

2.3.3.1 Médias

A média da produção de grãos (PG) dos TC1 e dos TC2 foram, respectivamente, de 9,84 t ha⁻¹ e 11,57 t ha⁻¹ no SNA; de 9,90 t ha⁻¹ e 9,61 t ha⁻¹ no SMA; e de 8,08 t ha⁻¹ e 7,53 t ha⁻¹ no SAA. Assim, houve diferenças significativas entre as médias da PG dos TC1 e TC2 no SNA, sendo que os TC2 apresentaram PG 17,58% superior à dos TC1; nos solos ácidos as médias dos TC1 e TC2 não diferiram significativamente com base no erro padrão da média. Houve uma redução significativa da PG com o aumento da acidez do solo para ambos os testecrosses. Para os TC1 a PG reduziu significativamente no SAA (17,88%). Por outro lado, a produção de grãos dos TC2 reduziu significativamente no SMA (16,94%) e no SAA (34,92%). Esses resultados indicam que a performance dos testecrosses em cada solo não foi correlacionada com a performance do testador, visto que no SNA os TC2 apresentaram média superior aos TC1, apesar de nesse solo os testadores não terem apresentado diferenças significativas; o mesmo ocorreu nos solos ácidos, visto que não houve diferenças na produção de grãos dos testecrosses, mas nesses solos a média do testador L 04-05F foi superior à media do testador L 02-03D. Esses resultados sugerem que houve uma maior complementariedade entre os alelos da linhagem L 02-03D e os alelos da população, como sugerido por Hallauer; Lopez Perez (1979). A magnitude da redução da performance dos testecrosses dependeu do testador utilizado, os TC1 foram menos afetados pela acidez do que os TC2 e, como visto anteriormente, o testador L 04-05F foi menos afetado pela acidez do solo do que o testador L 02-03D (Tabela 20).

A média do acamamento e quebramento de plantas (ACQ) dos TC1 e TC2 foram, respectivamente, de 1,35 % e 1,85 % no SNA; de 2,45% e 3,02 % no SMA; e de 2,65% e 2,46% no SAA. Deve-se ressaltar que as diferenças entre as médias do ACQ dos diferentes testecrosses não diferiram significativamente nos diferentes solos. Em relação ao SNA, houve um aumento significativo do ACQ dos testecrosses nos solos ácidos. Para os TC1 o ACQ aumentou em 77,54% no SMA e 63,24% no SAA, e para os TC2 houve aumento de 92,03% no SMA e 32,97% no SAA. Para esse caráter as médias dos testecrosses não diferiram, possivelmente pelas performances semelhantes dos testadores para esse caráter. O aumento do ACQ nos solos ácidos não foram condizentes com as performances dos testadores nesses solos, pois não foi observado aumento do ACQ nos testadores.

As médias da prolificidade (PROL) dos TC1 e TC2 foram, respectivamente, de 0,91 espigas planta⁻¹ e 0,92 espigas planta⁻¹ no SNA; de 0,93 espigas planta⁻¹ e 0,88 espigas planta⁻¹ no SMA; e de 0,88 espigas planta⁻¹ e 0,82 espigas planta⁻¹ no SAA. Houve diferenças na PROL entre os TC1 e TC2 apenas no SAA, sendo que os TC1 foram mais prolíficos do que os TC2. A média da PROL reduziu com o aumento da acidez do solos dependendo do testador e do nível de acidez, visto que apenas os TC2 apresentaram redução significativa e somente o SAA provocou redução na prolificidade. Esses resultados estão de acordo com as performances dos testadores, visto que no SAA o testador L 04-05F apresentou performance superior em relação ao testador L 02-03D. Da mesma forma, a maior redução da PROL nos TC2 no SAA foi devida à maior redução da PROL da linhagem L 02-03D nesse solo.

Para os caracteres de estatura da planta, os TC2 apresentaram médias superiores aos TC1 para AP nos SNA e SMA, mas no SAA a média não diferiu entre os TC1 e TC2. Para AE as médias dos testecrosses não diferiram significativamente nos diferentes solos. Para PRE os TC1 apresentaram médias superiores aos TC2 em todos os solos. As magnitudes das médias dos caracteres de estatura da planta foram reduzidas significativamente nos solos ácidos. Para todos os caracteres de estatura da planta as médias dos testecrosses apresentaram uma elevada relação com as médias dos testadores. Da mesma forma, a redução das médias dos testecrosses nos solos ácidos foi função do testador utilizado.

Para os caracteres de florescimento, os TC1 apresentaram médias significativamente inferiores aos TC2 para o caráter FM em todos os solos, indicando que os TC1 foram mais precoces para esses caráter. Para FF não houve diferenças significativas entre TC1 e TC2 nos

diferentes solos. Para IF os TC1 apresentaram médias significativamente superiores aos TC2 em todo os solos. Houve um aumento significativo da magnitude das médias dos caracteres de florescimento com o aumento da acidez do solo e, portanto, a acidez do solo reduziu a precocidade dos testecrosses e aumentou o intervalo entre florescimentos. Houve uma alta relação da performance dos testecrosses e a performance dos testadares, como a ocorrida para os caracteres de estatura da planta.

Os resultados obtidos neste estudo estão de acordo com os da literatura que relatam uma redução da magnitude das médias da produção de grãos, prolificidade, dos caracteres de estatura da planta e aumento da média dos caracteres de florescimento nos solos ácidos em relação aos solos não ácidos (GRANADOS et al., 1993; DUQUE-VARGAS et al., 1994; BORRERO et al., 1995; SALAZAR et al., 1997; CEBALLOS et al. 1998; VELÁSQUEZ, 2000; NAVAS; HALLAUER; PANDEY, 2008).

2.3.3.2 Estimativas de variâncias

As estimativas das variâncias genéticas dos testecrosses ($\hat{\sigma}_{TC}^2$) diferiram significativamente de zero ($P \leq 0,05$) para o caráter produção de grãos (PG) nos três tipos de solos. Para os TC1 e TC2 as variâncias genéticas foram, respectivamente, de $0,23 (t ha^{-1})^2$ e $0,58 (t ha^{-1})^2$ no SNA; de $0,22 (t ha^{-1})^2$ e $0,33 (t ha^{-1})^2$ no SMA; e de $0,08 (t ha^{-1})^2$ e $0,34 (t ha^{-1})^2$ no SAA. Esses resultados mostram que a variância genética foi significativamente ($P \leq 0,05$) superior para os testecrosses originados da linhagem L 02-03D em relação aos originados da L 04-05F em todos os solos. As variâncias genéticas dos testecrosses reduziram significativamente, nos solos ácidos (Tabela 21).

A variância genética dos testecrosses depende da divergência genética da população e do efeito de substituição do testador nos locos que controlam o caráter. O efeito de substituição dos testadores depende do grau de dominância do caráter. Na ausência de dominância no controle do caráter, o efeito de substituição alélica é nulo, e conseqüentemente, a variância genética não dependerá do testador utilizado e dependerá da divergência genética da população. Mas, na presença de dominância parcial ou completa o efeito de substituição alélica do testador é maximizado, e conseqüentemente a variância genética é maximizada, quando o testador apresenta

alelo desfavorável para um determinado loco que controla o caráter (BERNARDO, 2002). Diante disso, os resultados deste estudo mostram que o testador L 02-03D apresentou maior efeito de substituição alélica em relação ao testador L 04-05F para o conjunto de locos que controlaram o caráter produção de grãos, e evidencia a importância do efeito de dominância para esse caráter como relatado em diversos estudos em solos ácidos e não ácidos (HALLAUER; MIRANDA FILHO, 1988; DUQUE-VARGAS et al., 1994; PANDEY et al., 1994; CEBALLOS et al., 1998). A redução da variância genética dos testecrosses nos solos ácidos foi devida à redução da divergência genética dos parentais da população, como visto anteriormente, e da redução da performance dos testadores nesses solos, que sugere uma redução dos efeitos dos alelos nesses solos.

Para o caráter acamamento e quebramento de plantas (ACQ) as estimativas das variâncias genéticas dos testecrosses diferiram significativamente de zero ($P \leq 0,05$) em todos os níveis de acidez do solo. As estimativas das variâncias genéticas para os TC1 e os TC2 foram, respectivamente, de $0,02 (\%)^2$ e $0,06 (\%)^2$ no SNA; de $0,13 (\%)^2$ e $0,06 (\%)^2$ no SMA; e de $0,18 (\%)^2$ e $0,17 (\%)^2$ no SAA. Entre os TC1 e TC2 não houve diferenças significativas nas magnitudes da variâncias genéticas em todos os solos, enquanto que, entre os solos, as variâncias genéticas dos TC1 e TC2 foram significativamente superiores nos solos ácidos em relação ao solo não ácido. Há de se ressaltar que os intervalos de confiança das estimativas de variâncias genéticas para esse caráter foram muito elevados devido à baixa precisão experimental tipicamente apresentada por esse caráter. Assim, as comparações nas estimativas de variâncias podem ser um tanto imprecisas.

Para o caráter prolificidade (PROL) as estimativas das variâncias dos testecrosses diferiram significativamente de zero ($P \leq 0,05$) em todos os solos. Para os TC1 e os TC2 as estimativas das variâncias genéticas foram, respectivamente, de $0,59 (\text{espigas planta}^{-1})^2$ e $2,34 (\text{espigas planta}^{-1})^2$ no SNA; de $0,92 (\text{espigas planta}^{-1})^2$ e $1,45 (\text{espigas planta}^{-1})^2$ no SMA; e de $0,43 (\text{espigas planta}^{-1})^2$ a $2,16 (\text{espigas planta}^{-1})^2$ no SAA. Os TC2 apresentaram magnitudes das variâncias genéticas significativamente superiores às dos TC1 em todos os níveis de acidez do solo. As magnitudes das variâncias genéticas dos testecrosses diferiram significativamente nos diferentes solos, mas não se alteraram de forma consistente com o aumento da acidez. Os TC2 apresentaram maiores magnitudes da variância genética em relação aos TC1 em todos os solos como ocorreu para produção de grãos. Esses caracteres possuem uma alta e positiva correlação

(HALLAUER; MIRANDA FILHO, 1988; BENTO, 2006; CÂMARA, 2006), e portanto uma grande parte dos locos controlam os dois caracteres simultaneamente.

Para os caracteres de estatura da planta as estimativas das variâncias genéticas diferiram significativamente de zero ($P \leq 0,05$) em todos os tipos de solos. As variâncias genéticas dos TC1 e TC2 não apresentaram diferenças significativas nos diferentes solos. As magnitudes das variâncias genéticas dos TC1 e TC2 no SAA foram significativamente inferiores às magnitudes obtidas nos SNA e SMA para AE. No entanto, para os demais caracteres de estatura não foram detectadas diferenças significativas nas estimativas das variâncias genéticas dos testecrosses nos diferentes solos. Magnitudes semelhantes das variâncias genéticas dos testecrosses pode ser explicadas pelo grau de dominância desses caracteres. Como visto, para caracteres de altura de planta, os efeitos aditivos são mais importantes do que os efeitos de dominância (HALLAUER; MIRANDA FILHO, 1988; DUQUE-VARGAS et al., 1994; PANDEY et al., 1994; CEBALLOS et al., 1998) e nessa situação a variância genética independe do testador utilizado. Como não houve redução da divergência genética na população nos solos ácidos para esses caracteres, era esperado que não houvesse redução da variabilidade genética para esses caracteres. Um outro fator que pode interferir nas magnitudes das estimativas da variância genética é a interação genótipo x ambiente. Como visto, as estimativas dos quadrados médios da interação testecrosses x anos foram muito superiores no SAA em relação aos demais solos, o que reduziu as estimativas das variâncias genéticas nesse solo.

Para os caracteres de florescimento, as estimativas das variâncias genéticas dos testecrosses diferiram significativamente de zero ($P \leq 0,05$) em todos os solos. Para esses caracteres ocorreram diferenças significativas entre as magnitudes das variâncias genéticas dos TC1 e TC2 nos diferentes solos. Para os caracteres FM e FF os TC2 apresentaram variâncias genéticas superiores às estimadas para os TC1 nos diferentes solos, enquanto que para o IF ocorreu o inverso, as magnitudes dos TC1 foram superiores às dos TC2. As magnitudes das variâncias genéticas se alteraram nos diferentes solos somente para o caráter FM. Para esse caráter houve redução significativa das estimativas das variâncias genéticas nos SMA e no SAA em relação ao SNA. Para os caracteres de florescimento há relatos da importância do efeito de dominância (VELÁSQUEZ, 2000) em solos ácidos e não ácidos e, portanto, o grau de dominância pode ter sido a causa das diferentes magnitudes das variâncias genéticas dos

testecrosses. A redução na variabilidade genética para o FM pode ter sido causada pela redução da divergência genética dos parentais da população nesses solos e pelo efeito do testador.

Navas; Hallauer; Pandey (2008) reportaram que para os caracteres produção de grãos e prolificidade, caracteres de estatura da planta e de florescimento foram detectadas reduções significativas nas variâncias genéticas de progênies S_1 em solos ácidos em relação a solos não ácidos. Assim, esses resultados estão de acordo com os obtidos neste estudo para produção de grãos e caracteres de estatura da planta, mas divergem dos obtidos para os caracteres de florescimento. Possivelmente, o tipo de material avaliado neste estudo (testecrosses) pode ter contribuído para essa diferença, visto que os solos ácidos afetam de forma diferencial os genótipos dependendo do nível de endogamia e de heterose. Como os caracteres de florescimento são muito afetados pelo estresse hídrico (Câmara et al., 2007), a utilização da irrigação nas áreas experimentais pode ter contribuído para a ausência do efeito do solo.

As magnitudes das variâncias da interação testecrosses x solos ($\hat{\sigma}_{TC \times S}^2$) foram significativas ($P \leq 0,05$) para o caráter PG e para os caracteres de estatura da planta, enquanto que para os demais caracteres as magnitudes das estimativas não diferiram de zero. Para PG os TC2 apresentaram magnitudes da interação testecrosses x solos superiores às dos TC1. Para os caracteres de estatura da planta, apenas os TC1 apresentaram estimativas significativas das variâncias da interações testecrosses x solos. Esses resultados indicam que houve uma performance diferencial dos testecrosses nos diferentes solos para PG e para os caracteres de estatura da planta, o que sugere uma expressão diferencial dos genes que controlam esses caracteres nos diferentes níveis de acidez do solo. Para os demais caracteres os resultados indicam a ausência de performance diferencial dos testecrosses nos diferentes solos.

2.3.3.3 Estimativas dos coeficientes de herdabilidade, respostas à seleção e médias esperadas com a seleção

Para o caráter produção de grãos (PG) as estimativas dos coeficientes de herdabilidade com base em médias de testecrosses ($\hat{h}_{\bar{x}_{TC}}^2$) diferiram significativamente ($P \leq 0,05$) de zero em todos os níveis de acidez do solo. Para os TC1 os coeficientes de herdabilidade apresentaram magnitudes moderadas no SNA (0,56) e SMA (0,55) e baixas magnitudes no SAA (0,21),

enquanto que para os TC2 os coeficientes de herdabilidade foram altos no SNA (0,69) e moderados no SMA (0,56) e no SAA (0,48). Portanto, os TC2 apresentaram maiores magnitudes dos coeficientes de herdabilidade em relação aos TC1. Houve redução dos coeficientes de herdabilidade nos solos ácidos. Os coeficientes de herdabilidade dependem da relação entre a variância genética e fenotípica. Como não houve uma alteração expressiva da variância fenotípica de acordo com o solo, os coeficientes de herdabilidade foram função da variância genética dos testecrosses (Tabela 21).

Para acamamento e quebramento de plantas (ACQ) as estimativas dos coeficientes de herdabilidade dos testecrosses foram significativamente diferentes de zero ($P \leq 0,05$) em todos os solos, exceto no SNA. Para os TC1 e TC2 as magnitudes das estimativas dos coeficientes de herdabilidade foram baixas ($\leq 0,34$) em todos os níveis de acidez do solo. Entre os testadores não foram detectadas diferenças significativas para os coeficientes de herdabilidade nos diferentes solos, enquanto que as maiores magnitudes das variâncias genéticas ocorreram nos solos ácidos. Novamente, para esse caráter as estimativas possuem altos intervalos de confiança devido ao erro experimental o que prejudica as interpretações dos parâmetros genéticos.

Para prolificidade (PROL) as estimativas dos coeficientes de herdabilidade dos testecrosses foram significativamente diferentes de zero ($P \leq 0,05$) em todos os níveis de acidez do solo, exceto para os TC1 no SAA. As magnitudes dos coeficientes de herdabilidade foram baixas ($\leq 0,40$) em todos os solos para TC1, enquanto que para os TC2 foram altas no SNA (0,63) e moderadas nos SMA (0,41) e SAA (0,52). Entre os testadores as estimativas foram significativamente superiores para os TC2 no SNA e SAA e não diferiram no SMA. Não houve alterações consistentes no coeficiente de herdabilidade nos diferentes níveis de acidez do solo.

Para os caracteres de estatura da planta as estimativas dos coeficientes de herdabilidade dos testecrosses foram significativamente diferentes de zero ($P \leq 0,05$) em todos os níveis de acidez do solo. Para os TC1 os coeficientes de herdabilidade foram altos ($\geq 0,60$) nos SNA e SMA para todos os caracteres, enquanto que no SAA foram moderados; 0,46 para AP, 0,47 para AE e 0,58 para PRE. Para os TC2 os coeficientes de herdabilidade foram altos ($\geq 0,67$) no SNA para todos os caracteres, e variaram de moderados a altos no SMA ($\geq 0,56 \geq 0,65$) e SAA ($\geq 0,45 \geq 0,61$). Entre os testadores não houve diferenças significativas nos coeficientes de herdabilidade para todos os caracteres de estatura da planta. Houve uma redução significativa do

coeficiente de herdabilidade nos solos ácidos para os caracteres AP e AE e não houve redução para o caráter AE.

Para os caracteres de florescimento as estimativas dos coeficientes de herdabilidades dos testecrosses foram significativamente diferentes de zero ($P \leq 0,05$) nos diferentes níveis de acidez do solo. Para o caráter FM os coeficientes de herdabilidade dos TC1 e TC2 foram altos no SNA ($\geq 0,62$), moderado para TC1 (0,51) e alto para TC2 (0,67) no SMA e baixo para TC1 (0,32) e moderado para TC2 no SAA. Para o caráter FF os coeficientes de herdabilidade foram altos para TC1 e TC2 nos SNA e SMA ($\geq 0,67$), e moderados no SAA para TC1 (0,52) e TC2 (0,57). Para o caráter IF os coeficientes de herdabilidade dos TC1 e TC2 foram moderados nos SNA e SMA e baixos no SAA. Diferenças significativas entre os coeficientes de herdabilidades dos TC1 e TC2 foram detectadas para os caracteres FM e FF, e não foram detectadas diferenças para o caráter intervalo entre florescimentos. Houve redução das estimativas dos coeficientes de herdabilidades nos solos ácidos para os caracteres FM e FF.

As respostas à seleção com base em médias de testecrosses (R_s) apresentaram diferentes magnitudes para os testecrosses dos diferentes testadores para a maioria dos caracteres. Por exemplo, para produção de grãos a resposta à seleção para os TC1 foi de 0,62 t ha⁻¹, 0,61 t ha⁻¹ e 0,22 t ha⁻¹ e para os TC2 foi de 1,11 t ha⁻¹, 0,76 t ha⁻¹ e 0,72 t ha⁻¹ nos SNA, SMA e SAA, respectivamente. A resposta à seleção depende da intensidade de seleção e da herdabilidade do caráter (FALCONER; MACKAY, 1996). Neste estudo, como a intensidade de seleção utilizada nas estimativas foi a mesma para os diferentes testadores, a superioridade da resposta à seleção dos testecrosses para produção de grãos para os TC2 foi devida à maior herdabilidade apresentada por essa população de testecrosses.

A média esperada após um ciclo de seleção (μ_{C1}) para produção de grãos foi de 10,46 t ha⁻¹, 10,51 t ha⁻¹ e 8,30 t ha⁻¹ para os TC1 e de 12,68 t ha⁻¹, 10,37 t ha⁻¹ e 8,25 t ha⁻¹ nos SNA, SMA e SAA, respectivamente. Portanto, os TC2 foram superiores aos TC1 no SNA, mas não diferiram nos SMA e SAA. Esses resultados mostram que as médias esperadas após a seleção foram similares para os dois testadores utilizados nos solos ácidos, mesmo com a maior variabilidade genética apresentada pelos TC2. Assim, os resultados evidenciam que a maior resposta à seleção no melhoramento depende não somente da variância genética populacional, mas também das médias das populações. Para os demais caracteres foram detectadas diferenças

nas estimativas nas médias esperadas com a seleção para os diferentes testadores em cada solo e para cada testador nos diferentes solos.

Comparando-se com as médias das testemunhas (Tabela 20), pode-se notar que os testecrosses obtidos dos testadores L 02-03D e L 04-05F são promissores para a obtenção de híbridos superiores para produção de grãos no SNA, visto que a produção de grãos dos testecrosses superiores dos TC1 e TC2 superam a produção de grãos das testemunhas. Nos solos ácidos os testecrosses superiores apresentaram médias similares às das testemunhas. Para a maioria dos outros caracteres ocorreram testecrosses superiores às médias das testemunhas.

2.3.3.4 Estimativas dos coeficientes de correlações

As estimativas dos coeficientes de correlações genéticas ($\hat{r}_{TC}$) e fenotípicas ($\hat{r}_F$) para os testecrosses de um mesmo testador nos diferentes solos foram positivas e altamente significativas ($P \leq 0,01$) para o caráter produção de grãos (Tabela 22). Nos testecrosses do testador L 04-05F (TC1) as correlações genéticas foram de 0,86 (SNA-SMA), 0,93 (SNA-SAA) e 0,63 (SMA-SAA), e nos testecrosses do testador L 02-03D (TC2) foram de 0,69 (SNA-SMA), 0,59 (SNA-SAA) e 0,79 (SMA-SAA). As correlações fenotípicas foram inferiores às correlações genéticas sendo que para os TC1 foram de 0,46 (SNA-SMA), 0,30 (SNA-SAA) e 0,34 (SMA-SAA) e para os TC2 foram de 0,44 (SNA-SMA), 0,34 (SNA-SAA) e 0,26 (SMA-SAA). Pode-se observar que para os TC1 as correlações genéticas foram superiores às dos TC2, indicando uma menor interação dos TC1 nos diferentes solos. Esses resultados estão de acordo com a estimativa da variância da interação testecrosses x solos que apresentou uma maior magnitude para os TC2. Esses resultados são devidos à maior tolerância do testador L 04-05F à acidez do solo, como visto anteriormente.

Para acamamento e quebramento de plantas (ACQ) as estimativas das correlações genéticas apresentaram valores acima de 1,0, o que deve-se à alta magnitude do erro experimental para esse caráter. Devido a isso, os resultados serão discutidos apenas com base nas correlações fenotípicas para evitar erros de interpretação. As correlações fenotípicas foram baixas ($\leq 0,34$) e altamente significativas ($P \leq 0,01$) para ambos os testadores e não houve efeito do nível de acidez do solo na magnitude das correlações para os diferentes testadores.

Para os demais caracteres as correlações genéticas e fenotípicas foram positivas e altamente significativas ($P \leq 0,01$). Para a prolificidade (PROL), que é um dos componentes de produção de grãos, as correlações genéticas foram superiores às observadas para produção de grãos para ambos os testadores, indicando que esse caráter apresentou uma menor interação com solo em relação à produção de grãos. Para os caracteres de estatura da planta e de florescimento as correlações genéticas foram altas ($\geq 0,77$) e não diferiram de forma acentuada para os TC1 e TC2. Esses resultados estão de acordo com as estimativas da variância da interação testecrosses x solos que apresentaram baixas magnitudes para os caracteres de estatura da planta e ausência da interação testecrosses x solos para os caracteres de florescimento.

As estimativas dos coeficientes das correlações genéticas e fenotípicas entre os testecrosses de diferentes testadores em um mesmo tipo de solo foram positivas e altamente significativas ($P \leq 0,01$) para PG, exceto a correlação genética no SAA que foi significativa ($P \leq 0,05$). As correlações genéticas foram 0,44 (SNA), 0,54 (SMA) e 0,36 (SAA), enquanto que as correlações fenotípicas foram inferiores às correlações genéticas e apresentaram valores de 0,33 (SNA), 0,32 (SMA) e 0,22 (SAA). Esses resultados indicam que a correlação entre os TC1 e TC2 variou nos diferentes solos de moderada a baixa magnitude, sendo que a acidez do solo afetou a magnitude da correlação entre os TC1 e TC2, reduzindo a estimativa no SAA.

Para os demais caracteres as estimativas das correlações genéticas e fenotípicas foram positivas e altamente significativas ($P \leq 0,01$). Para ACQ as correlações fenotípicas foram baixas ($\leq 0,28$) em todos os solos. Para PROL as correlações genéticas foram moderadas ($\geq 0,42 \geq 0,60$) em todos os solos e superiores às observadas para produção de grãos. Para os caracteres de estatura da planta e de florescimento as correlações genéticas foram altas ($\geq 0,69$), exceto para altura da planta no SMA que apresentou uma moderada correlação (0,56). As correlações fenotípicas apresentaram magnitudes moderadas.

As estimativas das correlações genéticas entre os testecrosses dos diferentes testadores nos diferentes solos foram positivas e altamente significativas ($P \leq 0,01$) para PG, exceto para a correlação entre TC1 SNA e TC2 SAA (0,20) que apresentou correlação significativa ($P \leq 0,05$). As correlações fenotípicas foram positivas e altamente significativas, exceto as correlações entre os TC1 SNA e TC2 SAA e TC2 SNA e TC1 SAA que apresentaram estimativas significativas.

Para os demais caracteres as correlações genéticas e fenotípicas foram positivas e

altamente significativas ($P \leq 0,01$), exceto para a correlação fenotípica para TC1 SNA e TC2 SAA para ACQ que foi significativa ($P \leq 0,05$). As correlações genéticas apresentadas pelo caráter PROL, caracteres de estatura da planta e caracteres de florescimento apresentaram magnitudes de moderadas (0,43) a altas (0,91) e foram superiores às observadas para produção de grãos. Portanto, para os caracteres de herança menos complexas essas correlações foram no mínimo similares às correlações obtidas para PG.

Esses resultados mostraram que as correlações genéticas entre testecrosses de um mesmo testador em solos diferindo quanto ao nível de acidez foram altas para todos os caracteres considerando os diferentes testadores. Então, pode-se inferir que as performances dos testecrosses nos diferentes níveis de acidez não se alteraram de forma acentuada, mesmo para caracteres de herança complexa como produção de grãos. Altas magnitudes das correlações para um mesmo caráter em diferentes ambientes sugerem que a maioria dos genes que controlam a performance do caráter em um ambiente, também controlam a performance do mesmo caráter no outro ambiente (FALCONER; MACKAY, 1996). Então, os resultados obtidos indicam que uma grande parte dos genes que controlaram a performance dos caracteres nos solos não ácidos também foram responsáveis pela performance nos solos ácidos. Assim, a resposta correlacionada à seleção, ou seja, a seleção realizada em um solo e a resposta à seleção em outro solo, pode levar ao melhoramento para os diversos níveis de acidez simultaneamente. Resultados que mostram a eficiência da seleção para vários níveis de acidez foram relatados por Pandey et al. (2007).

As correlações entre os testecrosses dos diferentes testadores em cada nível de acidez apresentaram valores variando de baixos a moderados para produção de grãos e valores variando de moderados a altos para os demais caracteres. Diante disso, pode-se inferir que as performances dos testecrosses se alteraram de forma mais acentuada de acordo o testador utilizado para o caráter que apresenta maior complexidade na herança. Esses resultados sugerem uma maior interação linhagem x testador para produção de grãos. Resultados semelhantes têm sido relatados em diversos estudos (SCHÖN et al. 1994; LÜBBERSTEDT et al., 1997; KERNS et al., 1999; AUSTIN et al., 2000). Estes resultados indicaram que, dependendo do testador utilizado a performance dos testecrosses diferiram de forma acentuada, principalmente no SAA. Assim, a resposta correlacionada à seleção para os dois testadores simultaneamente deve ser baixa.

As magnitudes das correlações genéticas entre diferentes testecrosses em diferentes solos foram inferiores aos demais tipos de correlações para produção de grãos e não diferiram de foram

expressiva para os demais caracteres. A correlação genética entre TC1 SNA e TC2 SAA foi 0,20, indicando que as performances dos testecrosses do testador L 04-05F no SNA diferiu de forma acentuada com a performance dos testecrosses do testador L 02-03D no SAA. Esses resultados sugerem uma elevada interação (linhagem x testador) x acidez do solo. Nesse caso a seleção realizada nos TC1 no SNA não proporcionaria uma alta resposta correlacionada à seleção nos TC2 no SAA e vice versa. Por outro lado, para os demais caracteres espera-se que haja uma maior resposta correlacionada entre a seleção realizada utilizando-se um testador em um solo e a resposta à seleção para outro testador em outro solo.

2.3.4 Mapeamento de QTLs

2.3.4.1 Produção de grãos

No total foram mapeados 59 QTLs considerando ambos os testadores. Para os testecrosses do testador L 04-05F (TC1) foram mapeados 20 QTLs e para os testecrosses do testador L 02-03D (TC2) foram mapeados 39 QTLs. Os resultados obtidos mostraram que a utilização da linhagem L 02-03D como testadora propiciou mapear cerca de duas vezes mais QTLs nos seus testecrosses em relação aos testecrosses da linhagem testadora L 04-05F. Essa diferença deve-se principalmente à magnitude da variância genética dos testecrosses, visto que a variância genética dos TC2 foi superior à dos TC1 (Tabelas 23 e 24). Como visto anteriormente, a maior magnitude da variância genética dos TC2 foi devida à maior complementariedade dos alelos da linhagem L 02-03D com os alelos da população e do grau de dominância que varia de dominância parcial a completa para produção de grãos. Estes resultados estão de acordo com os relatados na literatura, que têm mostrado efeito do testador no mapeamento de QTLs para produção de grãos em testecrosses (AJMONE-MARSAN et al., 1994; LUBBERSTEDT et al., 1997; KERNS et al., 1999; AUSTIN et al., 2000).

Para os TC1 foram mapeados QTLs nos cromossomos 1 (quatro QTLs), 2 (um QTL), 3 (quatro QTLs), 4 (quatro QTLs), 5 (quatro QTLs) e 7, 8 e 9 (um QTL). Para os TC2 foram mapeados QTLs nos cromossomos 1 (dez QTLs), 2 (oito QTLs), 3 (cinco QTLs), 4 (dois QTLs), 5 (um QTL), 6 (três QTLs), 7 (dois QTLs), 8 (quatro QTLs), 9 (dois QTLs) e 10 (dois QTLs).

Portanto, os resultados mostram que os QTLs distribuíram-se por todos os cromossomos, mas uma maior proporção de QTLs foi mapeada no cromossomo 1 (23,73%).

Os efeitos médios de substituição alélica dos QTLs mapeados variaram de 0,03 t ha⁻¹ a 0,38 t ha⁻¹ nos TC1 e de 0,01 t ha⁻¹ a 0,55 t ha⁻¹ nos TC2. As proporções das variâncias fenotípicas e genéticas explicadas pelos QTLs variaram de 0,03% a 4,47% e de 0,06% a 10,15% nos TC1, e de 0,01% a 5,29% e de 0,01% a 9,17% nos TC2, respectivamente. Dos QTLs mapeados, 85,00% nos TC1 e 92,13% nos TC2 explicaram menos de 2,00% da variação fenotípica do caráter; os demais QTLs apresentaram maiores efeitos, mas esses não ultrapassaram 6,00% da variação fenotípica. Esses resultados indicam que os QTLs de pequeno efeito foram predominantes no controle do caráter produção de grãos, o que se ajusta ao modelo infinitesimal de Fisher (1918), que sugere que os caracteres quantitativos são controlados por muitos locos de pequeno efeito na variação do caráter. Bernardo (2002) relatou que 72,00% dos QTLs mapeados em diversos estudos para caracteres quantitativos, como produção de grãos, explicaram menos de 10,00% da variação fenotípica, mas os resultados deste estudo mostra que a porcentagem de QTLs de pequeno efeito pode ser superior à relatada na literatura. Entretanto, a ocorrência de QTLs de maior efeito para produção de grãos não pode ser desconsiderada, pois há relatos na literatura mostrando a ocorrência de QTLs explicando até 24,50% da variação do caráter produção de grãos em milho (AJMONE-MARSAN et al. 1995).

Para os TC1, 90,00% dos alelos favoráveis foram originados da linhagem parental L 14-04B e 10,00% originaram-se da linhagem parental L 08-05F, enquanto que para os TC2 41,03% dos alelos favoráveis foram originados da linhagem L 08-05F e 58,97% da linhagem L 14-04B. A direção dos alelos favoráveis indica que os alelos favoráveis dependeu do testador utilizado. Para os TC1 a linhagem L 14-04B contribuiu com a maior parte dos alelos favoráveis para os QTLs mapeados, enquanto que para os TC2 ambos os parentais contribuíram com números aproximados dos de alelos favoráveis.

Do total de QTLs mapeados, 80,00% (16 QTLs) nos TC1 e 84,62% (33 QTLs) nos TC2 apresentaram interação QTL x solo significativa, indicando que houve um grande número de QTLs que interagiram com solos. Resultados similares foram relatados na literatura para diferentes níveis de acidez (NAVAS; HALLAUER; PANDEY, 2008) e para outros tipos de estresses ambientais (RIBAUT et al., 1997; KHAIRALLAH et al., 1998; JIANG et al., 1999; LIMA et al., 2006). Porém, os resultados obtidos neste estudo divergem dos relatados por Stuber

et al. (1992) que mostraram uma baixa interação QTL x ambiente para produção de grãos. Resultados contrastantes devem-se ao tipo de população, variabilidade ambiental e aos diferentes métodos de mapeamento de QTLs utilizados.

Nos solos não ácido (SNA), de moderada acidez (SMA) e de alta acidez (SAA) foram mapeados 11 QTLs (55,00%), 11 QTLs (55,00%) e 12 QTLs (60,00%) nos TC1 e 19 QTLs (48,70%), 19 QTLs (48,70%) e 16 QTLs (41,00%) nos TC2, respectivamente (Tabela 41). Esses resultados mostram que, apesar da redução da variabilidade genética ocorrida nos solos ácidos para ambos os testecrosses, o número de QTLs mapeados não foi alterado de forma acentuada. Esperava-se, no entanto, que o número de QTLs reduzisse conforme a redução da variabilidade genética. Esse fato pode ser explicado pelo grande número de QTLs que apresentaram interação QTL x solo, pois para cada solo foram mapeados diferentes QTLs. Navas; Hallauer; Pandey (2008) relataram resultados semelhantes, visto que mesmo com o redução da variabilidade genética nos solos ácidos, foram mapeados o mesmo número de QTLs nos diferentes solos.

Para pares de solos, foram mapeados simultaneamente sete QTLs (35,00%) nos TC1 e 12 QTLs nos TC2 (30,77%) nos SNA e SMA; seis QTLs (30,00%) nos TC1 e seis QTLs nos TC2 (15,38%) nos SMA e SAA; e sete QTLs (35,00%) nos TC1 e oito QTLs (20,51%) nos TC2 nos SMA e SAA. Foram mapeados simultaneamente nos três solos, apenas quatro QTLs (20,00%) nos TC1 e seis QTLs (15,38%) nos TC2, o que foi devido à elevada interação QTL x solo como apresentado anteriormente. Assim, esses resultados mostram que, para ambos os testadores houve QTLs mapeados em mais de um solo, o que sugere a existência de gene (s) que se expressaram simultaneamente em diversos níveis de acidez do solo. Pode-se notar que houve maior número de QTLs mapeados em dois solos do que em três tipos de solos simultaneamente, com exceção dos QTLs mapeados no par SNA e SAA para os TC2. Nesse caso, o resultados sugerem que os QTLs mapeados nos TC2 no SNA e nos TC2 no SAA apresentaram maior interação QTL x solo no par SNA e SAA do que os QTLs mapeados nos TC2 nos demais pares de solos, evidenciando a elevada interação QTL x solo quando utilizou-se dois níveis de acidez muito diferentes. Esses resultados estão de acordo aos reportados em outros trabalhos utilizando diferentes condições de estresses tanto em milho quanto em arroz (JIANG et al., 1999; BABOUCARR et al., 2007).

Foram mapeados quatro QTLs no SNA, quatro QTLs no SMA e três QTLs no SAA coincidentes nos TC1 e TC2. Considerando pares de solos, foram mapeados apenas três QTLs

coincidentes nos SNA e SMA, e um QTL coincidente nos SNA e SAA e dois QTLs coincidentes nos SMA e SAA. Para os três tipos de solos, simultaneamente, foi mapeado apenas um QTL coincidente nos TC1 e TC2. Esses resultados mostram que houve uma elevada interação QTL x testador nos diferentes níveis de acidez do solo. Diversos trabalhos mostram a existência de elevada interação QTL x testador, principalmente para caracteres que apresentam dominância variando de parcial a completa (SCHÖN et al., 1994; LUBBERSTEDT et al., 1997; KERNS et al., 1999; AUSTIN; LEE, 2000). Esses resultados evidenciam também, que a interação QTL x solo afetou a coincidência dos QTLs mapeados nos diferentes testadores. Isso significa que os QTLs coincidentes em um solo podem ser mapeados para apenas um dos testecrosses ou não serem mapeados em nenhum dos testecrosses em outro solo. Esses resultados confirmam empiricamente a hipótese sugerida por Lubberstedt et al. (1997) de que a interação QTL x ambiente poderia afetar a coincidência entre os QTLs de diferentes testadores.

2.3.4.2 Acamamento e quebramento de plantas

Foram mapeados 70 QTLs considerando ambos os testadores. Para os TC1 foram mapeados 43 QTLs e para os TC2 foram mapeados 27 QTLs. O número de QTLs mapeados nos TC1 foi superior ao número de QTLs mapeados nos TC2, apesar das estimativas das variâncias genéticas não terem diferido nos TC1 e TC2 (Tabelas 25 e 26). Mas, como as variâncias genéticas apresentam uma baixa precisão, a comparação entre o número de QTLs mapeados nos diferentes testecrosses com as magnitudes da variâncias genéticas devem ser desconsideradas. Diferença quanto ao número de QTLs mapeados em testecrosses de testadores distintos tem sido relatada na literatura para acamamento de plantas (KERNS et al., 1999).

Para os TC1 os QTLs distribuíram-se nos cromossomos 1 (quinze QTLs), 2 (sete QTLs), 3 (sete QTLs), 4 (três QTLs), 5 (quatro QTLs), 6 e 7 (um QTL), 8 (três QTLs) e 9 e 10 (um QTL). Para os TC2 os distribuíram nos cromossomos 1 (seis QTLs), 2 (seis QTLs), 3 (quatro QTLs), 4 (dois QTLs), 5 (dois QTLs), 6 (dois QTLs), 7 (um QTL) e 8 (quatro QTLs). Os efeitos médios de substituição alélica dos QTLs mapeados variaram de $0,20 \times 10^{-2}$ (% de plantas acamadas) a $37,62 \times 10^{-2}$ (% de plantas acamadas) nos TC1 e de $0,55 \times 10^{-2}$ (% de plantas acamadas) a $40,41 \times 10^{-2}$ (% de plantas acamadas) nos TC2. Um fato interessante ocorreu para o QTL mapeado no cromossomo 8 no bin 02. Nesse mesmo cromossomo foram detectados diversos QTLs para o caráter acamamento de plantas por Kerns et al. (1999), sendo que um

desses QTLs foi detectado no mesmo bin (8.02) do QTL mapeado neste estudo. Para caracteres de crescimento de raízes, que são relacionados à tolerância ao acamamento de plantas (SANGUINETI et al., 1998), outros estudos têm relatado a ocorrência de QTLs no cromossomo 8 (FUENTE et al., 1997; NINAMANGO-CÁRDENAS et al., 2003). Portanto, os resultados deste estudo e os encontrados na literatura sugerem a ocorrência de gene (s) que controlam a tolerância ao acamamento de plantas no cromossomo 8.

As proporções das variâncias fenotípicas e genéticas explicadas pelos QTLs variaram, respectivamente, de 0,01% a 4,25% e de 0,01% a 16,08% nos TC1 e de 0,01% a 4,31% e 0,01% a 21,11% nos TC2, indicando que os QTLs explicaram uma baixa proporção da variação fenotípica.

Para os QTLs mapeados nos TC1 a linhagem parental L 14-04B contribuiu com 65,12% dos alelos favoráveis e 34,88% foram originados da linhagem parental L 08-05F. Para os QTLs mapeados nos TC2 62,96% dos alelos favoráveis foram originados da linhagem parental L 14-04B e 37,04% da linhagem parental L 08-05F.

Dos QTLs mapeados, 93,03% (40 QTLs) nos TC1 e 74,08% (20 QTLs) nos TC2 apresentaram uma significativa interação QTL x solo, indicando que houve um número elevado de QTLs que interagiram com o nível de acidez do solo. A porcentagem de QTLs apresentando interação com solos foi superior à relatada na literatura para regiões tropicais (LIMA et al., 2006).

Nos SNA, SMA e SAA foram mapeados 18 QTLs (41,86%), 23 QTLs (53,48%) e 16 QTLs (37,21%) nos TC1 e 17 QTLs (62,96%), 17 QTLs (62,96%) e 14 QTLs (51,85%) nos TC2, respectivamente. Portanto, o número de QTLs mapeados nos diferentes solos não foi afetado de forma acentuada pelo nível de acidez do solo (Tabela 42).

Para pares de solos, foram mapeados simultaneamente 10 QTLs (23,25%) nos TC1 e 12 QTLs (44,44%) nos TC2 nos SNA e SMA; cinco QTLs (11,62) nos TC1 e 11 QTLs (40,74%) nos TC2 nos SNA e SAA; e dez QTLs (23,25) nos TC1 e dez QTLs (37,04%) nos TC2 nos SMA e SAA. Para os três solos simultaneamente foram mapeados apenas três QTLs (6,97%) nos TC1 e sete QTLs (25,92%) nos TC2. Então, nota-se que o número de QTLs mapeados em dois solos foi superior ao número de QTLs mapeados em todos os solos simultaneamente para ambos os testecrosses. Além disso, o número de QTLs mapeados em todos os solos e em dois solos simultaneamente foi superior para os TC2.

Foram mapeados cinco QTLs no SNA, cinco QTLs no SMA e três QTLs no SAA que coincidiram nos TC1 e TC2. Desses QTLs apenas três foram mapeados no par SMA e SNA e um nos pares SNA e SAA e nos SMA e SAA. Nos três solos somente um QTL coincidente foi mapeado nos TC1 e TC2 simultaneamente. Esses resultados mostram que houve uma elevada interação QTL x testador nos diferentes solos. Além disso, houve uma elevada redução no número de QTLs coincidentes nos pares de solos e nos três tipos de solo, devido à interação QTL x solo.

2.3.4.3 Prolificidade

Foram mapeados 72 QTLs nos testecrosses considerando ambos os testadores. Nos TC1 foram mapeados 30 QTLs e nos TC2 foram mapeados 42 QTLs. O número de QTLs mapeados foi superior para os TC2 em relação aos TC1, o que foi devido à maior variância genética dos TC2 em relação à dos TC1 (Tabelas 27 e 28). Comparando-se com os resultados relatados anteriormente para produção de grãos, nota-se que houve uma semelhança entre esses dois caracteres, pois um maior número de QTLs também foram mapeados nos TC2 para produção de grãos. Isso ocorreu devido à elevada e positiva correlação entre esses dois caracteres. A elevada correlação entre dois caracteres sugere, principalmente, a ocorrência de genes com efeitos pleiotrópicos (FALCONER; MACKAY, 1996). A ocorrência de QTLs coincidentes para produção de grãos e prolificidade tem sido relatada na literatura (LIMA et al., 2006). Portanto, os resultados semelhantes detectados para prolicidade e produção de grãos neste estudo são devidos em parte à ocorrência de QTLs controlando ambos os caracteres simultaneamente.

Para os TC1 os QTLs distribuíram-se nos cromossomos 1 (dez QTLs), 2 (quatro QTLs), 3 (seis QTLs), 5 (cinco QTLs), 8 (dois QTLs), 9 (dois QTLs) e 10 (um QTL). Nos TC2 os QTLs distribuíram-se nos cromossomos 1 (dez QTLs), 2 (onze QTLs), 3 (sete QTLs), 4 (quatro QTLs), 5 (um QTL), 6 (dois QTLs), 7 (dois QTLs), 8 (três QTLs), 9 (um QTL) e 10 (um QTL). Os QTLs distribuíram-se por todos os cromossomos, mas maior concentração ocorreu nos cromossomos 1 (27,78%), 2 (21,43%).

Os efeitos médios de substituição alélica dos QTLs mapeados variaram de $0,01 \cdot 10^{-2}$ espigas planta⁻¹ a $2,69 \cdot 10^{-2}$ espigas planta⁻¹ nos TC1 e variaram de $0,01 \cdot 10^{-2}$ espigas planta⁻¹ a $4,22 \cdot 10^{-2}$ esp. planta⁻¹ nos TC2. As proporções das variâncias fenotípicas e genéticas explicadas

pelos QTLs variaram de 0,01% a 4,16% e de 0,01% a 14,01% nos TC1 e de 0,01% a 5,87% e 0,01% a 11,23% para os TC2, respectivamente, indicando que o caráter prolificidade foi controlado por QTLs de efeito pequeno no fenótipo.

As linhagens parentais L 14-04B e L 08-05F contribuíram, respectivamente, com 60,00% e 40,00% dos alelos favoráveis para os QTLs mapeados nos TC1 e 38,09% e 61,90% dos alelos favoráveis para os QTLs mapeados nos TC2.

Dos QTLs mapeados, foram detectados 26 QTLs (86,67%) nos TC1 e 31 QTLs (73,81%) nos TC2 que apresentaram uma significativa interação QTL x solo, indicando que houve um grande número de QTLs apresentando interação QTL x solo para ambos os testadores. Esses resultados são semelhantes aos resultados relatados na literatura (LIMA et al., 2006) e aos resultados relatados neste estudo para produção de grãos.

Nos SNA, SMA e SAA foram mapeados, respectivamente, 15 QTLs (50,00%), 14 QTLs (46,66%) e 11 QTLs (36,66%) para os TC1 e 27 QTLs (40,47%), 18 QTLs (42,86%) e 26 QTLs (61,80%) para os TC2. O menor número de QTLs ocorreu no SAA para os TC1, concordando com a menor estimativa da variância genética nesse solo (Tabela 43). Para os TC2 o menor número de QTLs ocorreu no SMA, havendo também uma concordância entre o número de QTLs mapeados e a magnitude da variância genética nesse solo (Tabela 43).

Para pares de solos, foram mapeados nove QTLs (30,00%) nos TC1 e 12 QTLs (28,57%) nos TC2 nos SNA e SMA; seis QTLs (20,00%) nos TC1 e 18 QTLs (42,86%) nos TC2 nos SNA e SAA; e seis QTLs (20,00%) nos TC1 e 15 QTLs (35,71%) nos TC2 nos SMA e SAA. Para os três tipos de solos simultaneamente foram mapeados quatro QTLs (13,33%) nos TC1 e 11 QTLs (26,19%) nos TC2. Esses resultados indicam que houve um aumento no número de QTLs mapeados em dois solos em relação ao número de QTLs mapeados nos três solos simultaneamente. Pode-se observar também, que o número de QTLs mapeados nos SNA e SAA para os TC2 foi elevado, ao contrário do que ocorreu para produção de grãos. Como a prolificidade é um componente da produção de grãos, a seleção indireta dos QTLs mapeados para prolificidade poderia aumentar a produção de grãos simultaneamente nos SNA e SAA.

Foram mapeados cinco QTLs no SNA, cinco QTLs no SMA e dois QTLs no SAA que coincidiram nos TC1 e TC2, indicando que houve uma elevada interação QTL x testador em todos os níveis de acidez do solo e essa interação foi acentuada no SAA. Nos pares de solos, SNA e SMA, SNA e SAA e SMA e SAA foram mapeados três QTLs, dois QTLs e dois QTLs que

coincidiram nos TC1 e TC2, respectivamente. Do total de QTLs coincidentes, apenas dois QTLs foram mapeados em todos os solos simultaneamente.

2.3.4.4 Caracteres de estatura da planta

Para altura de planta (AP), altura de espiga (AE) e posição relativa de espiga (PRE) foram mapeados 30, 30 e 41 QTLs nos TC1 e 40, 28 e 35 QTLs nos TC2, respectivamente (Tabelas 29 a 34). Para AP o número de QTLs mapeados nos TC2 foi 33,33% superior ao número de QTLs mapeados nos TC1. As variâncias genéticas dos TC1 e dos TC2 não diferiram significativamente para todos os caracteres, exceto para AP. Para esse caráter, a magnitude da variância genética dos TC2 foi superior à da variância genética dos TC1. Esses resultados indicam, portanto, que as magnitudes das variâncias genéticas dos testecrosses influenciaram o número de QTLs mapeados em ambos os testecrosses para os caracteres de estatura da planta. Diversos trabalhos encontrados na literatura relatam, tanto o mesmo número de QTLs (AJMONE-MARSAN et al., 1994; LUBBERSTEDT et al., 1997; AUSTIN; LEE; VELDBOOM, 2001), quanto números diferentes de QTLs (KERNS et al., 1999) em testecrosses de testadores distintos para caracteres de estatura da planta em milho.

Os QTLs distribuíram-se por todos os cromossomos, exceto no cromossomo 10 para AP e no cromossomo 8 para AE e PRE. Para os caracteres de estatura da planta houve uma maior concentração de QTLs no cromossomo 1 (28,92%). O número de QTLs mapeados nos TC1 e TC2 para os caracteres de estatura da planta diferiu para o caráter AP e não diferiu de forma acentuada para os demais caracteres.

Os efeitos de substituição alélica dos QTLs mapeados para AP, AE e PRE variaram, respectivamente, de: 0,02 cm (TC1) a 6,78 cm (TC2), 0,10 cm (TC1) a 3,64 cm (TC2) e $0,10 \cdot 10^{-3}$ (TC1) a $13,76 \cdot 10^{-3}$ (TC2). As proporções das variâncias fenotípicas explicadas pelos QTLs para AP, AE e PRE variaram, respectivamente, de: 0,01% (TC1 e TC2) a 13,54% (TC2), 0,01% (TC1) a 5,27% (TC2) e 0,01% (TC1) a 7,61% (TC2). As proporções das variâncias genéticas explicadas pelos QTLs variaram para AP, AE e PRE, respectivamente: de 0,01% (TC1 e TC2) a 23,61% (TC2), de 0,01% (TC1) a 8,64% (TC2) e de 0,01% (TC1) a 11,89% (TC2).

Ambas as linhagens parentais contribuíram com alelos favoráveis para os QTLs mapeados para os caracteres de estatura da planta. Considerando ambos os testadores, para AP um maior número de alelos favoráveis foram originados da linhagem parental L 14-04B; para AE

as duas linhagens parentais contribuíram com aproximadamente o mesmo número de alelos favoráveis; e para PRE a linhagem L 08-05F contribuiu com um maior número de alelos favoráveis.

Dos QTLs mapeados nos TC1 e nos TC2, o número de QTLs que apresentaram uma significativa interação QTL x solo foi, respectivamente, de 18 QTLs (60,00%) e 31 QTLs (77,49%) para AP; 20 QTLs (66,67%) e 24 QTLs (85,72%) para AE; e 22 QTLs (53,66%) e 24 QTLs (68,57%) para IF. Assim, a maioria dos QTLs mapeados em ambos os testecrosses apresentaram interação QTL x solo, indicando que mesmo para caracteres de herança menos complexa houve um grande número de QTLs apresentando interação QTL x solo. A porcentagem de QTLs que apresentaram interação QTL x solo para os caracteres de estatura da planta foi superior às relatadas na literatura de milho em ambiente tropical (LIMA et al., 2006) e em outros tipos de estresses ambientais como altas e baixas temperaturas (JIANG et al., 1999).

Foram mapeados para AP nos TC1 17 QTLs (56,66%) no SNA, 21 QTLs (70,00%) no SMA e 18 QTLs (60,00%) no SAA, e para os TC2 foram mapeados 21 QTLs (52,50%) no SNA, 19 QTLs (47,50%) no SMA e 19 QTLs (47,50%) no SAA. Esses resultados indicam que o número de QTLs nos diferentes níveis de acidez não foi alterado pelos diferentes testadores; para AE e PRE também não houve uma grande alteração no número de QTLs mapeados nos diferentes solos para ambos os testecrosses (Tabelas 44 a 46).

Em pares de solos, foram mapeados simultaneamente para AP 14 (46,66%) nos TC1 e 13 QTLs (32,50%) nos TC2 nos SNA e SMA; 13 QTLs (43,33%) nos TC1 e 16 QTLs (40,00%) nos TC2 nos SNA e SAA; e 13 QTLs (43,33%) nos TC1 e 10 QTLs (25,00%) nos TC2 nos SMA e SAA; para AE foram mapeados 13 QTLs (43,33%) nos TC1 e oito QTLs (28,57%) nos TC2 nos SNA e SMA; 14 QTLs (46,60%) nos TC1 e sete QTLs (25,00%) nos TC2 nos SNA e SAA; e 13 QTLs (43,30%) nos TC1 e oito QTLs (28,57%) nos TC2 nos SMA e SAA; para PRE foram mapeados 20 QTLs (48,78%) nos TC1 e 14 QTLs (40,00%) nos TC2 no SNA e SMA; 24 QTLs (58,54%) nos TC1 e 15 QTLs (42,86%) nos TC2 nos SNA e SAA; e 21 QTLs (51,22%) nos TC1 e 14 QTLs (40,00%) nos TC2 nos SMA e SAA.

Em todos os solos simultaneamente foram mapeados para AP 12 QTLs (40,00%) nos TC1 e nove QTLs (22,51%) nos TC2; para AE foram mapeados 10 QTLs (33,33%) nos TC1 e quatro QTLs (14,28%) nos TC2; para PRE foram mapeados 19 QTLs (46,34%) nos TC1 e 11 QTLs (31,43%) nos TC2.

Foram mapeados quatro QTLs no SNA, cinco QTLs no SMA e cinco QTLs no SAA coincidentes nos TC1 e nos TC2 para o caráter AP. Desses QTLs, três foram mapeados em cada par de solos e somente dois QTLs foram mapeados nos três solos simultaneamente; para AE foram mapeados seis QTLs no SNA, cinco QTLs no SMA e quatro QTLs coincidentes nos TC1 e nos TC2, sendo que desses QTLs, quatro foram mapeados no par de solos SNA e SMA, três no par de solos SNA e SAA e dois no par solos SMA e SAA, e somente um QTL foi mapeado nos três solos simultaneamente. Para PRE foram mapeados sete QTLs no SNA, sete QTLs no SMA e 10 QTLs no SAA, sendo que desses QTLs, seis foram mapeados em cada par de solos e nos três tipos de solos simultaneamente.

2.3.4.5 Caracteres de florescimento

Para os caracteres florescimento masculino (FM), florescimento feminino (FF) e intervalo entre florescimentos (IF) foram mapeados 17, 31 e 35 QTLs nos TC1 e 16, 32 e 33 QTLs nos TC2, respectivamente (Tabelas 35 a 40). O número de QTLs mapeados para os diferentes caracteres de florescimento foram similares em ambos os testecrosses. No entanto, a variância genética dos TC1 e TC2 diferiram significativamente para todos os caracteres, indicando que o número de QTLs mapeados nos testecrosses de diferentes testadores não dependeram somente da variância genética dos testecrosses. Estes resultados divergem dos reportados por Austin; Lee; Veldboom (2001) que mapearam números aproximados de QTLs em testecrosses de três testadores distintos.

Foram mapeados QTLs em todos os cromossomos para todos os caracteres, exceto nos cromossomos 4 e 9 para o FM. A maior parte dos QTLs mapeados para os caracteres de florescimento concentraram-se no cromossomo 1 (36,58%).

Os efeitos médios de substituição alélica dos QTLs mapeados variaram de 0,01 dias (TC2) a 0,68 dias (TC2) para o FF, de 0,01 dias (TC2) a 0,68 dias (TC2) para o FF, e de 0,01 dias (TC2) a 0,66 dias (TC1) para IF. As proporções das variâncias fenotípicas explicadas pelos QTLs variaram de 0,01% (TC1 e TC2) a 5,00% (TC2) para FM, de 0,01% (TC1 e TC2) a 3,62% (TC1) para FF e de 0,01% (TC1 e TC2) a 9,85% (TC1) para IF. As proporções das variâncias genéticas explicadas pelos QTLs variaram de 0,01% (TC2) a 7,70% (TC2) para FM, de 0,01% (TC1 e TC2) a 5,75% (TC1) para FF e de 0,01% (TC2) a 23,45% (TC1) para IF.

Considerando os dois testadores, ambos os parentais contribuíram com um número aproximadamente igual de alelos favoráveis para o aumento da expressão dos caracteres de florescimento, exceto para FF para o qual a linhagem parental L 14-04F contribuiu com um maior número de alelos favoráveis do que a linhagem parental L 08-05F para ambos os testecrosses.

Dos QTLs mapeados nos TC1 e nos TC2, o número de QTLs que apresentaram uma significativa interação QTL x solo foram, respectivamente, 14 QTLs (82,35%) e oito QTLs (50,00%) para FM; 21 QTLs (67,75%) e 22 QTLs (68,75%) para FF; e 28 QTLs (80,00%) e 26 QTLs (78,79%) para IF. Assim, a maioria dos QTLs mapeados nos diferentes testecrosses apresentaram interação significativa com os níveis de acidez do solo.

O número de QTLs mapeados para FM nos TC1 foi de 10 QTLs (58,82%) no SNA, seis QTLs (35,29%) no SMA e oito QTLs (47,06%) no SAA; para os TC2 foi de 13 QTLs (81,25%) no SNA, nove QTLs (56,25%) no SMA e de 10 QTLs (62,50%) no SAA. Assim, não houve alteração consistente no número de QTLs nos diferentes solos para ambos os testecrosses para FM; o mesmo ocorreu para os caracteres FF e IF (Tabelas 47 a 49).

Em pares de solos, foram mapeados para FM seis QTLs (35,29%) nos TC1 e oito QTLs (50,00%) nos TC2 nos SNA e SMA; cinco QTLs (29,41%) nos TC1 e nove QTLs (56,25%) nos TC2 nos SNA e SAA; e três QTLs (17,64%) nos TC1 e oito QTLs (50,00%) nos TC2 nos SMA e SAA; para FF foram mapeados 12 QTLs (38,71%) nos TC1 e 15 QTLs nos TC2 nos SNA e SMA; 15 QTLs (48,39%) nos TC1 e 14 QTLs (43,75%) nos TC2 nos SNA e SAA; 12 QTLs (38,71%) nos TC1 e 12 QTLs (37,50%) nos TC2 nos SMA e SAA; para IF foram mapeados 13 QTLs (37,14%) nos TC1 e 12 QTLs (57,14%) nos TC2 nos SNA e SMA; 10 QTLs (28,57%) nos TC1 e 14 QTLs (42,42%) nos TC2 nos SNA e SAA; e nove QTLs (25,71%) nos TC1 e 10 QTLs (30,30%) nos TC2 nos SMA e SAA.

Em todos os solos simultaneamente foram mapeados três QTLs (17,65%) nos TC1 e oito QTLs (50,00%) nos TC2; para FF foram mapeados 10 QTLs (32,25%) nos TC1 e 10 QTLs (31,25%) nos TC2; pra IF foram mapeados sete QTLs (20,00%) nos TC1 e sete QTLs (21,21%) nos TC2.

Foram mapeados para FM apenas um QTL coincidente nos TC1 e TC2 no SNA e no SAA, e nenhum QTL coincidente foi mapeado no SMA. Da mesma forma não foi mapeado nenhum QTL coincidente nos pares de solos e em todos os solos simultaneamente. Para FF,

foram mapeados cinco QTLs no SNA, três QTLs no SMA e quatro QTLs no SAA coincidentes nos TC1 e nos TC2 sendo que desses QTLs, dois foram mapeados em cada par de solos e um QTL nos três solos simultaneamente. Para IF foram mapeados sete QTLs no SNA, quatro QTLs no SMA e quatro QTLs no SAA coincidentes entre nos TC1 e TC2 sendo que desses QTLs, três foram mapeados simultaneamente nos SNA e SMA, quatro nos SNA e SAA, dois nos SMA e SAA e dois QTLs foram mapeados em todos os tipos de solos simultaneamente.

2.3.5 Considerações gerais

As variâncias genéticas e herdabilidades dos testecrosses foram função do testador utilizado para os caracteres produção de grãos (PG), prolificidade (PROL) e caracteres de florescimento. Por exemplo, para PG a variância genética dos testecrosses do testador L 02-03D (TC2) foi superior à variância dos testecrosses do testador L 04-05F (TC1) nos três tipos de solos avaliados. Esses resultados sugeriram que houve uma maior complementariedade dos alelos do testador L 02-03D com os alelos da população que aliada ao grau de dominância para produção de grãos, variando de dominância parcial a completa, foi responsável pelas diferenças nas estimativas das variâncias genéticas nos diferentes testecrosses.

A acidez do solo influenciou nas estimativas das variâncias genéticas e coeficientes de herdabilidade para todos os caracteres avaliados. Para PG e PROL houve uma redução das variâncias genéticas e dos coeficientes de herdabilidade de ambos os testecrosses nos solos ácidos. Para os demais caracteres houve aumento das variâncias genéticas e coeficientes de herdabilidade para o acamamento e quebramento de plantas e redução para os caracteres de estatura da planta e caracteres de florescimento. Esses resultados foram devidos à redução da divergência genética dos parentais da população e da performance dos testadores nos solos ácidos.

As correlações genéticas entre os testecrosses de um mesmo testador em diferentes solos foram altas para todos os caracteres para ambos os testecrosses. Para PG a magnitude dos coeficientes de correlação sugeriram que a classificação dos TC2 no SNA e dos TC2 no SAA foi mais alterada do que nos demais pares de solos. As correlações genéticas entre os TC1 e os TC2 em cada solo variaram de moderadas a baixas para o caráter PG, sendo que a menor correlação ocorreu no SAA; para os demais caracteres as correlações variaram de moderadas a altas, e,

portanto, a interação testador x linhagem foi mais pronunciada para PG. As correlações genéticas entre os testecrosses de diferentes testadores em diferentes solos variaram de baixas a moderadas para PG, sendo que a menor correlação ocorreu para TC1 no SNA e TC2 no SAA; para os demais caracteres essas correlações variaram de moderadas a altas.

O número de QTLs mapeados neste estudo foi superior à maioria dos trabalhos de mapeamento de QTLs em testecrosses, o que foi devido ao método de mapeamento de QTLs (mCIM) que permite mapear QTLs em diversos ambientes e possui maior poder estatístico de detecção de QTLs (JIANG et al., 1999; LIMA et al., 2006).

Para o teste de hipóteses para a presença de um QTL na análise conjunta e da interação QTL x ambiente foram utilizados limites críticos que corresponderam a um *Lod* de 6,62 e 5,86, respectivamente, enquanto que na literatura relatos de utilização de *Lod* igual a 3 ou abaixo de 3 são freqüentes. O *lod* igual a 3 significa que é de 1/1000 vezes a chance de aceitar uma hipótese de ausência do QTL (H_0) sendo que ela é falsa (Erro do tipo I). Neste estudo, essa relação foi de aproximadamente 1/1.000.000 de vezes. Então, pode-se considerar que neste estudo o nível crítico para considerar a significância de um QTL foi superior aos relatados na literatura, significando uma menor ocorrência de erro do tipo I.

A principal causa da diferença no número de QTLs mapeados foi a variabilidade genética dos testecrosses. Esse fato foi evidente para PG, visto que os TC2 apresentaram uma maior variabilidade genética e cerca de 2,0 vezes mais QTLs mapeados em relação aos TC1. A maioria dos QTLs mapeados considerando todos os caracteres concentraram-se nos cromossomos 1, 2 e 3. O método de mapeamento de QTLs propiciou mapear QTLs de pequeno efeito na expressão dos caracteres em ambos os testecrosses, sendo que a proporção da variância fenotípica explicada variou de 0,01% (todos os caracteres) a 13,54% (AP).

Houve uma elevada interação QTL x solo para todos os caracteres avaliados nos diferentes testecrosses. Para PG, por exemplo, 80,00% dos QTLs mapeados nos TC1 e 84,62% dos QTLs mapeados nos TC2 apresentaram interação com solos. Para os demais caracteres uma porcentagem acima de 50,00% dos QTLs mapeados apresentaram interação com solo. Os níveis de acidez do solo não alteraram o número de QTLs mapeados em ambos os testecrosses para os diferentes caracteres, mesmo quando houve redução da variância genética nos solos ácidos. Dos QTLs mapeados nos diferentes solos, houve QTLs mapeados em dois solos e em todos os solos simultaneamente, mas o número de QTLs mapeados em dois solos foi superior ao número de

QTLs mapeados em todos os solos. Os resultados indicaram que a sub-divisão de solos pode aumentar o número de QTLs estáveis em cada sub-grupo de solos. Por exemplo, dos QTLs mapeados para PG nos TC1, sete foram detectados simultaneamente nos SNA e SMA, seis nos SNA e SAA, sete nos SMA e SAA e quatro foram mapeados em todos os solos simultaneamente. Dos QTLs mapeados para PG nos TC2 12 foram detectados simultaneamente SNA e SMA, seis nos SNA e SAA, oito nos SMA e SAA e seis nos SMA e SAA. Pode-se observar que os TC2 apresentaram um maior número de QTLs mapeados em dois solos e em três solos simultaneamente, exceto nos SNA e SAA.

A maioria dos QTLs mapeados para os diversos caracteres foram específicos para cada testador nos diferentes níveis de acidez do solo. Esses resultados mostraram a importância de se mapear QTLs com mais de um testador, pois os QTLs mapeados podem diferir de acordo com o testador utilizado. Os QTLs coincidentes mapeados em um solo não necessariamente foram mapeados em um outro solo, indicando a influência da interação QTL x solo na coincidência dos QTLs mapeados nos dois testecrosses. Para todos os caracteres houve uma redução do número de QTLs coincidentes mapeados em dois solos e nos três solos simultaneamente em relação ao número de QTLs mapeados em cada solos individualmente. Isso indica que QTLs mapeados em testecrosses com diferentes testadores e em diversos níveis de acidez simultaneamente devem ser raros.

No melhoramento convencional o objetivo é melhorar a média dos caracteres em ciclos sucessivos de seleção. A média esperada com a seleção depende da média original da população e da resposta à seleção. Neste estudo, para diversos caracteres a resposta à seleção diferiu entre os testecrosses utilizados, devido às diferentes magnitudes das variâncias genéticas e dos coeficientes de herdabilidade apresentadas pelos TC1 e TC2. Por exemplo, para PG a resposta à seleção foi superior para os TC2 nos diferentes solos. Entretanto, a média esperada após um ciclo seleutivo nos TC2 foi superior à dos TC1 apenas no SNA, enquanto que nos solos ácidos não houve diferenças nas médias esperadas com a seleção para ambos os testecrosses, o que deveu-se às maiores médias apresentadas pelos TC1 nos solos ácidos. Portanto, para elevar-se a resposta à seleção nos programas de melhoramento em milho tanto a média quanto a variância genética dos testecrosses devem ser altas. Uma forma de obtenção de elevada média e variabilidade genética é a utilização de testadores de um grupo heterótico distinto do grupo heterótico da população, como sugerido por Hallauer; Lopez-Perez (1979).

A seleção assistida por marcadores moleculares (SAM) como sugerida por Stuber; Sisco (1991) poderia ser utilizada para o melhoramento de híbridos. Nesse método, QTLs favoráveis não presentes nas linhagens elites parentais de um híbrido simples são mapeados em outras linhagens e transferidos via retrocruzamento assistido por marcadores moleculares para as linhagens elites. No caso deste estudo, essa metodologia poderia ser aplicada para o melhoramento do híbrido L 04-05F x L 02-03D. No caso do melhoramento para produção de grãos, por exemplo, ambos os parentais da população possuíam alelos favoráveis com cada testador. Linhagens da população que apresentarem QTLs mapeados nos testecrosses da linhagem testadora L 02-03D poderiam ser utilizadas para introgressão de QTLs via retrocruzamento assistido na linhagem L 04-05F; o mesmo poderia ser realizado para introgridir QTLs na linhagem L 02-03D mapeados nos testecrosses com a linhagem L 04-05F.

Outra alternativa de aplicação da SAM seria na obtenção de uma linhagem melhorada para o cruzamento com o testador L 04-05F ou L 02-03D, como sugerido por Tanksley; Nelson (1996). Por exemplo, para produção de grãos, foram mapeados QTLs com alelos favoráveis nos dois parentais. Considere que nas progênes $F_{2:3}$ exista linhagens contendo cinco QTLs diferentes em cada uma. Essas linhagens podem ser cruzadas formando uma população F_2 , e dessa população F_2 uma linhagem contendo os 10 QTLs poderia ser selecionada com base nos marcadores moleculares ligados a esses QTLs. Assim, essa linhagem seria cruzada com o testador para obtenção do híbrido melhorado.

O melhoramento do híbrido deve ser realizado com base nas informações da interação QTL x solos. Por exemplo, se o objetivo for melhorar o híbrido para o cultivo em vários tipos de solos, os QTLs devem ser aqueles mapeados em todos os tipos de solos simultaneamente; o mesmo procedimento pode ser adotado caso o objetivo seja melhorar o híbrido para dois solos simultaneamente. Como o número de QTLs mapeados em dois solos foi superior ao número de QTLs mapeados em todos os solos simultaneamente, espera-se que a aplicação da seleção assistida por marcadores moleculares possa ser mais efetiva dividindo-se os solos em sub-grupos nos quais os QTLs mapeados não apresentaram interação significativa. Com base nestes resultados, o estudo da interação QTL x solo pode ser importante para se delinear a aplicação da seleção assistida por marcadores moleculares no melhoramento de milho em regiões tropicais.

3 CONCLUSÕES

Os resultados deste estudo e as discussões realizadas permitiram concluir que:

- 1- A variância genética dos testecrosses reduz conforme o aumento da acidez do solo para a maioria dos caracteres quantitativos.
- 2- A redução da variabilidade genética dos testecrosses nos solos ácidos não afeta o número de QTLs mapeados nos testecrosses de diferentes testadores.
- 3- Há uma elevada interação QTL x solo para todos os caracteres nos testecrosses de diferentes testadores.
- 4- A interação QTL x solo alterou o número de QTLs coincidentes mapeados nos diferentes testecrosses.
- 5- Para ambos os testecrosses e para todos os caracteres houve um maior número de QTLs mapeados em dois solos simultaneamente do que em todos os solos, indicando que o zoneamento da interação QTL x solo pode levar a maior resposta à seleção assistida por marcadores moleculares.

REFERÊNCIAS

AJMONE-MARSAN, P.; MONFREDINI, G.; LUDWIG, W. F.; MELCHINGER, A. E.; FRANCESCHINI, P.; MOTTO, M. Identification of genomic regions affecting plant height and their relationship with grain yield in an elite maize. **Maydica**, Bergamo, v. 39, n. 2, p.133-139, 1994.

AJMONE-MARSAN, P.; MONFREDINI, G.; LUDWING, W. F.; MELCHINGER, A. E.; FRANCESCHINI, P.; PAGNOTTO G.; MOTTO, M. In an elite cross of maize a major quantitative trait locus controls one-fourth of the genetic variation for yield. **Theoretical and Applied Genetics**, New York, v. 90, n. 3-4, p. 415-424, 1995.

AJMONE-MARSAN, P.; GORNI, C.; CHITTÒ, A.; REDAELLI, R.; van VIJK, R.; STAM, P.; MOTTO, M. Identification of QTLs for grain yield and grain-related traits of maize (*Zea mays* L.) using an AFLP map, different testers, and cofactor analysis. **Theoretical and Applied Genetics**, New York, v. 102, n. 2-3, p. 230-243, 2001.

ALVES, G. **Relações entre seleção de testadores de milho e suas divergências genéticas**. 2006, 145 p. Tese (Doutorado em Agronomia em Genética e Melhoramento de Plantas) - Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 2006.

AUSTIN, D. F.; LEE, M.; VELDBOOM, L. R.; HALLAUER, A. R. Genetic mapping in maize with hybrid progeny across testers and generations: Grain yield and grain moisture. **Crop Science**, Madison, v. 40, p. 30-39, 2000.

AUSTIN, D. F., LEE, M.; VELDBOOM, L.R. Genetic mapping in maize hybrid progeny across testers and generations: plant height and flowering. **Theoretical and Applied Genetics**, New York, v. 102, n. 1, p. 163-176, 2001.

BABOUCARR, M.; STAM, P.; STUIK, P. C.; BRUCE-OLIVER, S.; van EEUWIJK, F. A. QTL-based analysis of genotype-by-environment interaction for grain yield of rice in stress and non-stress environments. **Euphytica**, Wageningen, v.156, n. 1-2, p. 213-226, 2007.

BAHIA FILHO, A. F. C.; MANGNAVACA, R.; SCHAFFERT, R. E.; ALVES, V. M. C. Identification, utilization and economic impact of maize germplasm tolerant to low level of phosphorous and toxic level of exchangeable aluminium in Brazil soil In: MONIZ, A. C.; FURLANI, A. M. C.; SCHAFFERT, R. E; FAGERIA, N. K., ROSOLEM, C. A.; CANTARELLA, H. **Plant-soil interactions at low pH**. Campinas/Viçosa: Brazilian Soil Society, Brasil, 1997, p.59-70.

BASTEN, C. J.; WEIR, B. S.; ZENG, Z. B. **QTL Cartographer**. Raleigh: Department of Statistics, North Carolina State University, 2001. 161p.

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

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

BERNARDO, R. Correlation between testcross performance of lines at early and late selfing generations. **Theoretical and Applied Genetics**, New York, v. 82, n. 1, p.17-21, 1991.

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

BOHN, M.; KHAIRALLAH, M. M.; GONZÁLEZ-DE-LÉON, D.; HOISINGTON, D. A.; UTZ, H. F.; DEUTSCH, J. A.; JEWELL, D. C.; MIHM, J. A.; MELCHINGER, A. E. QTL mapping in tropical maize: I. Genomic regions affecting leaf feeding resistance to sugarcane borer and other traits. **Crop Science**, Madison, v. 36, n. 5, p. 1352-1361, 1996.

BOHN, M.; KHAIRALLAH, M. M.; JIANG, C.; GONZÁLEZ-DE-LEON, D.; HOISINGTON, D. A.; UTZ, H. F.; DEUTSCH, J. A.; JEWELL, D. C.; MIHM, J. A.; MELCHINGER, A. E. QTL mapping in tropical maize: II. Comparison of genomic regions for resistance to *Diatraea* ssp. **Crop Science**, Madison, v. 37, n. 6, p. 1892-1902, 1997.

BORRERO, J. C.; PANDEY, S.; CEBALLOS, H.; MAGNAVACA, R.; BAHIA FILHO, A. F. C. Genetic variances for tolerance to soil acidity in a tropical maize population. **Maydica**, Bergamo, n. 3, v. 40, p. 283-288, 1995.

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

CÂMARA, T. M. M. **Mapeamento de QTLs de caracteres relacionados à tolerância ao estresse hídrico em milho tropical**. 2006, 177 p. Tese (Doutorado em Agronomia em Genética e Melhoramento de Plantas) - Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 2006.

CAO, G.; ZHU, J.; HE, C.; GAO, Y.; YAN, J.; WU, P. Impact of epistasis and QTL x environment interaction on the development behavior of plant height in rice (*Oryza sativa* L.). **Theoretical and Applied Genetics**, New York, v.103, n. 1, p.153-160, 2001.

CEBALLOS, H.; PANDEY, H. S.; KNAPP, E.; DUQUE-VARGAS, J. Progress from selection for tolerance to soil acidity in five tropical maize populations. In: DATE, R. GRUNDON, N. J. RAYMENT, G. E.; PROBERT, M. E. **Plant soil interactions at low pH: Principles and management**. Kluwer Academic Publishers, Dordrecht, Netherlands, p. 419-424, 1995.

CEBALLOS, H.; PANDEY, S.; NARRO, L.; VELÁSQUEZ, J. C. P. Additive, dominant, and epistatic effects for maize grain yield in acid and non-acid soils. **Theoretical and Applied Genetics**, New York, v.96, n. 5, p.662-668, 1998.

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

COWEN, N. M. The use of replicated progenies in marker-based mapping of QTLs. **Theoretical and Applied Genetics**, New York, v. 75, n. 6, p. 857-862, 1988.

CROSSA, J.; VARGAS, M.; van EEUWIJK, F.; JIANG, V.; EDMANDES, G. O.; HOISINGTON, D. Interpreting genotype x environment interaction in tropical maize using linked molecular markers and environment covariables. **Theoretical and Applied Genetics**, New York, v. 99, n. 3-4, p.611-625, 1999.

DITINGER, J.; VERGER, D.; CAIVEAU, S.; RESTERUCCI, A. M.; GILLES, J.; CHIROLEU, F.; COURTOIS, B.; REYNAUD, B.; HAMON, P. Genetic mapping of maize stripe disease resistance from the Mascarene source. **Theoretical and Applied Genetics**, New York, v. 111, n. 2, p. 347-359, July, 2005.

DOERGE, R. W. Mapping and analysis of quantitative trait loci in experimental populations. **Nature Reviews Genetics**, New York, v. 3, p. 43-52, 2002.

DUQUE-VARGAS, J.; PANDEY, S.; GRANADOS, G.; CEBALLOS, H.; KNAPP, E. Inheritance of tolerance to soil acidity in tropical maize. **Crop Science**, Madison, v.34, n.1, p.50-54, 1994.

EATHINGTON, S. R.; DUDLEY, J. W.; RUFENER II, G. K. Usefulness of marker-QTL associations in early generation selection. **Crop Science**, Madison, n.6, v.37, p. 1686-1693, 1997.

ESWARAN, H.; REICH, P.; BEINROTH, R. Global distribution of soils with acidity. In: MONIZ, A. C.; FURLANI, A. M. C.; SCHAFFERT, R. E.; FAGERIA, N. K.; ROSOLEM, C. A.; CANTARELLA, H. **Plant-soil interactions at low pH**. Campinas/Viçosa: Brazilian Soil Society, 1997, p.159-164.

FALCONER, D.S.; MACKAY, T.F.C. **Introduction to Quantitative Genetics**. 4th ed. New York: Longman Group, 1996, 464p.

FISHER, R. A. The correlation between relatives on the supposition of mendelian inheritance. **Transactions of the Royal Society of Edinburgh**, Edinburgh, v. 52, p. 399-433, 1918.

FUENTE, J.M.; RAMÍREZ-RODRIGUEZ, V.; CABRERA-PONCE, J. L.; HERRERA-ESTRELLA, L. Aluminum tolerance in transgenic plants by alteration of citrate synthesis. **Science**, v.276, n. 5318, Washington, p. 1566-1568, 1997.

GRANADOS, G.; PANDEY, S.; CEBALLOS, H. Response to selection for tolerance to acid soil in a tropical maize population. **Crop Science**, Madison, v. 33, p.936-640, 1993.

GROH, S.; KHAIRALLAH, M. M.; GONZALEZ, D.; WILLCOX, M.; JIANG, C.; HOISINGTON, D. A.; MELCHINGER, A. E. Comparison of QTL in RILs and their testcross progenies of tropical maize for insect resistance and agronomic traits. **Plant Breeding**, Berlin, v. 117, n. 3, p.193-202, 1998.

HALLAUER, A. R.; LOPEZ-PEREZ, E. Comparisons among testers for evaluating lines of corn. **Proceedings of Annual Hybrid Corn Industry Research Conference**, Chicago, v.34, p.57-75, 1979.

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

HALLAUER, A. R. Methods used in developing maize inbreds. **Maydica**, Bergamo, v.35, p. 1-16, 1990.

HANOCQ, E.; NIARQUIN, M; HEUMEZ, E.; ROUSSET, M.; LW GOUIS, J. Detection and mapping of QTL for earliness components in a bread wheat recombinant inbred lines population. **Theoretical and Applied Genetics**, New York, v. 110, n.1, p.106-115, 2004.

JANSEN, R. C.; STAM, P. High resolution of quantitative traits into multiple loci via interval mapping. **Genetics**, Austin, v. 136, p. 1447-1455, 1994.

JANSEN, R. C.; VAN OOIJEN, J. W.; STAM, P.; LISTER, C.; DEAN, C. Genotype-by-environment interaction in genetic mapping of multiple quantitative trait loci. **Theoretical and Applied Genetics**, New York, v. 91, n.1, p. 33-37, 1995.

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

JIANG, C.; EDMEADES, G. O.; ARMSTEAD, I.; LAFITTE, H. R.; HAYWARD, M. D.; HOISINGTON, D. Genetic analysis of adaptation differences between highland and lowland tropical maize using molecular markers. **Theoretical and Applied Genetics**, New York, v. 99, n. 7-8, p. 1106-1119, 1999.

KAO, C.H.; ZENG, Z.B.; TEASDALE, R.D. Multiple interval mapping for quantitative trait loci. **Genetics**, Austin, v.152, p.1203-1216, 1999.

KERNS, M. R.; DUDLEY, J. W.; RUFENER II, G. K. Tester and type of progeny affect QTL detection in maize. **Maydica**, Bergamo, v. 44, p. 69-83, 1999.

KHAIRALLAH, M. M.; BOHN, M.; JIANG, C.; DEUTSCH, J. A.; JEWELL, D. C.; MIHM, J. A.; MELCHINGER, A. E.; GONZÁLEZ-DE-LEON, D.; HOISINGTON, D. A. Molecular mapping of QTL for southwestern corn borer resistance, plant height and flowering in tropical maize. **Plant Breeding**, Berlin, v. 117, n. 4, p. 309-318, 1998.

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

KNAPP, S. J. Marker-assisted selection as a strategy for increasing the probability of selecting superior genotypes. **Crop Science**, Madison, v. 38, n. 5, p. 1164-1174, 1998.

KOCHIAN, L. V.; HOEKENGA, O. A.; PIÑEROS, M. A. How do crop plant tolerate acid soils? Mechanisms of aluminum tolerance and phosphorous efficiency. **Annual Review of Plant Biology**, Palo Alto, v. 55, p.459-493, 2004.

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

LANDE, R.; THOMPSON, R. Efficiency of marker-assisted selection in the improvement of quantitative traits. **Genetics**, Austin, v.124, p. 743-456, 1990.

LANDER, E.S.; GREEN, P.; ABRAHAMSON, J.; BARLOW, A.; DALY, M.J.; LINCOLN, S.E.; NEWBURG, L. Mapmaker: an interactive computer package for constructing primary genetic linkage maps of experimental and natural populations. **Genomics**, San Diego, v.1, n. 2, p.174-181, 1987.

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

LEE, C.; WU, X. L. Evaluation of cofactor markers for controlling genetic background noise in QTL mapping. **Asian-Australasian Journal of Animal Sciences**, Seoul, v. 16, n. 4, p. 473-480, 2003.

LIANG, F.; DENG, Q.; WANG, Y.; XIONG, Y.; JIN, D.; LI, J.; WANG, B. Molecular marker-assisted selection for yield-enhancing genes in the progeny of “9311” x O. rufipogon using SSR. **Euphytica**, Wageningen, v. 139, n. 2, p. 159-165, 2004.

LIMA, M. L. A.; SOUZA JR., C. L.; BENTO, D. A. V.; SOUZA, A. P.; CARLINI-GARCIA, L. A. Mapping QTL for grain yield and plant traits in a tropical maize population. **Molecular Breeding**, Wageningen, v. 17, n.3, p. 227-239, 2006.

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

LOPES, M. T. G. **Mapeamento de genes de resistência a mancha de *Phaeosphaeria* em milho**. 2003. 117 p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 2003.

LU, H.; ROMERO-SEVERSON, J.; BERNARDO, R. Genetic basis of heterosis explored by simple sequence repeat markers in rondon-mated maize population. **Theoretical and Applied Genetics**, New York, v.107, n. 3, p.494-502, 2003.

LÜBBERSTEDT, T.; MELCHINGER, A. E.; SCHÖN, C.C.; UTZ, F.; KLEIN, D. QTL Mapping in testcrosses of european flint lines of maize: I. Comparison of different testers for yield traits. **Crop Science**, Madison, v. 37, n. 3, p.921-931, 1997.

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

MALAVOLTA, E. **Manual de nutrição mineral de plantas**. São Paulo: Editora Agronômica Ceres, 2006. 631 p.

MALOSETTI, M.; VOLTAS, J.; RAMAGOSA, I.; ULLRICH, S. E.; van EEUWIJK, F. A.; Mixed models including environmental covariables for studying QTL by environment interaction. **Euphytica**, Wageningen, v. 137, n. 1, p. 139-145, 2004.

MANGOLIN, C. A.; SOUZA JÚNIOR, C. L.; GARCIA, A. A. F.; GARCIA, A. F.; SIBOV, S. T.; SOUZA, A. P. Mapping QTLs for kernel oil content in a tropical maize population. **Euphytica**, Wageningen, v. 137, n. 2, p. 251-259, 2004.

MARSCHNER, H. Mechanisms to adaptation of plants to acid soil. **Plant and Soil**, Dordrecht, v.134, n. 1, p. 1-20, 1991.

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

MIRANDA FILHO, J. B.; VENCOSKY, R. **Variance among testcrosses**. Piracicaba: USP/ESALQ, Departamento de Genética, 2001. 11p. (Publicação Didática).

MONTGOMERY, D. C. **Design and analysis of experiments**. 5th ed. New York : John Wiley, , 2001. 684 p.

MOREAU, L.; CHARCOSSET, A.; GALLAIS, A. Experimental of several cycles of marker-assisted selection in maize. **Euphytica**, Wageningen, v.137, n.1, p.111-118, 2004.

NAVAS, A. A.; HALLAUER, A. R.; PANDEY, S. Molecular studies for determination of quantitative trait loci for acid soil tolerance in maize. *Maize Genetics Cooperation Newsletter*, Ames, v.82, 2008. Disponível em: http://www.agron.missouri.edu/mnl/82/PDF_format/05navas.pdf. Acesso em: 07 dez. 2007.

NINAMANGO-CÁRDENAS, F. E.; GUIMARÃES, C. T.; MARTINS, P. R.; PARENTONI, S. N.; CARNEIRO, N. P.; LOPES, M. A.; MORO, J. R.; PAIVA, E. Mapping QTLs for aluminum tolerance in maize. **Euphytica**, Wageningen, v. 130, n. 2, p. 223-232, 2003.

PANDEY, S.; CEBALLOS, H.; MAGNAVACA, R.; BAHIA FILHO, A. F. C.; DUQUE-VARGAS, J.; VINASCO, L. Genetics of tolerance to soil acidity in tropical maize. **Crop Science**, Madison, v. 34, n. 6, p. 1511-1514, 1994.

PANDEY, S.; LEÓN, L. A. N.; FRIESEN, D. K.; WADDINGTON, S. R. Breeding maize for tolerance to soil acidity. In: JUNICK, J. **Plant Breeding Reviews**. v. 28, New York: John Wiley & Sons, 2007, capítulo 1, p. 3-100.

PARENTONI, S. N.; ALVES, V. M. C.; MILACH, S. K.; CANÇADO, G. M. A.; BAHIA FILHO, A. F. C. Melhoramento para tolerância ao alumínio como fator de adaptação a solos ácidos. In: NASS, L. L.; VALOIS, A. C. C.; MELO, I. S.; VALADARES-INGLIS, M. C. **Recursos Genéticos & Melhoramento**. Rondonópolis: Fundação Mato Grosso, 2001. p. 784-851.

PATERNIANI, M. E. A. G. Z.; FURLANI, P. R. Tolerância à toxicidade de alumínio de linhagens e híbridos de milho em solução nutritiva. **Bragantia**, Campinas, v. 61, n. 1, p. 11-16, 2002.

PATERSON, A.H.S.; DAMON, J.D.; HEWITT, D. ZAMIR, H.D. Mendelian factors underlying quantitative traits in tomato: comparisons across species, generations and environments. **Genetics**, Austin, v.127, p. 181-197. 1991.

PIMENTEL-GOMES, F. **Curso de Estatística Experimental**. 14. ed. Piracicaba: F. Pimentel-Gomes, 2000. 477p.

PROVINCE, M. A. Sequential methods of analysis for genome scans. **Advances in Genetics**, New York, v. 42, p. 499-514, 2001.

RAGOT, M.; LEE, M. Marker-assisted selection in maize: current status, potential, limitations and perspectives from the private and public sectors. In: GUIMARÃES, E.; RUANE, J.; SCHERF, B. D.; SONNINO, A.; DARGIE, J. D. 2007. **Marker-assisted selection**: current status and future perspectives in crops, livestock, forestry and fish. Rome: FAO, 2007, chap. 8, 471p.

RAO, I. M.; ZEIGLER, R. S.; VERA, R.; SARKARUNG, S. Selection and breeding for acid-soil tolerance in crops. **BioScience**, Washington, v. 43, n.7, p.454-465, 1993.

RAWLINGS, J. O.; THOMPSON, D. L. Performance level as criterion for the choice of maize testers. **Crop Science**, Madison, v. 2, p. 217-220, 1962.

RIBAUT, J. M.; JIANG, C.; GONZÁLEZ-DE-LEÓN, D.; EDMÉADES, G. O.; HOISINGTON, D. A. Identification of quantitative trait loci under drought conditions in tropical maize. II. Yield components and marker-assisted selection strategies. **Theoretical and Applied Genetics**, New York, v. 94, n. 6-7, p.887-896, 1997.

ROMÁN, B.; TORRES, A. M.; RUBIALES, D.; CUBERO, J. I.; SATOVIC, Z. Mapping of quantitative trait loci controlling broomrape (*Orobanche crenata* Forsk.) resistance in faba bean (*Vicia faba* L.), **Genome**, Ontario, v. 45, n. 6, p.1057-1063, 2002.

SALAZAR, F.S; PANDEY, S.; NARRO, L.; PEREZ, J. C.; CEBALLOS, H.; PARENTONI, S. N.; BAHIA FILHO, A. F. C. Diallel analysis of acid-soil tolerant and intolerant tropical maize populations. **Crop Science**, Madison, v. 37, n. 5, p.1457-1462, 1997.

SANGUINETI, M. C.; GIULIANI, M. M.; GOVI, G.; TUBEROSA, R.; LANDI, P. Root and shoot traits of maize inbred lines grown in the field and in hydroponic culture and their relationships with root loading. **Maydica**, Bergamo, v. 43, p. 211-216, 1998.

SANTOS, M. F.; MORO, G. V.; AGUIAR, A. M; SOUZA JÚNIOR, C. L. de. Responses to reciprocal recurrent selection and changes in genetic variability in IG-1 and IG-2 maize populations. **Genetics and Molecular Biology**, São Paulo, v.28, n. 4, p. 781-788, 2005.

SAS Institute. **SAS user's guide**: Statistics. 4th ed. SAS Inst., Cary, NC,1990.

SATTERTHWAITE, R. E. An approximate distribution of estimates of variance components. **Biometrics**, Washington, v. 2, n. 6; p. 110-114, 1946.

SCHÖN, C.C; MELCHINGER, A. E.; BOPPENMAIER, J.; BRUNKLAUS-JUNG, E.; HERRMANN, R. G.; SEITZER, J. F. RFLP Mapping in maize: Quantitative trait loci affecting testcross performance of elite european flint Lines. **Crop Science**, Madison, v. 34, n. 2, p. 378-389. 1994.

SEARLE, S. P.; CASELA, G.; MACCULLOCK. **Variance components**. New York: John Wiley & Sons, 1992, 501 p.

SIBOV, T. S.; GASPAR, M.; SILVA, M.J.; OTTOBONI, L. M. M.; ARRUDA, P.; SOUZA, A. P. Two genes control aluminum tolerance in maize: Genetic and molecular mapping analysis. **Genome**, Ottawa, v. 42, p. 475-482, 1999.

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

SIBOV, S. T.; SOUZA JÚNIOR, C. L.; GARCIA, A. A. F.; SILVA, A. R.; GARCIA, A. F.; MANGOLIN, C. A.; BENCHIMOL, L. L.; SOUZA, A. P. Molecular mapping in tropical maize (*Zea mays* L.) using microsatellite markers. 2. Quantitative trait (QTL) for grain yield, plant height, ear height and grain moisture. **Hereditas**, Lund, v.139, p. 107-115, n. 2, 2003b.

SOUZA JÚNIOR, C. L. de; SANTOS, M. X. dos; MAGNAVACA, R; GAMA, E. G. Estimativas de parâmetros genéticos na interpopulação de milho BR-105 x BR-106 e suas implicações no melhoramento. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 28, n. 4, p.473-479, abril, 1993.

STROMBERG, L. D.; DUDLEY, J. W.; RUFENER, G. K. Comparing conventional early generation selection with molecular marker assisted selection in maize. **Crop Science**, Madison, v.34, n. 5, p.1221-1225, 1994.

STUBER, C.W.S.E.; LINCOLN, D.H.; WOLFF, T.; HELENTJARIS, LANDER, E.S. Identification of genetic factors contributing to heterosis in a hybrid from two elite maize inbred lines using molecular markers. **Genetics**, Austin, v.132, p. 823-839. 1992.

STUBER, C. W.; SISCO, P. H. Marker-facilitated transfer of QTL alleles between elite inbred lines and responses in hybrids. In: ANNUAL CORN & SORGHUM RESEARCH CONFERENCE, 46, 1991, Chicago. Proc..., Chicago: ASTA, 1991, p.105, 113.

TANKSLEY, S. D.; NELSON, J. C. Advanced backcross QTL analysis: a method for the simultaneous discovery and transfer of valuable QTLs from unadapted germplasm into elite breeding lines. **Theoretical and Applied Genetics**, New York, v. 92, p. 191-230, 1996.

TANKSLEY, S. D.; GRANDILLO, S.; FULTON, T. M.; ZAMIR, D.; ESHED, Y.; PETIARD, V.; LOPEZ, J.; BECK-BUNN, T. Advanced backcross QTL analysis in a cross between an elite processing line of tomato and its wild relative *L. pimpinellifolium*. **Theoretical and Applied Genetics**, New York, v. 92, p. 213-224, 1996.

UNGERER, M. C.; HALLDORSDDOTTIR, S. S.; PURUGGANAN, M. A.; MACKAY, T. F. C. Genotype-environment interactions at quantitative trait loci affecting inflorescence development in *Arabidopsis thaliana*. **Genetics**, Baltimore, v. 165, n. 1, p. 353-365, 2003.

URREA-GÓMEZ, R.; CEBALLOS, H.; PANDEY, S.; BAHIA FILHO, A. F. C.; LÉON, L. A. A greenhouse screening technique for acid soil tolerance in maize. **Agronomy Journal**, Madison, v. 88, n. 5, p. 806-812, 1996.

VAN EEUWIJK, F. A.; MALOSETTI, M.; YIN, X.; STRUIK, P. C.; STAM, P. Statistical models for genotype by environment data: from conventional ANOVA models to eco-physiological QTLs models. **Australian Journal of Agricultural Research**, Melbourne, v. 56, n. 9, p. 883-894, 2005.

VARGAS, M.; VAN EEUWIJK, F. A.; CROSSA, J.; RIBAUT, J. M. Mapping QTLs and QTL x environment interaction for CIMMYT maize drought stress program using factorial regression and partial least squares methods. **Theoretical and Applied Genetics**, New York, v. 112, n. 6, p. 1009-1023, 2006.

VELÁSQUEZ, J.C.P. **Estimativas de efeitos gênicos de diversos caracteres em milho (*Zea mays*) em solos ácidos e não ácidos**. 2000, 127 p. Tese (Doutorado em Agronomia em Genética e Melhoramento de Plantas) - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", Universidade de São Paulo, Piracicaba, 2000.

VELDBOOM, L. R.; LEE, M. Molecular-marker facilitated studies of morphological traits in maize. II. Determination of QTLs for grain yield and yield components. **Theoretical and Applied Genetics**, New York, v. 89, n. 4, p. 451-458, 1994.

VELDBOOM, L. R.; LEE, M. Genetic mapping of quantitative trait loci in maize in stress and nonstress environments: I. Grain yield and yield components. **Crop Science**, Madison, v. 36, n. 5, p. 1310-1319, 1996.

VENCOVSKY, R.; BARRIGA, P. **Genética biométrica no fitomelhoramento**. Ribeirão Preto: Sociedade brasileira de genética, 1992. 496p.

VIERA, C.; PASYUKOVA, E. G; ZENG, Z. B.; HACKETTE, J. B.; LYMAN, R. F.; MACKAY, T. F. C. Genotype-environment interaction for quantitative trait loci affecting life span in *Drosophila melanogaster*. **Genetics**, Austin, v. 154, n. 1, p. 213-227, 2000.

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

WELCHER, C. THÉ, C.; ANDRÉAU, B.; LEON, C. DE; PARENTONI, S. N.; BERNAL, J.; FÉLICITÉ, J.; ZONKENG, C.; SALAZAR, F.; NARRO, L.; CHARCOSSET, A.; HORST, W. J. Heterosis and combining ability for maize adaptation to tropical acid soils: Implications for future breeding strategies. **Crop Science**, Madison, v. 45, p. 2405-2413, 2005.

YADAV, R. S.; BIDINGER, F. R.; HASH, C. T.; YADAV, Y. P.; YADAV, O. P.; BHATNAGAR, S. K.; HOWARTH, C. J. Mapping and characterization of QTL x E interactions for traits determining grain and stover yield in pearl millet. **Theoretical and Applied Genetics**, New York, v. 106, n. 3, p. 512-520, 2003.

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

ZHU, J.; KAEPPLER, S. M.; LYNCH, J. P. Mapping of QTLs for lateral root branching and length in maize (*Zea mays* L.) under differential phosphorous supply. **Theoretical and Applied Genetics**, New York, v.111, n. 4, p. 688-695, 2005.

ANEXOS

Figura 2 - Mapa genético dos 10 cromossomos do milho para a população F_2 construído com 143 microssatélites. Posições e distâncias dos marcadores (cM) em relação ao primeiro marcador de cada cromossomo, de acordo com a função de Kosambi. A marca em elipse indica a posição do centrômero

Tabela 5 - Valores e significâncias dos quadrados médios das análises de variâncias individuais, médias gerais e coeficientes de variação (CV) para diversos caracteres avaliados nas linhagens parentais e testadoras em solos não ácido (SNA), de moderada (SMA) e alta acidez (SAA)

FV	GL	Quadrados Médios ^{a,b} - SNA								
		PG ^c	ACQ ^c	PROL ^{c,d}	AP	AE	PRE ^e	FM	FF	IF
Linhagens	3	13,00 **	3,39 ^{ns}	104,59 **	818,86 **	167,36 ^{ns}	13,46 **	209,36 **	130,25 **	32,86 **
Erro	21	0,88	4,51	2,92	117,65	62,36	1,50	1,46	2,42	1,20
Média Geral		3,81	1,76	0,98	157,91	77,09	0,49	67,34	66,38	-0,97
CV (%)		24,61	120,47	17,42	6,87	10,24	7,91	1,79	2,34	112,98

FV	GL	Quadrados Médios ^{a,b} - SMA								
		PG ^c	ACQ ^c	PROL ^{c,d}	AP	AE	PRE ^e	FM	FF	IF
Linhagens	3	3,29 **	0,59 ^{ns}	30,91 **	735,86 **	184,61 ^{ns}	19,76 **	102,38 **	92,53 **	23,36 **
Erro	21	0,61	0,58	3,47	133,36	91,78	1,02	4,40	4,84	5,27
Média Geral		2,79	0,94	0,72	160,16	81,91	0,51	68,81	67,09	-1,72
CV (%)		28,90	81,25	25,98	7,21	11,70	6,23	3,05	3,28	133,57

FV	GL	Quadrados Médios ^{a,b} - SAA								
		PG ^c	ACQ ^c	PROL ^{c,d}	AP	AE	PRE ^e	FM	FF	IF
Linhagens	3	3,84 **	1,07 ^{ns}	58,78 **	384,58 *	136,13 *	18,41 **	96,86 **	100,71 **	29,03 **
Erro	21	0,30	1,67	1,87	94,32	34,93	0,79	3,82	3,02	1,75
Média Geral		2,12	1,56	0,72	148,87	76,44	0,52	70,16	68,19	-1,97
CV (%)		25,92	82,75	19,05	6,52	7,73	5,45	2,78	2,55	67,11

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

^b ns, *, ** não significativo, significativo a $P \leq 0,05$ e $P \leq 0,01$, respectivamente, pelo teste *F*.

^c Os graus de liberdade do erro associados a estes caracteres é 20, pois o estande foi utilizado como covariável nas análises de variância.

^d valores multiplicados por 10².

^e valores multiplicados por 10³.

Tabela 6 - Valores e significâncias dos quadrados médios da análise de variância conjunta, médias gerais e coeficientes de variação (CV) para diversos caracteres avaliados nas linhagens parentais e testadoras em solos com diferentes níveis de acidez

FV	GL	Quadrados Médios ^a								
		PG	ACQ	PROL	AP	AE	PRE	FM	FF	IF
Solo (S)	2	34,78 *	4,67 ^{ns}	28,71 ^{ns}	1140,76 **	285,32 ^{ns}	6,13 ^{ns}	63,32 ^{ns}	26,66 ^{ns}	8,67 ^{ns}
L ^b x S	6	4,12 **	1,17 ^{ns}	8,46 *	55,20 ^{ns}	84,81 ^{ns}	3,46 **	23,71 **	17,60 **	1,78 ^{ns}
L 14-04B/S	2	22,36 **	2,10 ^{ns}	45,47 **	163,29 ^{ns}	111,79 ^{ns}	6,32 **	96,54 **	59,04 **	4,67 ^{ns}
L 08-05F/S	2	1,67 ^{ns}	4,14 ^{ns}	0,41 ^{ns}	215,29 ^{ns}	56,29 ^{ns}	5,88 **	1,54 ^{ns}	6,00 ^{ns}	2,54 ^{ns}
L 04-05F/S	2	7,09 **	1,71 ^{ns}	4,32 ^{ns}	227,63 ^{ns}	260,54 *	4,15 *	18,00 **	6,13 ^{ns}	4,63 ^{ns}
L 02-03D/S	2	25,07 **	0,07 ^{ns}	12,74 *	700,17 **	111,13 ^{ns}	0,16 ^{ns}	18,38 **	8,29 ^{ns}	2,17 ^{ns}
Erro	63	0,67	2,20	2,92	115,11	63,03	1,10	3,23	3,43	2,74
Média Geral		2,91	1,42	0,81	155,65	78,48	0,51	68,77	67,22	-1,55
CV%		28,17	104,31	21,21	6,89	10,12	6,56	2,61	2,75	106,60

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

^b L refere-se a Linhagem.

Tabela 7 - Médias das linhagens para diversos caracteres ^a nos solos não ácido (SNA), de moderada (SMA) e alta acidez (SAA) e diferenças mínimas significativas (DMS)

Linhagem	PG			ACQ			PROL		
	SNA	SMA	SAA	SNA	SMA	SAA	SNA	SMA	SAA
L 14-04B	5,39	3,07	2,96	1,68	0,71	1,53	1,46	0,93	1,04
L 08-05F	1,11	1,81	1,27	3,01	1,32	1,95	0,57	0,44	0,42
L 04-05F	4,24	3,72	2,51	1,12	0,71	1,64	0,92	0,78	0,76
L 02-03D	4,51	2,56	1,74	1,25	1,02	1,12	0,98	0,72	0,64
DMS 5%	0,47	..	..	0,86	..	..	0,10	..	..

Linhagem	AP			AE			PRE		
	SNA	SMA	SAA	SNA	SMA	SAA	SNA	SMA	SAA
L 14-04B	159,63	160,88	152,50	73,88	81,25	78,63	0,46	0,50	0,52
L 08-05F	144,38	149,50	139,13	75,13	80,00	79,38	0,52	0,53	0,57
L 04-05F	158,75	157,63	149,00	83,88	88,75	77,38	0,53	0,56	0,52
L 02-03D	168,88	172,63	154,88	75,50	77,63	70,38	0,45	0,45	0,45
DMS 5%	6,19	..	..	4,58	..	..	0,02	..	..

Linhagem	FM			FF			IF		
	SNA	SMA	SAA	SNA	SMA	SAA	SNA	SMA	SAA
L 14-04B	63,25	68,36	69,88	64,75	68,88	69,88	1,50	0,50	0,00
L 08-05F	74,38	74,00	74,88	72,38	70,88	72,38	-2,00	-3,13	-2,50
L 04-05F	67,88	66,38	69,38	64,75	63,38	65,00	-3,13	-3,00	-4,38
L 02-03D	63,88	66,50	66,50	63,63	65,25	65,50	-0,25	-1,25	-1,00
DMS 5%	1,04	..	..	1,07	..	..	0,96	..	..

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

Tabela 8 - Valores e significâncias dos quadrados médios ^a das análises de variâncias individuais, médias gerais, intervalos de variação das médias (IV) e coeficientes de variação (CV) para produção de grãos (t ha⁻¹) avaliada nos testecrosses nos solos não ácido (SNA), de moderada (SMA) e alta acidez (SAA) em diferentes anos

FV	GL	Experimento 1 ^b - SNA			Experimento 2 ^c - SNA		
		2004/05	2005/06	2006/07	2004/05	2005/06	2006/07
Testecrosses	255	3,49 **	2,70 **	1,92 **	3,26 **	2,82 **	1,92 **
Erro Intra ^d	224	1,17	1,04	0,99	0,83	1,05	0,88
Média Geral		10,79	11,58	10,18	10,63	11,05	10,00
IV		6,76;16,02	8,30;15,37	6,52;13,37	6,24;14,27	6,41;14,67	7,23;12,96
CV (%)		10,02	8,81	9,77	8,57	9,28	9,38

FV	GL	Experimento 1 ^b - SMA			Experimento 2 ^c - SMA		
		2004/05	2005/06	2006/07	2004/05	2005/06	2006/07
Testecrosses	255	1,63 **	1,32 **	1,54 **	2,00 **	2,04 **	2,02 **
Erro Intra ^d	224	0,99	0,87	0,79	1,33	0,87	1,07
Média Geral		9,66	10,87	8,78	9,78	11,42	8,02
IV		6,94;12,21	8,67;13,41	6,49;11,45	6,49;12,41	7,87;14,00	3,42;10,66
CV (%)		10,30	8,58	10,12	11,79	8,17	12,90

FV	GL	Experimento 1 ^b - SAA			Experimento 2 ^c - SAA		
		2004/05	2005/06	2006/07	2004/05	2005/06	2006/07
Testecrosses	255	2,77 *	2,81 **	1,43 **	2,68 **	2,47 **	1,73 **
Erro Intra ^d	224	2,18	1,77	1,02	1,70	1,74	1,07
Média Geral		7,25	9,36	6,64	7,30	9,62	6,66
IV		4,01;10,43	6,16;12,03	3,11;9,12	4,09;10,68	5,51;12,72	3,48;9,54
CV (%)		20,39	14,20	15,18	17,85	13,70	15,51

^a ns, *, ** não significativo, significativo a $P \leq 0,05$ e a $P \leq 0,01$, respectivamente, pelo teste F; ^b contém os testecrosses de 1 a 128 obtidos dos testadores L 04-05F e L 02-03D; ^c contém os testecrosses de 129 a 256 obtidos dos testadores L 04-05F e L 02-03D; ^d menos 1 GL devido à correção para estande.

Tabela 9 - Valores e significâncias dos quadrados médios ^a das análises de variâncias individuais, médias gerais, intervalos de variação das médias (IV) e coeficientes de variação (CV) para acamamento e quebramento de plantas (% plantas ha⁻¹) avaliado nos testecrosses nos solos não ácido (SNA), de moderada (SMA) e alta acidez (SAA) em diferentes anos

FV	GL	Experimento 1 ^b - SNA			Experimento 2 ^c - SNA		
		2004/05	2005/06	2006/07	2004/05	2005/06	2006/07
Testecrosses	255	1,36 *	1,64 **	1,31 ^{ns}	1,62 **	1,29 **	1,41 ^{ns}
Erro Intra ^d	224	1,07	1,17	1,20	1,12	0,96	1,19
Média Geral		1,59	1,67	1,57	1,84	1,41	1,63
IV		0,17;4,85	0,5;22	0,17;5,24	0,02;5,34	0,6;21	0,5;87
CV (%)		65,06	65,04	69,77	57,52	69,49	66,92

FV	GL	Experimento 1 ^b - SMA			Experimento 2 ^c - SMA		
		2004/05	2005/06	2006/07	2004/05	2005/06	2006/07
Testecrosses	255	2,49 ^{ns}	3,07 **	2,14 *	3,41 **	3,07 **	1,30 ^{ns}
Erro Intra ^d	224	2,32	2,22	1,72	2,41	2,19	1,13
Média Geral		3,04	3,09	2,66	3,15	2,91	1,56
IV		0;6,82	0;7,02	0;5,48	0,10;7,51	0,21;7,43	0;4,56
CV (%)		50,01	48,22	49,30	49,28	50,85	68,14

FV	GL	Experimento 1 ^b - SAA			Experimento 2 ^c - SAA		
		2004/05	2005/06	2006/07	2004/05	2005/06	2006/07
Testecrosses	255	3,18 *	2,56 ^{ns}	1,82 ^{ns}	2,91 **	2,79 **	1,71 ^{ns}
Erro Intra ^d	224	2,37	2,16	1,53	1,89	2,03	1,45
Média Geral		2,88	3,22	2,06	2,48	2,76	1,94
IV		0;6,97	0,61;6,90	0;5,52	0;7,23	0,33;6,82	0;5,41
CV (%)		53,40	45,72	60,12	55,35	51,62	61,89

^a ns, *, ** não significativo, significativo a $P \leq 0,05$ e a $P \leq 0,01$, respectivamente, pelo teste *F*; ^b contém os testecrosses de 1 a 128 obtidos dos testadores L 04-05F e L 02-03D; ^c contém os testecrosses de 129 a 256 obtidos dos testadores L 04-05F e L 02-03D; ^d menos 1 GL devido à correção para estande.

Tabela 10 - Valores e significâncias dos quadrados médios ^{a,b} das análises de variâncias individuais, médias gerais, intervalos de variação das médias (IV) e coeficientes de variação (CV) para prolificidade (espigas planta⁻¹) avaliada nos testecrosses nos solos não ácido (SNA), de moderada (SMA) e alta acidez (SAA) em diferentes anos

FV	GL	Experimento 1 ^c - SNA			Experimento 2 ^d - SNA		
		2004/05	2005/06	2006/07	2004/05	2005/06	2006/07
Testecrosses	255	8,30 *	7,65 **	8,28 ^{ns}	9,62 **	10,77 **	10,89 **
Erro Intra ^e	224	6,40	4,37	7,17	4,86	5,21	7,15
Média Geral		0,95	0,95	0,89	0,92	0,94	0,86
IV		0,76;1,21	0,75;1,12	0,69;1,11	0,51;1,08	0,57;1,11	0,53;1,06
CV (%)		8,42	6,98	9,53	7,58	7,68	9,83

FV	GL	Experimento 1 ^b - SMA			Experimento 2 ^c - SMA		
		2004/05	2005/06	2006/07	2004/05	2005/06	2006/07
Testecrosses	255	12,31 **	5,07 ^{ns}	10,31 **	20,21 **	10,09 **	14,82 **
Erro Intra ^e	224	8,07	4,37	7,20	13,60	3,92	6,96
Média Geral		0,98	0,91	0,88	1,00	0,87	0,82
IV		0,73;1,21	0,75;1,08	0,68;1,20	0,67;1,28	0,58;1,06	0,43;1,01
CV (%)		9,18	7,29	9,64	11,66	7,18	10,17

FV	GL	Experimento 1 ^b - SAA			Experimento 2 ^c - SAA		
		2004/05	2005/06	2006/07	2004/05	2005/06	2006/07
Testecrosses	255	18,57 ^{ns}	10,58 **	9,95 *	22,78 **	10,14 **	13,66 **
Erro Intra ^e	224	17,60	6,55	7,41	9,73	6,30	8,97
Média Geral		0,84	0,85	0,84	0,88	0,86	0,82
IV		0,57;1,10	0,62;1,02	0,60;1,02	0,49;1,16	0,61;1,03	0,45;1,02
CV (%)		15,74	9,55	10,29	11,19	9,24	11,58

^a valores multiplicados por 10³, ^b ^{ns}, *, ** não significativo, significativo a $P \leq 0,05$ e a $P \leq 0,01$, respectivamente, pelo teste *F*; ^c contém os testecrosses de 1 a 128 obtidos dos testadores L 04-05F e L 02-03D; ^d contém os testecrosses de 129 a 256 obtidos dos testadores L 04-05F e L 02-03D; ^e menos 1 GL devido à correção para estande.

Tabela 11 - Valores e significâncias dos quadrados médios ^a das análises de variâncias individuais, médias gerais, intervalos de variação das médias (IV) e coeficientes de variação (CV) para altura de planta (cm) avaliada nos testecrosses nos solos não ácido (SNA), moderada (SMA) e alta acidez (SAA) em diferentes anos

FV	GL	Experimento 1 ^b - SNA			Experimento 2 ^c - SNA		
		2004/05	2005/06	2006/07	2004/05	2005/06	2006/07
Testecrosses	255	131,54 **	109,90 **	115,76 **	101,61 *	127,39 **	105,57 **
Erro Intra	225	76,91	56,94	50,20	77,83	45,07	38,50
Média Geral		252,19	241,71	226,38	249,00	239,55	226,34
IV		229,97;280,2 5	217,47;263,2 5	202,34;248,2 5	227,13;270,7 8	215,13;263,6 9	204,34;247, 72
CV (%)		3,48	3,12	3,13	3,54	2,80	2,74

FV	GL	Experimento 1 ^b - SMA			Experimento 2 ^c - SMA		
		2004/05	2005/06	2006/07	2004/05	2005/06	2006/07
Testecrosses	255	125,96 **	124,93 *	120,41 **	132,96 **	126,88 **	131,26 **
Erro Intra	225	87,63	96,14	47,64	71,02	63,25	77,88
Média Geral		240,79	232,83	252,40	243,35	240,92	240,13
IV		209,91;264,2 8	210,31;252,7 5	225,59;275,5 9	215,66;267,5 6	218,50;265,0 0	219,59;274, 13
CV (%)		3,88	4,21	2,73	3,46	3,30	3,68

FV	GL	Experimento 1 ^b - SAA			Experimento 2 ^c - SAA		
		2004/05	2005/06	2006/07	2004/05	2005/06	2006/07
Testecrosses	255	188,78 **	223,53 **	139,93 **	184,73 **	193,87 *	182,04 **
Erro Intra	225	131,70	166,95	91,28	129,37	152,15	104,64
Média Geral		202,92	186,89	209,42	201,11	195,55	213,18
IV		167,56;230,8 4	152,78;217,9 7	187,69;237,0 3	172,06;230,3 4	165,56;231,8 4	189,66;238, 72
CV (%)		5,66	6,91	4,56	5,66	6,31	4,80

^a ns, *, ** não significativo, significativo a $P \leq 0,05$ e a $P \leq 0,01$, respectivamente, pelo teste F ; ^b contém os testecrosses de 1 a 128 obtidos dos testadores L 04-05F e L 02-03D; ^c contém os testecrosses de 129 a 256 obtidos dos testadores L 04-05F e L 02-03D.

Tabela 12 - Valores e significâncias dos quadrados médios ^a das análises de variâncias individuais, médias gerais, intervalos de variação das médias (IV) e coeficientes de variação (CV) para altura de espiga (cm) avaliada nos testecrosses nos solos não ácido (SNA), de moderada (SMA) e alta acidez (SAA) em diferentes anos

FV	GL	Experimento 1 ^b - SNA			Experimento 2 ^c - SNA		
		2004/05	2005/06	2006/07	2004/05	2005/06	2006/07
Testecrosses	255	107,49 **	65,52 *	81,51 **	93,48 **	95,20 **	86,02 **
Erro Intra	225	63,42	49,20	48,09	64,88	36,95	37,25
Média Geral		144,72	131,74	113,52	142,25	129,04	113,96
IV		123,38;164,9 4	110,72;150,2 2	91,91;132,66	118,19;165,2 2	109,69;148,6 9	92,69;131,5 0
CV (%)		5,50	5,32	6,11	5,66	4,71	5,36
FV	GL	Experimento 1 ^b - SMA			Experimento 2 ^c - SMA		
		2004/05	2005/06	2006/07	2004/05	2005/06	2006/07
Testecrosses	255	93,48 **	95,20 **	86,02 **	164,85 **	111,56 **	116,46 **
Erro Intra	225	64,88	36,95	37,25	74,44	50,69	60,03
Média Geral		142,25	129,04	113,96	139,47	127,81	128,31
IV		118,19;165,2 2	109,69;148,6 9	92,69;131,50	100,66;166,5 3	104,13;146,4 1	104,63;153, 13
CV (%)		5,66	4,71	5,36	6,19	5,57	6,04
FV	GL	Experimento 1 ^b - SAA			Experimento 2 ^c - SAA		
		2004/05	2005/06	2006/07	2004/05	2005/06	2006/07
Testecrosses	255	88,53 ^{ns}	124,67 *	92,35 **	93,52 *	119,08 *	105,28 **
Erro Intra	225	77,29	84,74	53,67	70,51	89,84	62,38
Média Geral		107,69	97,00	106,70	106,14	102,73	110,12
IV		81,16;123,88	72,34;117,16	85,78;129,06	85,03;121,94	80,63;124,31	90,88;130,3 8
CV (%)		8,16	9,49	6,87	7,91	9,23	7,17

^a ns, *, ** não significativo, significativo a $P \leq 0,05$ e a $P \leq 0,01$, respectivamente, pelo teste F ; ^b contém os testecrosses de 1 a 128 obtidos dos testadores L 04-05F e L 02-03D; ^c contém os testecrosses de 129 a 256 obtidos dos testadores L 04-05F e L 02-03D.

Tabela 13 - Valores e significâncias dos quadrados médios ^{a,b} das análises de variâncias individuais, médias gerais, intervalos de variação das médias (IV) e coeficientes de variação (CV) para posição relativa de espiga avaliada nos testecrosses nos solos não ácido (SNA), moderada (SMA) e alta acidez (SAA) em diferentes anos

FV	GL	Experimento 1 ^c - SNA			Experimento 2 ^d - SNA		
		2004/05	2005/06	2006/07	2004/05	2005/06	2006/07
Testecrosses	255	9,45 **	7,37 **	10,10 **	9,49 **	9,79 **	9,27 **
Erro Intra	225	5,28	4,50	5,38	5,79	4,59	4,14
Média Geral		0,57	0,55	0,50	0,57	0,54	0,50
IV		0,51;0,63	0,47;0,59	0,43;0,56	0,51;0,64	0,48;0,61	0,44;0,56
CV (%)		3,92	4,06	4,47	4,29	4,14	4,00

FV	GL	Experimento 1 ^b - SMA			Experimento 2 ^c - SMA		
		2004/05	2005/06	2006/07	2004/05	2005/06	2006/07
Testecrosses	255	9,49 **	9,79 **	9,27 **	14,75 **	10,70 **	12,45 **
Erro Intra	225	5,79	4,59	4,14	5,45	5,62	5,93
Média Geral		0,57	0,54	0,50	0,57	0,53	0,53
IV		0,51;0,64	0,48;0,61	0,44;0,56	0,46;0,63	0,47;0,60	0,47;0,60
CV (%)		4,29	4,14	4,00	4,10	4,47	4,58

FV	GL	Experimento 1 ^b - SAA			Experimento 2 ^c - SAA		
		2004/05	2005/06	2006/07	2004/05	2005/06	2006/07
Testecrosses	255	8,98 **	12,10 **	12,82 **	10,60 **	11,71 **	10,72 **
Erro Intra	225	5,04	6,58	6,01	4,63	7,68	6,67
Média Geral		0,53	0,52	0,51	0,53	0,52	0,52
IV		0,48;0,61	0,46;0,61	0,43;0,57	0,46;0,59	0,44;0,58	0,45;0,58
CV (%)		4,24	4,95	4,81	4,09	5,29	5,00

^a valores multiplicados por 10⁴; ^b ns, *, ** não significativo, significativo a $P \leq 0,05$ e a $P \leq 0,01$, respectivamente, pelo teste *F*; ^c contém os testecrosses de 1 a 128 obtidos dos testadores L 04-05F e L 02-03D; ^d contém os testecrosses de 129 a 256 obtidos dos testadores L 04-05F e L 02-03D.

Tabela 14 - Valores e significâncias dos quadrados médios ^a das análises de variâncias individuais, médias gerais, intervalos de variação das médias (IV) e coeficientes de variação (CV) para florescimento masculino (dias) avaliado nos testecrosses nos solos não ácido (SNA), de moderada (SMA) e alta acidez (SAA) em diferentes anos

FV	GL	Experimento 1 ^b - SNA			Experimento 2 ^c - SNA		
		2004/05	2005/06	2006/07	2004/05	2005/06	2006/07
Testecrosses	255	2,92 **	2,05 ^{ns}	4,16 **	4,29 **	3,73 **	3,68 **
Erro Intra	225	1,79	1,70	1,96	2,76	1,61	1,50
Média Geral		60,00	61,66	62,78	59,79	62,41	63,57
IV		56,72;65,78	58,75;65,59	60,06;67,38	56,00;65,53	57,66;68,31	59,78;68,00
CV (%)		2,23	2,11	2,23	2,78	2,03	1,93

FV	GL	Experimento 1 ^b - SMA			Experimento 2 ^c - SMA		
		2004/05	2005/06	2006/07	2004/05	2005/06	2006/07
Testecrosses	255	1,08 **	1,42 **	3,43 **	1,89 **	2,43 **	5,54 **
Erro Intra	225	0,66	0,91	2,01	0,97	1,16	2,23
Média Geral		59,87	63,15	61,92	60,66	63,44	62,62
IV		57,78;63,03	60,56;65,56	58,66;65,56	58,25;65,13	59,81;66,75	57,63;70,19
CV (%)		1,35	1,51	2,29	1,62	1,70	2,38

FV	GL	Experimento 1 ^b - SAA			Experimento 2 ^c - SAA		
		2004/05	2005/06	2006/07	2004/05	2005/06	2006/07
Testecrosses	255	3,36 **	4,26 **	6,27 **	4,69 **	3,26 **	7,19 **
Erro Intra	225	2,02	2,59	3,47	2,28	2,23	3,75
Média Geral		60,98	65,42	64,46	62,17	64,90	64,03
IV		57,25;66,75	60,69;69,59	58,31;70,31	58,59;70,84	60,72;68,28	58,13;72,38
CV (%)		2,33	2,46	2,89	2,43	2,30	3,03

^a ns, *, ** não significativo, significativo a $P \leq 0,05$ e a $P \leq 0,01$, respectivamente, pelo teste *F*; ^b contém os testecrosses de 1 a 128 obtidos dos testadores L 04-05F e L 02-03D; ^c contém os testecrosses de 129 a 256 obtidos dos testadores L 04-05F e L 02-03D.

Tabela 15 - Valores e significâncias dos quadrados médios ^a das análises de variâncias individuais, médias gerais, intervalos de variação das médias (IV) e coeficientes de variação (CV) para florescimento feminino (dias) avaliado nos testecrosses nos solos não ácido (SNA), moderada (SMA) e alta acidez (SAA) em diferentes anos

FV	GL	Experimento 1 ^b - SNA			Experimento 2 ^c - SNA		
		2004/05	2005/06	2006/07	2004/05	2005/06	2006/07
Testecrosses	255	4,36 **	3,32 **	2,92 **	4,36 **	3,32 **	2,92 **
Erro Intra	225	2,06	1,18	1,38	2,06	1,18	1,38
Média Geral		61,94	63,81	64,95	61,94	63,81	64,95
IV		57,75;66,44	60,97;68,59	60,78;69,22	57,75;66,44	60,97;68,59	60,78;69,22
CV (%)		2,31	1,70	1,81	2,31	1,70	1,81

FV	GL	Experimento 1 ^b - SMA			Experimento 2 ^c - SMA		
		2004/05	2005/06	2006/07	2004/05	2005/06	2006/07
Testecrosses	255	4,36 **	3,32 **	2,92 **	3,49 **	2,58 **	3,80 **
Erro Intra	225	2,06	1,18	1,38	1,32	1,06	2,17
Média Geral		61,94	63,81	64,95	61,62	65,33	65,46
IV		57,75;66,44	60,97;68,59	60,78;69,22	58,00;66,81	61,00;68,16	61,56;70,94
CV (%)		2,31	1,70	1,81	1,86	1,58	2,25

FV	GL	Experimento 1 ^b - SAA			Experimento 2 ^c - SAA		
		2004/05	2005/06	2006/07	2004/05	2005/06	2006/07
Testecrosses	255	3,49 **	2,58 **	3,80 **	7,21 **	4,23 *	4,92 **
Erro Intra	225	1,32	1,06	2,17	4,14	3,25	3,09
Média Geral		61,62	65,33	65,46	64,57	66,83	67,34
IV		58,00;66,81	61,00;68,16	61,56;70,94	59,25;75,19	62,47;71,06	61,78;73,13
CV (%)		1,86	1,58	2,25	3,15	2,70	2,61

^a ns, *, ** não significativo, significativo a $P \leq 0,05$ e a $P \leq 0,01$, respectivamente, pelo teste *F*; ^b contém os testecrosses de 1 a 128 obtidos dos testadores L 04-05F e L 02-03D; ^c contém os testecrosses de 129 a 256 obtidos dos testadores L 04-05F e L 02-03D.

Tabela 16 - Valores e significâncias dos quadrados médios ^a das análises de variâncias individuais, médias gerais, intervalos de variação das médias (IV) e coeficientes de variação (CV) para intervalo entre florescimentos (dias) avaliado nos testecrosses nos solos não ácido (SNA), de moderada (SMA) e alta acidez (SAA) em diferentes anos

FV	GL	Experimento 1 ^b - SNA			Experimento 2 ^c - SNA		
		2004/05	2005/06	2006/07	2004/05	2005/06	2006/07
Testecrosses	255	2,93 **	3,42 **	2,88 **	2,72 **	2,56 *	2,06 **
Erro Intra	225	1,55	2,22	1,79	1,23	1,17	1,09
Média Geral		1,95	2,16	2,17	1,93	2,03	1,81
IV		-1,28;5,94	-1,00;8,06	-1,50;5,56	-1,59;6,97	-0,94;5,63	-0,84;4,69
CV (%)		63,84	68,98	61,65	57,46	53,28	57,43

FV	GL	Experimento 1 ^b - SMA			Experimento 2 ^c - SMA		
		2004/05	2005/06	2006/07	2004/05	2005/06	2006/07
Testecrosses	255	1,57 **	1,78 **	2,83 **	1,24 **	1,79 **	3,55 **
Erro Intra	225	0,79	1,30	1,30	0,68	0,89	1,42
Média Geral		0,75	1,91	2,47	0,95	1,90	2,85
IV		-1,69;4,94	-1,44;4,44	-0,97;6,50	-1,25;3,16	-0,81;4,94	-0,25;7,06
CV (%)		118,51	59,69	46,16	86,80	49,65	41,81

FV	GL	Experimento 1 ^b - SAA			Experimento 2 ^c - SAA		
		2004/05	2005/06	2006/07	2004/05	2005/06	2006/07
Testecrosses	255	2,43 **	1,54 **	3,94 **	2,21 **	1,57 *	3,96 **
Erro Intra	225	1,75	0,89	1,85	1,35	1,19	2,00
Média Geral		2,60	2,04	2,99	2,40	1,93	3,31
IV		-0,25;6,75	-0,22;5,03	-0,28;8,78	-0,63;5,53	-0,25;4,72	-0,69;8,63
CV (%)		50,87	46,12	45,61	48,38	56,60	42,70

^a ns, *, ** não significativo, significativo a $P \leq 0,05$ e a $P \leq 0,01$, respectivamente, pelo teste F ; ^b contém os testecrosses de 1 a 128 obtidos dos testadores L 04-05F e L 02-03D; ^c contém os testecrosses de 129 a 256 obtidos dos testadores L 04-05F e L 02-03D.

Tabela 17 - Valores e significâncias dos quadrados médios (QM) das análises de variâncias conjuntas agrupadas, médias gerais e coeficientes de variação (CV) para diversos caracteres avaliados nos testecrosses obtidos dos testadores L 04-05F (TC1) e L 02-03D (TC2) em solos não ácido (SNA), de moderada (SMA) e alta acidez (SAA)

FV ^a	GL	Quadrados Médios ^{b,c}		
		PG	ACQ	PROL ^c
Solo (S)	4	3.373,92 *	572,08 *	2.386,19 ^{ns}
Anos (A)/S	12	788,95 **	116,37 **	1.304,84 **
Testecrosses (T)/S	1530	5,14 **	2,97 **	21,58 **
TC1/SNA	254	2,52 **	1,23 ^{ns}	10,37 **
TC1/SMA	254	2,42 **	2,96 **	13,69 **
TC1/SAA	254	2,38 *	3,33 **	15,20 *
TC2/SNA	254	5,07 **	2,10 *	22,33 **
TC2/SMA	254	3,57 **	3,33 ^{ns}	21,09 **
TC2/SAA	254	4,21 **	3,07 **	24,78 **
TC1 vs TC2/ SNA	2	1.173,79 **	91,22 ^{ns}	109,18 ^{ns}
TC1 vs TC2/ SMA	2	71,37 ^{ns}	127,94 *	1.084,41 ^{ns}
TC1 vs TC2/ SAA	2	121,85 ^{ns}	15,28 ^{ns}	1.666,16 **
T x A/S	3060	1,71 **	2,31 **	10,51 **
TC1 x A/ SNA	508	1,11 ^{ns}	1,10 ^{ns}	6,82 ^{ns}
TC1 x A/ SMA	508	1,10 ^{ns}	2,17 **	8,20 ^{ns}
TC1 x A/ SAA	508	1,88 **	2,27 **	12,65 **
TC2 x A/ SNA	508	1,57 **	1,72 ^{ns}	8,27 ^{ns}
TC2 x A/ SMA	508	1,59 **	2,99 **	12,40 **
TC2 x A/ SAA	508	2,19 **	2,04 *	11,80 **
(TC1 vs TC2) x A/SNA	4	17,19 **	35,89 **	43,53 **
(TC1 vs TC2) x A/SMA	4	43,89 **	16,01 **	271,11 **
(TC1 vs TC2) x A/SAA	4	48,79 **	156,15 **	89,75 **
T x S	1020	4,41 **	2,19 ^{ns}	12,70 **
TC1 x S	508	1,60 *	1,80 ^{ns}	9,43 ^{ns}
TC2 x S	508	2,53 **	2,08 ^{ns}	11,48 ^{ns}
(TC1 vs T2) x S	4	599,78 ^{ns}	65,25 ^{ns}	584,38 **
Erro Efetivo Médio	4032	1,29	1,76	7,87
Média Geral		9,42	2,30	0,89
CV (%)		12,05	57,68	9,97

^a fontes de variação estão agrupadas dentro de experimentos; ^b ns, *, ** não significativo, significativo a $P \leq 0,05$ e a $P \leq 0,01$, respectivamente, pelo teste F; ^c PG, ACQ e PROL referem-se aos caracteres produção de grãos ($t\ ha^{-1}$), acamamento e quebramento de plantas (% plantas ha^{-1}) e prolificidade (esp planta⁻¹), respectivamente; ^c valores multiplicados por 10³.

Tabela 18 - Valores e significâncias dos quadrados médios (QM) da análise de variância conjunta agrupada, médias gerais e coeficientes de variação (CV) para diversos caracteres avaliados nos testecrosses obtidos dos testadores L 04-05F (TC1) e L 02-03D (TC2) em solos não ácido (SNA), de moderada (SMA) e alta acidez (SAA)

FV ^a	GL	Quadrados Médios ^{b,c}		
		AP	AE	PRE ^d
Solo (S)	4	782.412,52 **	334.725,09 **	2.360,75 ^{ns}
Anos (A)/S	12	52.346,88 **	50.547,48 **	3.054,53 **
Testecrosses (T)/S	1530	288,18 **	204,47 **	26,71 **
TC1/SNA	254	181,03 **	182,98 **	17,37 **
TC1/SMA	254	217,63 **	218,70 **	18,79 **
TC1/SAA	254	261,02 **	157,41 **	15,90 **
TC2/SNA	254	220,65 **	186,81 **	17,71 **
TC2/SMA	254	227,51 **	195,20 **	18,77 **
TC2/SAA	254	316,12 **	184,24 **	19,57 **
TC1 vs TC2/ SNA	2	26.044,55 **	1,44 ^{ns}	1.244,53 **
TC1 vs TC2/ SMA	2	9.207,62 *	9.007,44 ^{ns}	3.047,72 *
TC1 vs TC2/ SAA	2	4.364,18 ^{ns}	4.495,83 **	2.415,27 **
T x A/S	3060	81,45 ^{ns}	76,02 **	6,85 **
TC1 x A/ SNA	508	62,89 ^{ns}	54,33 ^{ns}	5,57 ^{ns}
TC1 x A/ SMA	508	83,30 ^{ns}	68,13 ^{ns}	5,66 ^{ns}
TC1 x A/ SAA	508	140,22 **	83,73 **	6,61 **
TC2 x A/ SNA	508	63,01 ^{ns}	58,09 ^{ns}	5,87 ^{ns}
TC2 x A/ SMA	508	99,14 ^{ns}	78,68 **	6,53 *
TC2 x A/ SAA	508	175,03 **	85,13 **	7,60 **
(TC1 vs TC2) x A/SNA	4	444,38 **	416,94 **	49,17 **
(TC1 vs TC2) x A/SMA	4	1.163,42 **	3.240,64 **	282,53 **
(TC1 vs TC2) x A/SAA	4	2.395,87 **	134,42 ^{ns}	102,50 **
T x S	1020	123,82 **	86,80 **	7,27 ^{ns}
TC1 x S	508	113,77 *	83,51 *	7,34 **
TC2 x S	508	110,18 ^{ns}	70,93 ^{ns}	6,28 ^{ns}
(TC1 vs T2) x S	4	3.133,80 ^{ns}	2.520,33 ^{ns}	124,44 ^{ns}
Erro Efetivo Médio	4050	95,10	66,39	5,67
Média Geral		227,48	122,00	0,53
CV (%)		4,29	6,68	4,49

^a fontes de variação estão agrupadas dentro de experimentos; ^b ns, *, ** não significativo, significativo a $P \leq 0,05$ e a $P \leq 0,01$, respectivamente, pelo teste F; ^c AP, AE e PRE referem-se aos caracteres altura de planta (cm), altura de espiga (cm) e posição relativa de espiga, respectivamente; ^d valores multiplicados por 10^4 .

Tabela 19 - Valores e significâncias dos quadrados médios (QM) da análise de variância conjunta agrupada, médias gerais e coeficientes de variação (CV) para diversos caracteres avaliados nos testecrosses obtidos dos testadores L 04-05F (TC1) e L 02-03D (TC2) em solos não ácido (SBA), de moderada (SMA) e alta acidez (SAA)

FV ^a	GL	Quadrados Médios ^{b,c}		
		FM	FF	IF
Solo (S)	4	1.774,86 ^{ns}	3.183,29 ^{ns}	236,37 ^{ns}
Anos (A)/S	12	1.527,27 ^{**}	2.017,95 ^{**}	206,65 ^{**}
Testecrosses (T)/S	1530	8,13 ^{**}	8,06 ^{**}	6,45 ^{**}
TC1/SNA	254	4,86 ^{**}	6,17 ^{**}	3,42 ^{**}
TC1/SMA	254	3,55 ^{**}	4,82 ^{**}	2,74 ^{**}
TC1/SAA	254	6,30 ^{**}	7,41 ^{**}	3,70 ^{**}
TC2/SNA	254	7,61 ^{**}	9,36 ^{**}	2,57 ^{**}
TC2/SMA	254	4,84 ^{**}	7,56 ^{**}	2,04 ^{**}
TC2/SAA	254	7,98 ^{**}	11,77 ^{**}	2,50 ^{**}
TC1 vs TC2/ SNA	2	673,76 ^{**}	124,23 ^{ns}	1.273,02 ^{**}
TC1 vs TC2/ SMA	2	457,17 [*]	51,16 ^{ns}	744,36 [*]
TC1 vs TC2/ SAA	2	630,67 [*]	13,08 ^{ns}	759,68 [*]
T x A/S	3060	2,70 ^{**}	2,73 ^{**}	1,82 ^{**}
TC1 x A/ SNA	508	1,85 ^{ns}	1,78 ^{ns}	1,89 ^{**}
TC1 x A/ SMA	508	1,75 ^{ns}	1,57 ^{ns}	1,60 [*]
TC1 x A/ SAA	508	4,30 ^{**}	3,56 ^{ns}	2,15 ^{**}
TC2 x A/ SNA	508	2,08 ^{ns}	1,79 ^{ns}	1,55 ^{ns}
TC2 x A/ SMA	508	1,61 ^{ns}	1,90 ^{ns}	1,27 ^{ns}
TC2 x A/ SAA	508	3,60 ^{**}	5,09 ^{**}	1,65 [*]
(TC1 vs TC2) x A/SNA	4	49,55 ^{**}	36,62 ^{**}	8,88 ^{**}
(TC1 vs TC2) x A/SMA	4	43,41 ^{**}	14,52 ^{**}	57,74 ^{**}
(TC1 vs TC2) x A/SAA	4	40,08 ^{**}	42,28 ^{**}	45,17 ^{**}
T x S	1020	2,48 ^{ns}	2,58 ^{ns}	1,81 ^{ns}
TC1 x S	508	2,58 ^{ns}	2,40 ^{ns}	2,03 ^{ns}
TC2 x S	508	2,33 ^{ns}	2,66 ^{ns}	1,42 ^{ns}
(TC1 vs T2) x S	4	9,00 ^{ns}	15,86 ^{ns}	23,58 ^{ns}
Erro Efetivo Médio	4050	2,13	2,30	1,41
Média Geral		62,43	64,55	2,12
CV (%)		2,34	2,35	56,01

^a fontes de variação estão agrupadas dentro de experimentos; ^b ns, *, ** não significativo, significativo a $P \leq 0,05$ e a $P \leq 0,01$, respectivamente, pelo teste F; ^c FM, FF e IF referem-se ao florescimento masculino (dias), florescimento feminino (dias) e intervalo entre florescimentos (dias), respectivamente.

Tabela - 20 Médias, erros padrão das médias [$s(\hat{m})$] e intervalos de variação (IV) para diversos caracteres avaliados nos testecrosses (TC) obtidos dos testadores L 04-05F e L 02-03D e médias das testemunhas (Test.) nos solos não ácido (SNA), de moderada (SMA) e alta acidez (SAA)

		(continua)					
Caráter ^a		Testador L 04-05F			Testador L 02-03D		
		SNA	SMA	SAA	SNA	SMA	SAA
PG	TC	9,84	9,90	8,08	11,57	9,61	7,53
	s($\hat{m}$)	0,43	0,43	0,56	0,51	0,51	0,60
	IV	8,29;11,51	8,14;12,18	6,05;9,48	7,30;14,07	6,49;11,63	5,07;10,00
	Test.	10,95	12,45	10,09	10,95	12,45	10,09
ACQ	TC	1,38	2,45	2,65	1,85	3,02	2,46
	s($\hat{m}$)	0,43	0,60	0,62	0,54	0,71	0,58
	IV	0,42;3,41	0,73;4,96	0,93;5,18	0,67;3,73	0,85;5,04	0,94;4,65
	Test.	1,09	1,57	1,63	1,09	1,57	1,63
PROL	TC	0,91	0,93	0,88	0,92	0,88	0,82
	s($\hat{m}$)	0,03	0,04	0,05	0,04	0,05	0,04
	IV	0,79;1,02	0,80;1,07	0,72;1,02	0,56;1,07	0,60;1,04	0,57;0,95
	Test.	0,91	0,92	0,91	0,91	0,92	0,91
AP	TC	235,10	239,69	199,86	243,30	243,79	203,16
	s($\hat{m}$)	3,24	3,73	4,83	3,24	4,06	5,40
	IV	222,01;251,82	222,67;259,09	179,18;216,34	225,04;259,09	224,09;261,76	179,17;231,51
	Test.	216,58	224,14	177,61	216,58	224,14	177,61
AE	TC	129,18	134,03	106,77	129,23	129,45	103,35
	s($\hat{m}$)	3,01	3,37	3,74	3,11	3,62	3,77
	IV	114,41;146,09	119,96;148,42	89,72;120,67	112,15;143,25	111,34;149,24	89,27;120,02
	Test.	114,36	125,17	92,72	114,36	125,17	92,72
PRE	TC	0,55	0,56	0,53	0,53	0,53	0,51
	s($\hat{m}$)	0,001	0,001	0,011	0,001	0,010	0,011
	IV	0,50;0,58	0,51;0,61	0,49;0,59	0,47;0,57	0,48;0,58	0,46;0,57
	Test.	0,53	0,56	0,52	0,53	0,56	0,52
FM	TC	61,05	61,41	63,02	62,35	62,48	64,30
	s($\hat{m}$)	0,56	0,54	0,85	0,59	0,52	0,77
	IV	58,52;63,72	59,09;63,69	60,66;65,66	59,40;66,18	59,78;66,25	61,26;68,51
	Test.	62,92	60,86	62,90	62,92	60,86	62,90

Tabela - 20 Médias, erros padrão das médias [$s(\hat{m})$] e intervalos de variação (IV) para diversos caracteres avaliados nos testecrosses (TC) obtidos dos testadores L 04-05F e L 02-03D e médias das testemunhas (Test.) nos solos não ácido (SNA), de moderada (SMA) e alta acidez (SAA)

		(conclusão)					
Caráter ^a		Testador L 04-05F			Testador L 02-03D		
		SNA	SMA	SAA	SNA	SMA	SAA
FF	TC	63,97	63,91	66,27	63,45	63,59	66,14
	s($\hat{m}$)	0,54	0,51	0,77	0,55	0,56	0,92
	IV	61,80;66,71	61,42;66,69	63,20;69,22	58,83;67,38	60,27;67,46	62,45;71,87
	Test.	62,92	61,64	62,74	62,92	61,64	62,74
IF	TC	2,92	2,50	3,25	1,10	1,11	1,84
	s($\hat{m}$)	0,56	0,52	0,60	0,51	0,46	0,52
	IV	0,72;5,51	0,27;4,37	1,00;5,50	-0,52;3,80	-0,55;2,80	-1,67;3,55
	Test.	0,44	0,78	-0,17	0,44	0,78	-0,17

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

Tabela 21 - Estimativas das variâncias genéticas de testecrosses ($\hat{\sigma}_{TC}^2$), variâncias da interação testecrosses x solos ($\hat{\sigma}_{TC \times S}^2$), variâncias fenotípicas com base em médias ($\hat{\sigma}_{\bar{F}_{TC}}^2$), coeficientes de herdabilidades com base em médias ($\hat{h}_{\bar{x}_{TC}}^2$) e seus intervalos de confiança (entre colchetes)¹. Respostas à seleção ($\hat{R}_S$) e médias esperadas após um ciclo de seleção ($\hat{\mu}_{C1}$) para diversos caracteres avaliados nos testecrosses obtidos dos testadores L 04-05F e L 02-03D em solos não ácido (SNA), de moderada (SMA) e alta acidez (SAA)

(continua)

Parâmetro	Produção de grãos (t ha ⁻¹)					
	Testador L 04-05F			Testador L 02-03D		
	SNA	SMA	SAA	SNA	SMA	SAA
$\hat{\sigma}_{TC}^2$	0,23 [0,17;0,34]	0,22 [0,16;0,32]	0,08 [0,04;0,31]	0,58 [0,46;0,77]	0,33 [0,24;0,47]	0,34 [0,24;0,47]
$\hat{\sigma}_{TC \times S}^2$	0,04 [0,02;0,21]	..	..	0,12 [0,08;0,22]	..	..
$\hat{\sigma}_{\bar{F}_{TC}}^2$	0,42 [0,36;0,50]	0,40 [0,34;0,48]	0,40 [0,34;0,48]	0,84 [0,72;1,01]	0,59 [0,50;0,71]	0,70 [0,59;0,84]
$\hat{h}_{\bar{x}_{TC}}^2$	0,56 [0,46;0,65]	0,55 [0,44;0,63]	0,21 [0,02;0,36]	0,69 [0,62;0,75]	0,56 [0,45;0,64]	0,48 [0,36;0,58]
$\hat{R}_S$	0,62	0,61	0,22	1,11	0,76	0,72
$\hat{\mu}_{C1}$	10,46	10,51	8,30	12,68	10,37	8,25

Parâmetro	Acamamento e quebramento de plantas (% plantas ha ⁻¹)					
	Testador L 04-05F			Testador L 02-03D		
	SNA	SMA	SAA	SNA	SMA	SAA
$\hat{\sigma}_{TC}^2$	0,02 [0,01;0,52]	0,13 [0,07;0,33]	0,18 [0,11;0,38]	0,06 [0,03;0,31]	0,06 [0,02;1,04,52]	0,17 [0,11;0,35]
$\hat{\sigma}_{TC \times S}^2$	0,00	..	..	0,00	..	..
$\hat{\sigma}_{\bar{F}_{TC}}^2$	0,20 [0,17;0,25]	0,49 [0,42;0,59]	0,56 [0,47;0,67]	0,35 [0,30;0,42]	0,56 [0,47;0,67]	0,51 [0,43;0,61]
$\hat{h}_{\bar{x}_{TC}}^2$	0,10 [0;0,28]	0,27 [0,10;0,41]	0,32 [0,16;0,45]	0,18 [0;0,34]	0,10 [0;0,28]	0,34 [0,18;0,47]
$\hat{R}_S$	-0,08	-0,33	-0,42	-0,18	-0,14	-0,42
$\hat{\mu}_{C1}$	1,30	2,12	2,23	1,67	2,88	2,04

Tabela 21 - Estimativas das variâncias genéticas de testecrosses ($\hat{\sigma}_{TC}^2$), variâncias da interação testecrosses x solos ($\hat{\sigma}_{TC \times S}^2$), variâncias fenotípicas com base em médias ($\hat{\sigma}_{\bar{F}_{TC}}^2$), coeficientes de herdabilidades com base em médias ($\hat{h}_{\bar{X}_{TC}}^2$) e seus intervalos de confiança (entre colchetes)¹. Respostas à seleção ($\hat{R}_S$) e médias esperadas após um ciclo de seleção ($\hat{\mu}_{C1}$) para diversos caracteres avaliados nos testecrosses obtidos dos testadores L 04-05F e L 02-03D em solos não ácido (SNA), de moderada (SMA) e alta acidez (SAA)

(continuação)

Prolificidade (espigas planta ⁻¹) ⁽²⁾						
Parâmetro	Testador L 04-05F			Testador L 02-03D		
	SNA	SMA	SAA	SNA	SMA	SAA
$\hat{\sigma}_{TC}^2$	0,59 [0,37;1,17]	0,92 [0,61;1,60]	0,43 [0,18;2,72]	2,34 [1,80;3,20]	1,45 [0,98;2,50]	2,16 [1,58;3,21]
$\hat{\sigma}_{TC \times S}^2$	0,00	..	..	0,00	..	..
$\hat{\sigma}_{\bar{F}_{TC}}^2$	1,73 [0,18;1,60]	2,28 [1,93;2,74]	2,53 [2,15;3,04]	3,72 [3,15;4,47]	3,52 [2,98;4,22]	4,13 [3,50;4,95]
$\hat{h}_{\bar{X}_{TC}}^2$	0,34 [0,19;0,47]	0,40 [0,26;0,52]	0,17 [0;0,33]	0,63 [0,54;0,70]	0,41 [0,28;0,53]	0,52 [0,41;0,62]
$\hat{R}_S$	0,02	0,03	0,02	0,07	0,04	0,06
$\hat{\mu}_{C1}$	0,93	0,96	0,90	0,99	0,92	0,88

Altura de planta (cm)						
Parâmetro	Testador L 04-05F			Testador L 02-03D		
	SNA	SMA	SAA	SNA	SMA	SAA
$\hat{\sigma}_{TC}^2$	19,69 [15,23;26,45]	22,39 [17,09;30,75]	20,13 [14,11;31,95]	26,27 [20,88;34,42]	21,39 [16,04;30,82]	23,52 [16,38;38,52]
$\hat{\sigma}_{TC \times S}^2$	3,05 [1,47;13,92]	..	..	0,00	..	..
$\hat{\sigma}_{\bar{F}_{TC}}^2$	30,17 [25,54;36,19]	36,27 [30,71;43,51]	43,50 [36,83;52,18]	36,77 [31,13;44,11]	37,92 [32,10;45,48]	52,69 [44,60;63,20]
$\hat{h}_{\bar{X}_{TC}}^2$	0,65 [0,57;0,72]	0,62 [0,53;0,69]	0,46 [0,34;0,57]	0,71 [0,65;0,77]	0,56 [0,46;0,65]	0,45 [0,32;0,55]
$\hat{R}_S$	-6,31	-6,54	-5,37	-7,62	-6,11	-5,70
$\hat{\mu}_{C1}$	228,79	233,15	194,49	235,68	237,68	197,46

Tabela 21 - Estimativas das variâncias genéticas de testecrosses ($\hat{\sigma}_{TC}^2$), variâncias da interação testecrosses x solos ($\hat{\sigma}_{TC \times S}^2$), variâncias fenotípicas com base em médias ($\hat{\sigma}_{\bar{F}_{TC}}^2$), coeficientes de herdabilidades com base em médias ($\hat{h}_{\bar{x}_{TC}}^2$) e seus intervalos de confiança (entre colchetes)¹. Respostas à seleção ($\hat{R}_S$) e médias esperadas após um ciclo de seleção ($\hat{\mu}_{C1}$) para diversos caracteres avaliados nos testecrosses obtidos dos testadores L 04-05F e L 02-03D em solos não ácido (SNA), de moderada (SMA) e alta acidez (SAA)

(continuação)

Parâmetro	Altura de espiga (cm)					
	Testador L 04-05F			Testador L 02-03D		
	SNA	SMA	SAA	SNA	SMA	SAA
$\hat{\sigma}_{TC}^2$	21,44 [16,94;28,16]	25,10 [19,81;33,37]	12,28 [8,67;19,46]	21,45 [16,84;28,30]	19,42 [14,77;27,23]	16,52 [12,14;24,14]
$\hat{\sigma}_{TC \times S}^2$	2,46 [1,23;8,64]	..	..	0,00	..	..
$\hat{\sigma}_{\bar{F}_{TC}}^2$	30,50 [25,82;36,58]	36,45 [30,86;43,72]	26,23 [22,21;31,47]	31,13 [26,36;37,35]	32,53 [27,54;39,02]	30,71 [26,00;36,83]
$\hat{h}_{\bar{x}_{TC}}^2$	0,70 [0,63;0,76]	0,69 [0,62;0,75]	0,47 [0,34;0,57]	0,69 [0,62;0,75]	0,60 [0,50;0,68]	0,54 [0,43;0,63]
$\hat{R}_S$	-6,83	-7,32	-4,22	-6,77	-5,99	-5,25
$\hat{\mu}_{C1}$	122,71	126,71	102,55	122,46	123,46	98,10
Parâmetro	Posição relativa de espiga ⁽³⁾					
	Testador L 04-05F			Testador L 02-03D		
	SNA	SMA	SAA	SNA	SMA	SAA
$\hat{\sigma}_{TC}^2$	1,97 [1,54;2,65]	2,19 [1,73;2,89]	1,55 [1,17;2,19]	1,97 [1,54;2,65]	2,04 [1,59;2,77]	1,99 [1,52;2,76]
$\hat{\sigma}_{TC \times S}^2$	0,23 [0,12;0,78]	..	..	0,00	..	..
$\hat{\sigma}_{\bar{F}_{TC}}^2$	2,90 [2,45;3,47]	3,13 [2,65;3,76]	2,65 [2,24;3,18]	2,95 [2,50;3,54]	3,13 [2,65;3,75]	3,26 [2,76;3,91]
$\hat{h}_{\bar{x}_{TC}}^2$	0,68 [0,60;0,74]	0,70 [0,63;0,76]	0,58 [0,49;0,67]	0,67 [0,59;0,73]	0,65 [0,57;0,72]	0,61 [0,52;0,69]
$\hat{R}_S$	-0,02	-0,02	-0,016	-0,02	-0,02	-0,019
$\hat{\mu}_{C1}$	0,53	0,54	0,51	0,51	0,51	0,49

Tabela 21 - Estimativas das variâncias genéticas de testecrosses ($\hat{\sigma}_{TC}^2$), variâncias da interação testecrosses x solos ($\hat{\sigma}_{TC \times S}^2$), variâncias fenotípicas com base em médias ($\hat{\sigma}_{\bar{F}_{TC}}^2$), coeficientes de herdabilidades com base em médias ($\hat{h}_{\bar{x}_{TC}}^2$) e seus intervalos de confiança (entre colchetes)¹. Respostas à seleção ($\hat{R}_S$) e médias esperadas após um ciclo de seleção ($\hat{\mu}_{C1}$) para diversos caracteres avaliados nos testecrosses obtidos dos testadores L 04-05F e L 02-03D em solos não ácido (SNA), de moderada (SMA) e alta acidez (SAA)

(continuação)

Florescimento masculino (dias)						
Parâmetro	Testador L 04-05F			Testador L 02-03D		
	SNA	SMA	SAA	SNA	SMA	SAA
$\hat{\sigma}_{TC}^2$	0,50 [0,38;0,69]	0,30 [0,22;0,45]	0,33 [0,20;0,71]	0,92 [0,73;1,20]	0,54 [0,42;0,72]	0,73 [0,54;1,06]
$\hat{\sigma}_{TC \times S}^2$	0,00	..	..	0,00	..	..
$\hat{\sigma}_{\bar{F}_{TC}}^2$	0,81 [0,69;0,97]	0,59 [0,50;0,71]	1,05 [0,89;1,26]	1,27 [1,07;1,52]	0,81 [0,68;1,59]	1,33 [1,13;1,59]
$\hat{h}_{\bar{x}_{TC}}^2$	0,62 [0,53;0,69]	0,51 [0,39;0,69]	0,32 [0,16;0,45]	0,73 [0,66;0,78]	0,67 [0,59;0,73]	0,55 [0,44;0,64]
$\hat{R}_S$	-0,98	-0,69	-0,57	-1,44	-1,06	-1,11
$\hat{\mu}_{C1}$	60,07	60,72	62,45	60,91	61,42	63,19

Florescimento feminino (dias)						
Parâmetro	Testador L 04-05F			Testador L 02-03D		
	SNA	SMA	SAA	SNA	SMA	SAA
$\hat{\sigma}_{TC}^2$	0,73 [0,58;0,96]	0,54 [0,42;0,72]	0,64 [0,47;0,95]	1,26 [1,03;1,59]	0,94 [0,76;1,22]	1,11 [0,84;1,60]
$\hat{\sigma}_{TC \times S}^2$	0,00	..	..	0,00	..	..
$\hat{\sigma}_{\bar{F}_{TC}}^2$	1,03 [0,87;1,23]	0,80 [0,68;0,96]	1,23 [1,05;1,48]	1,56 [1,32;1,87]	1,26 [1,07;1,51]	1,96 [1,66;2,35]
$\hat{h}_{\bar{x}_{TC}}^2$	0,71 [0,64;0,77]	0,67 [0,60;0,74]	0,52 [0,41;0,61]	0,81 [0,76;0,85]	0,75 [0,69;0,80]	0,57 [0,47;0,65]
$\hat{R}_S$	-1,27	-1,06	-1,02	-1,77	-1,00	-1,39
$\hat{\mu}_{C1}$	62,70	62,85	65,25	61,68	62,59	64,75

Tabela 21 - Estimativas das variâncias genéticas de testecrosses ($\hat{\sigma}_{TC}^2$), variâncias da interação testecrosses x solos ($\hat{\sigma}_{TC \times S}^2$), variâncias fenotípicas com base em médias ($\hat{\sigma}_{\bar{F}_{TC}}^2$), coeficientes de herdabilidades com base em médias ($\hat{h}_{\bar{x}_{TC}}^2$) e seus intervalos de confiança (entre colchetes)¹. Respostas à seleção ($\hat{R}_S$) e médias esperadas após um ciclo de seleção ($\hat{\mu}_{C1}$) para diversos caracteres avaliados nos testecrosses obtidos dos testadores L 04-05F e L 02-03D em solos não ácido (SNA), de moderada (SMA) e alta acidez (SAA)

(conclusão)						
Intervalo entre florescimentos (dias)						
Parâmetro	Testador L 04-05F			Testador L 02-03D		
	SNA	SMA	SAA	SNA	SMA	SAA
$\hat{\sigma}_{TC}^2$	0,26 [0,18;0,41]	0,19 [0,13;0,32]	0,26 [0,17;0,43]	0,17 [0,11;0,30]	0,13 [0,08;0,24]	0,14 [0,09;0,29]
$\hat{\sigma}_{TC \times S}^2$	0,00	..	..	0,00	..	..
$\hat{\sigma}_{\bar{F}_{TC}}^2$	0,57 [0,48;0,68]	0,46 [0,39;0,55]	0,62 [0,52;0,74]	0,43 [0,36;0,51]	0,34 [0,29;0,41]	0,42 [0,35;0,50]
$\hat{h}_{\bar{x}_{TC}}^2$	0,45 [0,32;0,56]	0,42 [0,28;0,53]	0,42 [0,28;0,53]	0,40 [0,26;0,51]	0,38 [0,23;0,50]	0,34 [0,18;0,47]
$\hat{R}_S$	-0,61	-0,49	-0,58	-0,46	-0,39	-0,38
$\hat{\mu}_{C1}$	2,31	2,01	2,67	0,64	0,72	1,46

⁽¹⁾ Intervalos de confiança com $\alpha = 95\%$ de probabilidade; ⁽²⁾ Valores multiplicados por 10^3 ; ⁽³⁾ Valores multiplicados por 10^4 .

Tabela 22 - Valores e significâncias^a das correlações genéticas ($\hat{r}_{TC}$) (acima da diagonal) e fenotípicas ($\hat{r}_{F_{TC}}$) (abaixo da diagonal) entre os testecrosses obtidos dos testadores L04-05F (TC1) e L02-03D (TC2) para diversos caracteres em solos não ácido (SNA), de moderada (SMA) e alta acidez (SAA)

(continua)

Produção de grãos							
Solo		SNA		SMA		SAA	
		TC1	TC2	TC1	TC2	TC1	TC2
SNA	TC1	1,00	0,44**	0,86**	0,32**	0,93**	0,20*
	TC2	0,33**	1,00	0,51**	0,69**	0,44**	0,59**
SMA	TC1	0,46**	0,31**	1,00	0,54**	0,63**	0,44**
	TC2	0,18**	0,44**	0,32**	1,00	0,44**	0,79**
SAA	TC1	0,30**	0,14*	0,27**	0,15**	1,00	0,36*
	TC2	0,11*	0,34**	0,23**	0,46**	0,22**	1,00

Acamamento e quebramento de plantas							
Solo		SNA		SMA		SAA	
		TC1	TC2	TC1	TC2	TC1	TC2
SNA	TC1	1,00	1,45*	1,37**	1,35**	1,39**	0,56 ^{ns}
	TC2	0,22**	1,00	1,33**	2,51**	0,58*	0,80**
SMA	TC1	0,26**	0,23**	1,00	1,56**	1,14**	0,72**
	TC2	0,11*	0,33**	0,28**	1,00	1,49**	0,81**
SAA	TC1	0,27**	0,18**	0,34**	0,22**	1,00	0,65**
	TC2	0,12*	0,21**	0,22**	0,26**	0,28**	1,00

Prolificidade							
Solo		SNA		SMA		SAA	
		TC1	TC2	TC1	TC2	TC1	TC2
SNA	TC1	1,00	0,42**	0,96**	0,43**	1,07**	0,47**
	TC2	0,25**	1,00	0,63**	1,02**	0,62**	0,79**
SMA	TC1	0,32**	0,29	1,00	0,60**	0,82**	0,44**
	TC2	0,18**	0,51**	0,28**	1,00	0,47**	0,94**
SAA	TC1	0,26**	0,18**	0,26**	0,12*	1,00	0,47**
	TC2	0,21**	0,47**	0,20**	0,50**	0,25**	1,00

Tabela 22 - Valores e significâncias^a das correlações genéticas ($\hat{r}_{TC}$) (acima da diagonal) e fenotípicas ($\hat{r}_{FC}$) (abaixo da diagonal) entre os testecrosses obtidos dos testadores L04-05F (TC1) e L02-03D (TC2) para diversos caracteres em solos não ácido (SNA), de moderada (SMA) e alta acidez (SAA)

(continuação)

		Altura de planta					
Solo		SNA		SMA		SAA	
		TC1	TC2	TC1	TC2	TC1	TC2
SNA	TC1	1,00	0,69**	0,91**	0,65**	0,94**	0,65**
	TC2	0,47**	1,00	0,69**	1,00**	0,74**	0,97**
SMA	TC1	0,60**	0,46**	1,00	0,56**	0,77**	0,77**
	TC2	0,39**	0,64**	0,40**	1,00	0,78**	1,09**
SAA	TC1	0,50**	0,42**	0,38**	0,39**	1,00	0,69**
	TC2	0,36**	0,56**	0,42**	0,54**	0,39**	1,00

		Altura de espiga					
Solo		SNA		SMA		SAA	
		TC1	TC2	TC1	TC2	TC1	TC2
SNA	TC1	1,00	0,88**	1,06**	0,78**	0,85**	0,77**
	TC2	0,52**	1,00	0,91**	1,05**	0,80**	1,09**
SMA	TC1	0,67**	0,56**	1,00	0,72**	1,07**	0,98**
	TC2	0,50**	0,64**	0,50**	1,00	0,79**	0,99**
SAA	TC1	0,47**	0,45**	0,51**	0,43**	1,00	0,79**
	TC2	0,49**	0,66**	0,54**	0,57**	0,48**	1,00

		Posição relativa da espiga					
Solo		SNA		SMA		SAA	
		TC1	TC2	TC1	TC2	TC1	TC2
SNA	TC1	1,00	0,88**	0,95**	0,84**	0,82**	0,89**
	TC2	0,58**	1,00	0,83**	1,10**	0,71**	1,09**
SMA	TC1	0,65**	0,56**	1,00	0,86**	1,02**	0,93**
	TC2	0,56**	0,68**	0,58**	1,00	0,72**	1,02**
SAA	TC1	0,52**	0,44**	0,63**	0,46**	1,00	0,84**
	TC2	0,55**	0,71**	0,60**	0,67**	0,53**	1,00

Tabela 22 - Valores e significâncias^a das correlações genéticas ($\hat{r}_{TC}$) (acima da diagonal) e fenotípicas ($\hat{r}_{F_{TC}}$) (abaixo da diagonal) entre os testecrosses obtidos dos testadores L04-05F (TC1) e L02-03D (TC2) para diversos caracteres em solos não ácido (SNA), de moderada (SMA) e alta acidez (SAA)

(conclusão)							
Florescimento masculino							
Solo		SNA		SMA		SAA	
		TC1	TC2	TC1	TC2	TC1	TC2
SNA	TC1	1,00	0,66**	1,04**	0,70**	1,02**	0,69**
	TC2	0,50**	1,00	0,69**	1,04**	0,72**	0,97**
SMA	TC1	0,60**	0,41**	1,00	0,79**	1,00**	0,75**
	TC2	0,47**	0,72**	0,49**	1,00	0,86**	1,06**
SAA	TC1	0,46**	0,37**	0,41**	0,40**	1,00	0,71**
	TC2	0,39**	0,64**	0,49**	0,66**	0,40**	1,00
Florescimento feminino							
Solo		SNA		SMA		SAA	
		TC1	TC2	TC1	TC2	TC1	TC2
SNA	TC1	1,00	0,84**	1,08**	0,86**	0,95**	0,80**
	TC2	0,67**	1,00	0,86**	1,03**	0,82**	1,00**
SMA	TC1	0,75**	0,62**	1,00	0,88**	0,87**	0,77**
	TC2	0,63**	0,81**	0,64**	1,00	0,82**	1,01**
SAA	TC1	0,58**	0,53**	0,53**	0,52**	1,00	0,69**
	TC2	0,50**	0,70**	0,48**	0,69**	0,47**	1,00
Intervalo entre florescimentos							
Solo		SNA		SMA		SAA	
		TC1	TC2	TC1	TC2	TC1	TC2
SNA	TC1	1,00	0,79**	0,82**	1,11**	0,79**	0,73**
	TC2	0,42**	1,00	0,68**	1,04**	0,63**	1,01**
SMA	TC1	0,38**	0,28**	1,00	0,93**	0,84**	0,65**
	TC2	0,43**	0,41**	0,48**	1,00	0,73**	0,93**
SAA	TC1	0,36**	0,26**	0,42**	0,31**	1,00	0,72**
	TC2	0,28**	0,40**	0,28**	0,40**	0,32**	1,00

^a ns, *, ** não significativo, significativo a $p \leq 0,05$ e significativo a $p \leq 0,01$, respectivamente.

Tabela 23 - QTLs mapeados em múltiplos ambientes para produção de grãos nos testecrosses obtidos do testador L 04-05F: Posição no genoma, valores do TRV para presença do QTL e interação, ambientes nos quais foram mapeados, efeitos de substituição alélica, direção do alelo favorável e proporções das variâncias fenotípicas e genéticas explicadas

QTL ^a	Posição			TRV ^b		Ambientes ^{c, d}			Ef. sub. t ha ⁻¹	Direção	R ² _F (%)	R ² _G (%)
	Bin	cM	Intervalo	Conj.	Int.	SNA	SMA	SAA				
qpgt1.1a	1.02	46,35	bnlg1627-bnlg1083	38,92	<u>27,86</u>	P	A	P	0,38	L 14-04B	4,47	10,15
qpgt1.1b	1.02-1.03	53,22	bnlg1083-umc1073	35,99	<u>31,02</u>	P	A	A	0,29	L 14-04B	2,51	5,71
qpgt1.1c	1.06-1.07	159,00	umc1035-bnlg0615	42,03	<u>37,47</u>	A	A	P	0,15	L 14-04B	0,74	1,68
qpgt1.1d	1.09-1.11	221,79	umc1431-phi0120	41,59	<u>39,64</u>	A	A	P	0,17	L 14-04B	0,91	2,06
qpgt1.2	2.07-2.08	189,48	umc1560-umc1464	41,33	<u>37,30</u>	P	A	P	0,06	L 14-04B	0,09	0,21
qpgt1.3a	3.01-3.02	4,01	umc1394-bnlg1144	32,33	<u>25,52</u>	P	P	P	0,14	L 14-04B	0,57	1,29
qpgt1.3b	3.02-3.04	30,96	bnlg1144-bnlg1452	82,58	<u>72,37</u>	P	A	A	0,35	L 14-04B	3,71	8,44
qpgt1.3c	3.05-3.06	84,35	mmc0022-bnlg1798	57,81	<u>56,96</u>	A	A	A	0,05	L 14-04B	0,08	0,18
qpgt1.3d	3.08-3.09	151,96	umc1320-bnlg1536	31,29	<u>29,46</u>	A	A	P	0,11	L 14-04B	0,35	0,79
qpgt1.4a	4.05-4.06	58,96	phi0026-bnlg0252	42,44	<u>42,32</u>	P	P	A	0,03	L 14-04B	0,03	0,06
qpgt1.4b	4.08	121,59	bnlg2244-bnlg2162	37,21	<u>29,60</u>	P	P	A	0,17	L 14-04B	0,93	2,12
qpgt1.4c	4.08	129,39	umc1086-umc1051	32,11	<u>24,71</u>	P	P	P	0,17	L 14-04B	0,84	1,91
qpgt1.4d	4.10-4.11	183,91	bnlg1337-umc1197	31,11	<u>27,65</u>	A	P	P	0,07	L 14-04B	0,13	0,30
qpgt1.5a	5.03	73,08	umc1056-bnlg1902	41,12	<u>40,66</u>	A	P	P	0,04	L 14-04B	0,04	0,09
qpgt1.5b	5.04	106,32	dupssr10-umc1221	35,01	<u>31,48</u>	A	P	P	0,10	L 14-04B	0,28	0,64
qpgt1.5c	5.05-5.06	134,47	mmc0081-umc1019	34,46	<u>33,64</u>	A	A	A	-0,04	L 08-05F	0,04	0,09
qpgt1.5d	5.06	172,32	umc1524-umc1680	36,41	<u>20,82</u>	P	P	P	0,22	L 14-04B	1,51	3,42
qpgt1.7	7.05	145,36	umc1154-umc1407	33,19	<u>20,14</u>	P	P	P	0,09	L 14-04B	0,23	0,53
qpgt1.8	8.00-8.02	20,88	ph420701-phi0119	37,84	<u>30,83</u>	P	P	A	-0,21	L 08-05F	1,30	2,96
qpgt1.9	9.02	3,44	dupssr06-bnlg1401	37,94	<u>35,89</u>	A	P	A	0,10	L 14-04B	0,30	0,68

^a Os nomes dos QTLs são compostos por código que indica o caráter correspondente (qpg) e testador utilizado t1 (L 04-05F), seguido pelo número do cromossomo no qual se encontra e pela letra diferenciando os diversos QTLs em um mesmo cromossomo.

^b O teste de razão de verossimilhança (TRV) sublinhado indica efeito significativo da interação QTL x ambiente.

^c Ambientes com solos não ácido (SNA), de moderada (SMA) e alta acidez (SAA).

^d Presença (P) ou ausência (A) do QTL

Tabela 24 - QTLs mapeados em múltiplos ambientes para produção de grãos nos testecrosses obtidos do testador L 02-03D: Posição no genoma, valores do TRV para presença do QTL e interação, ambientes nos quais foram mapeados, efeitos de substituição alélica, direção do alelo favorável e proporções das variâncias fenotípicas e genéticas explicadas

QTL ^a	Posição			TRV ^b		Ambientes ^{c, d}			Ef. sub. t ha ⁻¹	Direção	R ² _F (%)	R ² _G (%)
	Bin	cM	Intervalo	Conj.	Int.	SNA	SMA	SAA				
qpgt2.1a	1.00-1.01	15,66	umc1106-bnlgl1014	36,28	<u>31,71</u>	A	A	P	0,07	L 14-04B	0,07	0,13
qpgt2.1b	1.02-1.03	54,22	bnlg1083-umc1073	42,18	<u>38,41</u>	P	P	P	0,35	L 14-04B	2,10	3,65
qpgt2.1c	1.03-1.04	66,46	umc1021-bnlgl2238	39,54	<u>27,02</u>	A	P	A	-0,34	L 08-05F	1,99	3,45
qpgt2.1d	1.04-1.05	89,01	bnlg2238-umc2025	100,66	<u>86,20</u>	A	A	A	-0,55	L 08-05F	5,25	9,10
qpgt2.1e	1.05	110,98	umc2025-umc1601	44,40	<u>37,81</u>	A	A	P	-0,02	L 08-05F	0,01	0,02
qpgt2.1f	1.05-1.06	119,85	umc1601-umc1508	42,50	<u>35,36</u>	A	P	P	-0,20	L 08-05F	0,67	1,16
qpgt2.1g	1.06	127,74	umc1508-bnlgl1598	40,21	<u>38,43</u>	P	A	A	-0,12	L 08-05F	0,24	0,41
qpgt2.1h	1.07-1.09	186,92	phi0037-umc1431	77,96	<u>76,35</u>	A	A	A	-0,01	L 08-05F	0,01	0,01
qpgt2.1i	1.09-1.11	226,79	umc1431-phi0120	42,42	<u>40,98</u>	A	A	P	0,09	L 14-04B	0,15	0,25
qpgt2.1j	1.11-1.12	263,93	umc1630-umc1605	40,68	21,66	P	P	P	-0,13	L 08-05F	0,31	0,54
qpgt2.2a	2.00-2.01	2,01	umc1165-bnlgl1338	36,46	<u>32,40</u>	A	A	P	-0,30	L 08-05F	1,55	2,69
qpgt2.2b	2.01-2.02	6,23	bnlg1338-umc1227	31,73	<u>27,53</u>	A	A	P	-0,27	L 08-05F	1,28	2,23
qpgt2.2c	2.02	17,39	umc1265-umc1934	33,85	<u>32,68</u>	P	P	A	0,02	L 14-04B	0,01	0,01
qpgt2.2d	2.02	29,08	umc1934-bnlgl2277	30,91	<u>29,77</u>	P	A	A	0,12	L 14-04B	0,25	0,44
qpgt2.2e	2.03-2.04	52,45	dupssr27-bnlgl0381	30,69	<u>29,20</u>	P	A	A	0,14	L 14-04B	0,35	0,61
qpgt2.2f	2.04	72,18	bnlg0381-bnlgl0166	35,65	<u>33,67</u>	P	A	A	0,13	L 14-04B	0,29	0,50
qpgt2.2g	2.04-2.05	86,94	bnlg0166-dupssr21	36,47	<u>34,00</u>	P	A	A	0,03	L 14-04B	0,02	0,03
qpgt2.2h	2.05-2.06	107,77	dupssr21-bnlgl1396	30,92	<u>28,51</u>	P	A	A	-0,05	L 08-05F	0,05	0,09
qpgt2.3a	3.01-3.02	0,01	umc1394-bnlgl1144	42,12	<u>38,48</u>	A	P	P	-0,11	L 08-05F	0,21	0,36
qpgt2.3b	3.02-3.04	30,96	bnlg1144-bnlgl1452	58,94	<u>58,32</u>	A	A	A	-0,03	L 08-05F	0,02	0,03
qpgt2.3c	3.05	56,12	bnlg602-bnlgl0420	34,33	<u>33,86</u>	A	P	A	0,01	L 14-04B	0,01	0,01
qpgt2.3d	3.05-3.06	84,35	mmc0022-bnlgl1798	57,81	<u>52,82</u>	A	A	A	0,08	L 14-04B	0,12	0,21
qpgt2.3e	3.09-3.10	187,86	bnlg1754-bnlgl1098	44,10	<u>43,68</u>	A	P	A	0,01	L 14-04B	0,01	0,01
qpgt2.4a	4.05-4.06	58,96	phi0026-bnlgl0252	33,52	<u>31,87</u>	P	P	A	0,01	L 14-04B	0,01	0,01
qpgt2.4b	4.07-4.08	100,91	dupssr34-bnlgl2244	33,64	<u>32,90</u>	P	P	A	0,03	L 14-04B	0,02	0,04
qpgt2.5	5.07-5.09	210,71	phi0128-umc1153	37,04	<u>34,70</u>	A	A	P	0,12	L 14-04B	0,28	0,48
qpgt2.6a	6.00-6.01	25,01	phi0126-bnlgl1371	35,78	<u>33,69</u>	A	A	P	0,26	L 14-04B	1,17	2,03
qpgt2.6b	6.03-6.04	87,66	umc1887-umc1614	32,24	<u>32,09</u>	P	A	A	-0,04	L 08-05F	0,03	0,05
qpgt2.6c	6.05-6.06	132,70	nc0013-umc1520	30,87	<u>29,33</u>	A	A	P	0,09	L 14-04B	0,16	0,28
qpgt2.7a	7.01-7.02	41,15	umc1409-umc1632	31,38	24,87	P	P	P	-0,08	L 08-05F	0,10	0,18

Tabela 24 - QTLs mapeados em múltiplos ambientes para produção de grãos nos testecrosses obtidos do testador L 02-03D: Posição no genoma, valores do TRV para presença do QTL e interação, ambientes nos quais foram mapeados, efeitos de substituição alélica, direção do alelo favorável e proporções das variâncias fenotípicas e genéticas explicadas

											(conclusão)	
QTL ^a	Posição			TRV ^b		Ambientes ^{c, d}			Ef. sub. t ha ⁻¹	Direção	R ² _F (%)	R ² _G (%)
	Bin	cM	Intervalo	Conj.	Int.	SNA	SMA	SAA				
qpqt2.7b	7.05	145,36	umc1154-umc1407	39,09	14,84	P	P	P	-0,55	L 08-05F	5,29	9,17
qpqt2.8a	8.00-8.02	18,88	ph420701-phi0119	35,74	<u>30,29</u>	P	P	A	-0,17	L 08-05F	0,50	0,86
qpqt2.8b	8.02-8.03	30,58	phi0119-umc1034	35,24	<u>28,23</u>	P	P	A	-0,22	L 08-05F	0,88	1,52
qpqt2.8c	8.03-8.05	83,75	bnlg1863-bnlg1176	34,65	<u>29,90</u>	P	P	A	-0,23	L 08-05F	0,95	1,65
qpqt2.8d	8.07-8.08	142,54	bnlg1823-umc1005	30,66	<u>28,57</u>	A	A	A	-0,12	L 08-05F	0,24	0,42
qpqt2.9a	9.03-9.04	39,41	bnlg0430-umc1107	34,05	24,42	P	P	P	-0,33	L 08-05F	1,87	3,25
qpqt2.9b	9.04-9.06	54,00	bnlg1012-umc1733	30,83	25,59	P	P	P	-0,24	L 08-05F	1,04	1,80
qpqt2.10a	10.03-10.04	66,50	bnlg0640-bnlg1526	32,34	<u>30,22</u>	A	P	A	-0,17	L 08-05F	0,52	0,90
qpqt2.10b	10.04	70,59	Bnlg1526-umc1930	31,63	<u>29,27</u>	A	P	A	-0,18	L 08-05F	0,57	0,99

^a Os nomes dos QTLs são compostos por código que indica o caráter correspondente (qpg) e testador utilizado t2 (L 02-03D), seguido pelo número do cromossomo no qual se encontra e pela letra diferenciando os diversos QTLs em um mesmo cromossomo.

^b O teste de razão de verossimilhança (TRV) sublinhado indica efeito significativo da interação QTL x ambiente.

^c Ambientes com solos não ácido (SNA), de moderada (SMA) e alta acidez (SAA).

^d Presença (P) ou ausência (A) do QTL

Tabela 25 - QTLs mapeados em múltiplos ambientes para acamamento e quebramento de plantas nos testecrosses obtidos do testador L 04-05F: Posição no genoma, valores do TRV para presença do QTL e interação, ambientes nos quais foram mapeados, efeitos de substituição alélica, direção e proporções das variâncias fenotípicas e genéticas explicadas

QTL ^a	Posição			TRV ^b		Ambientes ^{c, d}			Ef. sub. ^e	Direção	(continua)	
	Bin	cM	Intervalo	Conj.	Int.	SNA	SMA	SAA	%		R^2_F (%)	R^2_G (%)
qacqt1.1a	1.00-1.01	3,01	umc1177-umc1106	46,02	<u>40,50</u>	P	P	A	3,96	L 14-04B	0,05	0,18
qacqt1.1b	1.00-1.01	12,66	umc1106-bnlgl014	44,10	<u>41,45</u>	A	P	P	-12,34	L 08-05F	0,46	1,73
qacqt1.1c	1.01-1.02	28,85	bnlg1014-bnlgl1627	131,29	<u>126,72</u>	A	A	A	5,29	L 14-04B	0,08	0,32
qacqt1.1d	1.02	46,35	bnlg1627-bnlgl1083	61,36	<u>55,32</u>	A	P	A	14,93	L 14-04B	0,67	2,53
qacqt1.1e	1.02-1.03	54,22	bnlg1083-umc1073	63,30	<u>57,90</u>	P	P	A	19,83	L 14-04B	1,18	4,47
qacqt1.1f	1.03-1.04	66,46	umc1021-bnlgl2238	32,28	<u>31,17</u>	A	P	A	7,01	L 14-04B	0,15	0,56
qacqt1.1g	1.04-1.05	84,01	bnlg2238-umc2025	242,64	<u>241,79</u>	A	A	A	8,75	L 14-04B	0,23	0,87
qacqt1.1h	1.05	102,98	umc2025-umc1601	65,33	<u>64,46</u>	A	P	A	4,36	L 14-04B	0,06	0,22
qacqt1.1i	1.05-1.06	123,85	umc1601-umc1508	45,88	<u>42,67</u>	A	P	P	1,06	L 14-04B	0,01	0,01
qacqt1.1j	1.06	132,20	bnlg1598-bnlgl1598	38,35	<u>35,96</u>	A	A	P	-0,20	L 08-05F	0,01	0,01
qacqt1.1k	1.06-1.07	149,00	umc1035-bnlgl0615	76,07	<u>75,39</u>	A	A	A	1,34	L 14-04B	0,01	0,02
qacqt1.1l	1.07-1.08	167,10	bnlg0615-phi0037	49,28	<u>28,05</u>	P	A	A	-5,04	L 08-05F	0,08	0,29
qacqt1.1m	1.07-1.09	188,92	phi0037-umc1431	128,44	<u>115,45</u>	A	A	A	9,85	L 14-04B	0,29	1,10
qacqt1.1n	1.09-1.11	217,79	umc1431-phi0120	159,85	<u>142,39</u>	A	A	A	37,62	L 14-04B	4,25	16,08
qacqt1.1o	1.11-1.12	253,93	umc1630-umc1605	36,12	<u>31,13</u>	P	A	A	2,58	L 14-04B	0,02	0,08
qacqt1.2a	2.02-2.03 ¹	29,36	bnlg2277-bnlgl0125	50,52	<u>46,17</u>	P	A	P	-20,97	L 08-05F	1,32	5,00
qacqt1.2b	2.02-2.03 ²	36,99	bnlg0125-umc1845	38,01	<u>34,43</u>	P	A	A	-16,82	L 08-05F	0,85	3,22
qacqt1.2c	2.03	45,12	umc1776-bnlgl2248	36,92	<u>31,80</u>	P	P	A	-20,26	L 08-05F	1,23	4,66
qacqt1.2d	2.03-2.04	56,45	dupssr27-bnlgl0381	39,54	<u>32,35</u>	A	P	A	16,38	L 14-04B	0,80	3,05
qacqt1.2e	2.04	76,18	bnlg0381-bnlgl0166	111,49	<u>110,65</u>	A	A	A	8,19	L 14-04B	0,20	0,76
qacqt1.2f	2.07-2.08	186,48	umc1560-umc1464	32,60	<u>27,28</u>	A	P	A	18,78	L 14-04B	1,06	4,01
qacqt1.2g	2.08-2.09	206,98	umc1230-bnlgl1520	50,17	<u>49,08</u>	P	P	A	3,31	L 14-04B	0,03	0,12
qacqt1.3a	3.01-3.02	0,01	umc1394-bnlgl114	47,60	<u>45,02</u>	A	P	P	3,89	L 14-04B	0,05	0,17
qacqt1.3b	3.02-3.04	27,96	bnlg1144-bnlgl1452	103,25	<u>89,53</u>	A	A	P	27,97	L 14-04B	2,35	8,89
qacqt1.3c	3.05-3.06	88,35	mmc0022-bnlgl1798	96,99	<u>90,51</u>	A	A	A	20,39	L 14-04B	1,25	4,73
qacqt1.3d	3.06-3.07	124,77	bnlg1798-umc1690	43,68	<u>43,33</u>	A	A	P	4,61	L 14-04B	0,06	0,24
qacqt1.3e	3.07	134,78	umc1690-umc1659	46,46	<u>44,45</u>	A	A	P	-1,57	L 08-05F	0,01	0,03
qacqt1.3f	3.08-3.09	157,96	umc1320-bnlgl1536	44,73	<u>35,42</u>	P	P	P	-21,38	L 08-05F	1,37	5,20
qacqt1.3g	3.09-3.10	178,86	bnlg1754-bnlgl1098	46,39	<u>40,67</u>	P	A	A	-19,46	L 08-05F	1,14	4,30
qacqt1.4a	4.07-4.08	120,91	dupssr34-bnlgl2244	32,51	<u>27,50</u>	P	A	P	-14,59	L 08-05F	0,64	2,42

Tabela 25 - QTLs mapeados em múltiplos ambientes para acamamento e quebramento de plantas nos testecrosses obtidos do testador L 04-05F: Posição no genoma, valores do TRV para presença do QTL e interação, ambientes nos quais foram mapeados, efeitos de substituição alélica, direção e proporções das variâncias fenotípicas e genéticas explicadas

QTL ^a	Posição			TRV ^b		Ambientes ^{c, d}			Ef. sub. ^e	Direção	(conclusão)	
	Bin	cM	Intervalo	Conj.	Int.	SNA	SMA	SAA	%		R^2_F (%)	R^2_G (%)
qacqt1.4b	4.08	133,39	umc1086-umc1051	33,27	<u>28,68</u>	A	P	P	20,35	L 14-04B	1,24	4,71
qacqt1.4c	4.10-4.11	183,91	bnlg1337-umc1197	30,61	<u>28,13</u>	A	P	A	5,52	L 14-04B	0,09	0,35
qacqt1.5a	5.05-5.06	153,47	mmc0081-umc1019	31,40	26,75	P	P	P	-12,48	L 08-05F	0,47	1,77
qacqt1.5b	5.06	166,09	mmc0481-bnlg278	44,72	<u>31,31</u>	P	P	A	-18,83	L 08-05F	1,06	4,03
qacqt1.5c	5.05-5.06	168,10	bnlg278-umc1524	43,20	<u>31,11</u>	P	P	A	-18,99	L 08-05F	1,08	4,10
qacqt1.5d	5.07-5.09	206,71	phi0128-umc1153	33,92	<u>30,53</u>	A	P	P	15,51	L 14-04B	0,72	2,73
qacqt1.6	6.00-6.01	13,01	phi0126-bnlg1371	63,48	<u>61,36</u>	A	A	A	8,99	L 14-04B	0,24	0,92
qacqt1.7	7.03-7.04	105,73	bnlg0434-dupssr13	37,95	<u>31,43</u>	P	A	A	15,17	L 14-04B	0,69	2,62
qacqt1.8a	8.02-8.03	32,58	phi0119-umc1034	30,56	23,23	P	P	P	-18,52	L 08-05F	1,03	3,90
qacqt1.8b	8.03-8.04 ¹	62,03	phi0115-bnlg1863	36,88	<u>33,22</u>	A	P	P	15,87	L 14-04B	0,76	2,86
qacqt1.8c	8.03-8.05 ²	78,75	bnlg1863-bnlg1176	39,63	<u>35,99</u>	A	P	P	18,99	L 14-04B	1,08	4,10
qacqt1.9	9.07-9.08	105,29	bnlg0619-bnlg0128	34,81	<u>31,64</u>	P	A	A	8,80	L 14-04B	0,23	0,88
qacqt1.10	10.07	114,98	umc2021-umc1196	36,37	<u>30,10</u>	P	P	A	-7,29	L 08-05F	0,16	0,60

^a Os nomes dos QTLs são compostos por código que indica o caráter correspondente (qacq) e testador utilizado t1 (L 04-05F), seguido pelo número do cromossomo no qual se encontra e pela letra diferenciando os diversos QTLs em um mesmo cromossomo.

^b O teste de razão de verossimilhança (TRV) sublinhado indica efeito significativo da interação QTL x ambiente.

^c Ambientes com solos não ácido (SNA), de moderada (SMA) e alta acidez (SAA).

^d Presença (P) ou ausência (A) do QTL

^e Valores multiplicados por 10²

Tabela 26 - QTLs mapeados em múltiplos ambientes para acamamento e quebramento de plantas nos testecrosses obtidos do testador L 02-03D: Posição no genoma, valores do TRV para presença do QTL e interação, ambientes nos quais foram mapeados, efeitos de substituição alélica, direção e proporções das variâncias fenotípicas e genéticas explicadas

QTL ^a	Posição			TRV ^b		Ambientes ^{c, d}			Ef. sub. ^e %	Direção	R^2_F (%)	R^2_G (%)
	Bin	cM	Intervalo	Conj.	Int.	SNA	SMA	SAA				
qacqt2.1a	1.00-1.01	6,01	umc1177-umc1106	55,74	<u>44,93</u>	P	A	P	22,05	L 14-04B	1,28	6,29
qacqt2.1b	1.01-1.02	24,85	bnlg1014-bnlg1627	57,45	<u>47,96</u>	A	A	A	30,48	L 14-04B	2,45	12,01
qacqt2.1c	1.02-1.03	52,22	bnlg1083-umc1073	35,09	<u>26,29</u>	P	P	P	14,21	L 14-04B	0,53	2,61
qacqt2.1d	1.04-1.05	91,01	bnlg2238-umc2025	95,16	<u>94,73</u>	A	A	A	-7,04	L 08-05F	0,13	0,64
qacqt2.1e	1.06-1.07	152,00	umc1035-bnlg0615	34,41	<u>34,31</u>	A	P	A	-3,63	L 08-05F	0,03	0,17
qacqt2.1f	1.07-1.08	164,10	bnlg0615-phi0037	41,36	<u>35,50</u>	A	P	P	13,21	L 14-04B	0,46	2,26
qacqt2.2a	2.02	10,99	bnlg1017-umc1265	31,84	<u>30,30</u>	P	P	A	2,34	L 14-04B	0,01	0,07
qacqt2.2b	2.03	45,92	bnlg2248-dupssr27	30,85	<u>30,08</u>	A	P	P	-7,28	L 08-05F	0,14	0,68
qacqt2.2c	2.03-2.04	56,45	dupssr27-bnlg0381	35,77	<u>35,38</u>	A	P	A	3,96	L 14-04B	0,04	0,20
qacqt2.2d	2.04	73,18	bnlg0381-bnlg0166	49,63	<u>49,35</u>	A	A	A	3,24	L 14-04B	0,03	0,14
qacqt2.2e	2.07-2.08	186,48	umc1560-umc1464	38,88	23,61	P	P	P	22,80	L 14-04B	1,37	6,72
qacqt2.2f	2.08-2.09	207,98	umc1230-bnlg1520	30,85	21,50	P	P	P	22,56	L 14-04B	1,34	6,58
qacqt2.3a	3.02-3.04	31,96	bnlg1144-bnlg1452	59,90	<u>58,25</u>	A	A	A	6,76	L 14-04B	0,12	0,59
qacqt2.3b	3.05-3.06	84,35	mmc0022-bnlg1798	34,45	<u>29,01</u>	A	A	A	26,51	L 14-04B	1,86	9,08
qacqt2.3c	3.07-3.08	142,61	umc1659-umc1320	49,31	<u>39,17</u>	A	P	P	-20,68	L 08-05F	1,13	5,53
qacqt2.3d	3.09-3.10	176,86	bnlg1754-bnlg1098	32,74	<u>27,49</u>	P	P	A	-18,23	L 08-05F	0,88	4,30
qacqt2.4a	4.08	121,59	bnlg2244-bnlg2162	34,85	<u>34,83</u>	P	A	A	-1,35	L 08-05F	0,01	0,02
qacqt2.4b	4.08	127,08	bnlg2162-umc1086	41,24	<u>39,70</u>	P	P	P	10,84	L 14-04B	0,31	1,52
qacqt2.5a	5.02-5.03	72,68	bnlg1879-umc1056	38,34	22,98	P	P	P	33,13	L 14-04B	2,90	14,19
qacqt2.5b	5.04	112,32	dupssr10-umc1221	33,96	<u>31,05</u>	P	P	A	-14,22	L 08-05F	0,53	2,62
qacqt2.6a	6.00-6.01	5,01	phi0126-bnlg1371	36,44	<u>30,93</u>	P	P	A	1,53	L 14-04B	0,01	0,03
qacqt2.6b	6.05-6.06	133,70	nc0013-umc1520	33,22	17,31	P	P	P	-40,41	L 08-05F	4,31	21,11
qacqt2.7	7.05-7.06	149,68	umc1407-phi0116	31,61	<u>28,84</u>	P	A	P	-0,55	L 08-05F	0,01	0,01
qacqt2.8a	8.02-8.03	31,58	phi0119-umc1034	31,34	20,95	P	P	P	-33,03	L 08-05F	2,88	14,10
qacqt2.8b	8.03-8.04 ¹	61,03	phi0115-bnlg1863	41,87	<u>37,25</u>	P	A	P	21,85	L 14-04B	1,26	6,18
qacqt2.8c	8.03-8.05 ²	73,75	bnlg1863-bnlg1176	39,52	<u>31,37</u>	P	A	P	27,94	L 14-04B	2,06	10,09
qacqt2.8d	8.05-8.06	99,23	bnlg1176-bnlg1607	36,04	<u>31,00</u>	P	P	A	14,10	L 14-04B	0,53	2,57

^a Os nomes dos QTLs são compostos por código que indica o caráter correspondente (qacq) e testador utilizado t2 (L 02-03D), seguido pelo número do cromossomo no qual se encontra e pela letra diferenciando os diversos QTLs em um mesmo cromossomo; ^b O teste de razão de verossimilhança (TRV) sublinhado indica efeito significativo da interação QTL x ambiente; ^c Ambientes com solos não ácido (SBA), de moderada (SMA) e alta acidez (SAA); ^d Presença (P) ou ausência (A) do QTL; ^e Valores multiplicados por 10²

Tabela 27 - QTLs mapeados em múltiplos ambientes para prolificidade nos testecrosses obtidos do testador L 04-05F: Posição no genoma, valores do TRV para presença do QTL e interação, ambientes nos quais foram mapeados, efeitos de substituição alélica, direção do alelo favorável e proporções das variâncias fenotípicas e genéticas explicadas

QTL ^a	Posição			TRV ^b		Ambientes ^{c, d}			Ef. sub. ^e	Direção	R^2_F (%)	R^2_G (%)
	Bin	cM	Intervalo	Conj.	Int.	SNA	SMA	SAA	esp. pl ⁻¹			
qprot1.1a	1.01-1.02	38,85	bnlg1014-bnlg1627	31,77	21,89	P	P	P	1,78	L 14-04B	1,81	6,10
qprot1.1b	1.03	62,12	umc1073-umc1021	32,20	<u>32,06</u>	P	A	A	-0,21	L 08-05F	0,03	0,08
qprot1.1c	1.03-1.04	66,46	umc1021-bnlg2238	33,74	<u>33,54</u>	P	P	A	-0,25	L 08-05F	0,03	0,12
qprot1.1d	1.04-1.05	88,01	bnlg2238-umc2025	106,74	<u>106,44</u>	A	A	A	0,08	L 14-04B	0,01	0,01
qprot1.1e	1.05 ¹	108,98	umc2025-umc1601	37,81	<u>37,57</u>	A	A	A	-0,17	L 08-05F	0,02	0,05
qprot1.1f	1.05-1.06 ²	125,85	umc1601-umc1508	40,92	<u>37,42</u>	P	P	A	-0,05	L 08-05F	0,01	0,01
qprot1.1g	1.06-1.07	149,00	umc1035-bnlg0615	60,28	<u>54,47</u>	P	A	P	0,83	L 14-04B	0,39	1,33
qprot1.1h	1.07-1.09	194,92	phi0037-umc1431	119,31	<u>114,31</u>	A	A	A	0,50	L 14-04B	0,14	0,49
qprot1.1i	1.09-1.11	215,79	umc1431-phi0120	136,38	<u>134,07</u>	A	A	A	0,59	L 14-04B	0,20	0,68
qprot1.1j	1.11	245,43	phi0120-umc1630	58,47	<u>57,10</u>	P	P	P	-0,13	L 08-05F	0,01	0,03
qprot1.2a	2.02-2.03	36,99	bnlg0125-umc1845	58,32	<u>50,04</u>	P	P	A	-0,20	L 08-05F	0,02	0,08
qprot1.2b	2.03	45,12	umc1776-bnlg2248	45,41	<u>29,44</u>	P	P	A	-2,69	L 08-05F	4,16	14,01
qprot1.2c	2.04-2.05	70,18	bnlg0381-bnlg0166	65,26	<u>64,36</u>	A	A	A	-0,54	L 08-05F	0,17	0,57
qprot1.2d	2.08-2.09	210,98	umc1230-bnlg1520	44,05	<u>43,82</u>	A	A	P	0,01	L 14-04B	0,01	0,01
qprot1.3a	3.02-3.04	27,96	bnlg1144-bnlg1452	82,50	<u>76,74</u>	A	A	A	0,79	L 14-04B	0,36	1,21
qprot1.3b	3.04	53,08	bnlg1452-bnlg602	33,13	<u>30,25</u>	P	A	A	0,80	L 14-04B	0,36	1,22
qprot1.3c	3.04-3.05	56,12	bnlg602-bnlg0420	31,87	<u>29,30</u>	P	A	A	0,92	L 14-04B	0,49	1,65
qprot1.3d	3.05-3.06	93,35	mmc0022-bnlg1798	87,25	<u>83,93</u>	A	A	A	0,89	L 14-04B	0,46	1,54
qprot1.3e	3.06-3.07	115,77	bnlg1798-umc1690	31,08	<u>30,05</u>	A	P	A	0,61	L 14-04B	0,21	0,72
qprot1.3f	3.07	135,78	umc1690-umc1659	31,98	<u>29,83</u>	A	P	P	1,08	L 14-04B	0,66	2,24
qprot1.5a	5.03-5.04	51,77	phi0113-bnlg1879	30,56	<u>28,96</u>	P	A	A	0,05	L 14-04B	0,01	0,01
qprot1.5b	5.03	81,08	umc1056-bnlg1902	37,14	<u>33,81</u>	P	P	A	-0,75	L 08-05F	0,32	1,07
qprot1.5c	5.04	116,32	dupssr10-umc1221	41,43	<u>35,65</u>	P	A	P	0,41	L 14-04B	0,10	0,32
qprot1.5d	5.05-5.06	137,47	mmc0081-umc1019	33,65	<u>32,49</u>	A	A	P	-0,62	L 08-05F	0,22	0,75
qprot1.5e	5.06	172,32	umc1524-umc1680	35,60	21,84	P	P	P	0,67	L 14-04B	0,26	0,86
qprot1.8a	8.00-8.01	2,01	umc1139-ph420701	55,08	<u>52,23</u>	P	P	P	0,72	L 14-04B	0,30	1,01
qprot1.8b	8.05-8.06	123,23	bnlg1176-bnlg1607	34,51	<u>29,03</u>	A	P	P	1,01	L 14-04B	0,58	1,97
qprot1.9a	9.02	4,44	dupssr06-bnlg1401	34,63	<u>33,22</u>	A	P	A	0,02	L 14-04B	0,01	0,01
qprot1.9b	9.06-9.08	101,61	umc1733-bnlg0619	33,51	33,11	A	A	P	-0,28	L 08-05F	0,04	0,15

Tabela 27 - QTLs mapeados em múltiplos ambientes para prolificidade nos testecrosses obtidos do testador L 04-05F: Posição no genoma, valores do TRV para presença do QTL e interação, ambientes nos quais foram mapeados, efeitos de substituição alélica, direção do alelo favorável e proporções das variâncias fenotípicas e genéticas explicadas

QTL ^a	Posição			TRV ^b		Ambientes ^{c, d}			Ef. sub. ^e	Direção	(conclusão)	
	Bin	cM	Intervalo	Conj.	<u>Int.</u>	SNA	SMA	SAA	esp. pl ⁻¹		R^2_F (%)	R^2_G (%)
qprot1.10	10.04	77,59	bnlg1526-umc1930	32,56	<u>30,09</u>	A	P	A	-0,55	L 08-05F	0,17	0,58

^a Os nomes dos QTLs são compostos por código que indica o caráter correspondente (qpro) e testador utilizado t1 (L 04-05F), seguido pelo número do cromossomo no qual se encontra e pela letra diferenciando os diversos QTLs em um mesmo cromossomo; ^b O teste de razão de verossimilhança (TRV) sublinhado indica efeito significativo da interação QTL x ambiente. ^c Ambientes com solos não ácido (SNA), de moderada (SMA) e alta acidez (SAA); ^d Presença (P) ou ausência (A) do QTL, ^e Valores multiplicados por 10².

Tabela 28 - QTLs mapeados em múltiplos ambientes para prolificidade nos testecrosses obtidos do testador L 02-03D: Posição no genoma, valores do TRV para presença do QTL e interação, ambientes nos quais foram mapeados, efeitos de substituição alélica, direção do alelo favorável e proporções das variâncias fenotípicas e genéticas explicadas

QTL ^a	Posição			TRV ^b		Ambientes ^{c, d}			Ef. sub. ^e	Direção	(continua)	
	Bin	cM	Intervalo	Conj.	Int.	SNA	SMA	SAA	esp. pl ⁻¹		R^2_F (%)	R^2_G (%)
qprot2.1a	1.00-1.01	12,66	umc1106-bnlg1014	43,93	<u>40,02</u>	P	A	P	0,47	L 14-04B	0,07	0,14
qprot2.1b	1.01-1.02	26,85	bnlg1014-bnlg1627	68,91	<u>68,11</u>	A	A	A	0,79	L 14-04B	0,21	0,40
qprot2.1c	1.03-1.04	66,46	umc1021-bnlg2238	38,43	26,81	P	P	P	-2,55	L 08-05F	2,15	4,10
qprot2.1d	1.04-1.05	90,01	bnlg2238-umc2025	127,13	<u>120,52</u>	A	A	A	-4,22	L 08-05F	5,87	11,21
qprot2.1e	1.05 ¹	109,98	umc2025-umc1601	32,94	<u>31,82</u>	A	A	P	-1,16	L 08-05F	0,44	0,84
qprot2.1f	1.05-1.06 ²	122,85	umc1601-umc1508	32,08	<u>31,00</u>	P	A	A	-1,27	L 08-05F	0,53	1,01
qprot2.1g	1.07.1.08	171,10	bnlg0615-phi0037	43,93	<u>43,82</u>	P	A	A	-0,09	L 08-05F	0,01	0,01
qprot2.1h	1.07-1.09	185,92	phi0037-umc1431	77,77	<u>74,43</u>	A	A	A	1,14	L 14-04B	0,43	0,82
qprot2.1i	1.11	241,43	phi0120-umc1630	31,51	26,16	P	P	P	2,24	L 14-04B	1,65	3,16
qprot2.1j	1.11-1.12	263,93	umc1630-umc1605	68,43	<u>51,25</u>	A	P	P	-1,67	L 08-05F	0,92	1,76
qprot2.2a	2.00-2.02	1,01	umc1165-bnlg1338	48,53	<u>47,82</u>	P	A	P	-0,80	L 08-05F	0,21	0,41
qprot2.2b	2.01-2.02	7,21	umc1227-bnlg0117	53,57	<u>52,54</u>	P	A	P	-0,40	L 08-05F	0,05	0,10
qprot2.2c	2.02 ¹	8,99	bnlg1017-umc1265	50,08	<u>48,06</u>	A	A	P	-0,63	L 08-05F	0,13	0,25
qprot2.2d	2.02 ²	11,39	umc1265-umc1934	65,83	<u>64,57</u>	P	A	P	-0,15	L 08-05F	0,01	0,01
qprot2.2e	2.02 ³	27,08	umc1934-bnlg2277	39,74	<u>39,51</u>	A	P	A	-0,45	L 08-05F	0,07	0,13
qprot2.2f	2.03 ¹	45,12	umc1776-bnlg2248	42,89	<u>41,74</u>	P	A	A	0,69	L 14-04B	0,16	0,30
qprot2.2g	2.03 ²	46,92	bnlg2248-dupssr27	42,64	<u>41,64</u>	P	P	A	0,68	L 14-04B	0,15	0,29
qprot2.2h	2.04	68,18	bnlg0381-bnlg0166	38,08	<u>37,66</u>	P	A	A	0,42	L 14-04B	0,06	0,11
qprot2.2i	2.04-2.05	91,94	bnlg0166-dupssr21	35,68	<u>33,79</u>	A	A	A	-0,01	L 08-05F	0,01	0,01
qprot2.2j	2.05-2.06	104,77	dupssr21-bnlg1396	41,11	<u>36,11</u>	P	A	A	0,54	L 14-04B	0,10	0,18
qprot2.2k	2.08-2.09	199,62	umc1633-umc1230	32,00	<u>30,24</u>	P	A	P	0,30	L 14-04B	0,03	0,06
qprot2.3a	3.01-3.02	7,01	umc1394-bnlg1144	40,27	<u>38,61</u>	A	P	A	-1,02	L 08-05F	0,34	0,66
qprot2.3b	3.02-3.04	27,96	bnlg1144-bnlg1452	97,61	<u>95,93</u>	A	A	A	-1,33	L 08-05F	0,58	1,12
qprot2.3c	3.05-3.06	87,35	mmc0022-bnlg1798	89,52	<u>82,91</u>	A	A	P	2,21	L 14-04B	1,61	3,08
qprot2.3d	3.06-3.07	114,77	bnlg1798-umc1690	42,82	<u>41,07</u>	A	P	P	-1,20	L 08-05F	0,48	0,91
qprot2.3e	3.07-3.08	136,61	umc1659-umc1320	31,70	22,79	P	P	P	-2,11	L 08-05F	1,47	2,81
qprot2.3f	3.08-3.09	152,96	umc1320-bnlg1536	39,51	<u>32,96</u>	P	A	P	-2,00	L 08-05F	1,33	2,53
qprot2.3g	3.09-3.10	191,86	bnlg1754-bnlg1098	32,08	<u>27,72</u>	A	P	P	-1,59	L 08-05F	0,83	1,59
qprot2.4a	4.04-4.05	52,56	umc1652-umc1088	35,83	<u>29,22</u>	P	A	P	1,78	L 14-04B	1,05	2,01
qprot2.4b	4.05-4.06	58,96	phi0026-bnlg0252	34,49	26,45	P	P	P	2,16	L 14-04B	1,54	2,94

Tabela 28 - QTLs mapeados em múltiplos ambientes para prolificidade nos testecrosses obtidos do testador L 02-03D: Posição no genoma, valores do TRV para presença do QTL e interação, ambientes nos quais foram mapeados, efeitos de substituição alélica, direção do alelo favorável e proporções das variâncias fenotípicas e genéticas explicadas

QTL ^a	Posição			TRV ^b		Ambientes ^{c, d}			Ef. sub. ^e	Direção	(conclusão)	
	Bin	cM	Intervalo	Conj.	Int.	SNA	SMA	SAA	esp. pl ⁻¹		R^2_F (%)	R^2_G (%)
qprot2.4c	4.06	63,18	bnlg0252-bnlg2291	32,07	<u>28,19</u>	P	A	A	1,49	L 14-04B	0,73	1,39
qprot2.4d	4.09-4.10	151,64	umc1989-bnlg0589	41,34	<u>40,66</u>	P	P	P	-0,58	L 08-05F	0,11	0,21
qprot2.5	5.07-5.09	212,71	phi0128-umc1153	34,25	<u>33,94</u>	A	A	P	0,37	L 14-04B	0,05	0,09
qprot2.6a	6.02-6.04	70,98	umc1257-umc1887	34,28	<u>30,81</u>	P	A	A	1,78	L 14-04B	1,05	2,01
qprot2.6b	6.04-6.05	92,76	umc1614-nc0013	39,03	<u>36,91</u>	P	A	A	-1,31	L 08-05F	0,56	1,08
qprot2.7a	7.00-7.01	20,01	umc1426-umc1632	30,72	22,50	P	P	P	3,45	L 14-04B	3,93	7,50
qprot2.7b	7.05-7.06	149,68	umc1407-phi0116	55,22	<u>27,70</u>	P	P	P	-3,76	L 08-05F	4,67	8,92
qprot2.8a	8.00-8.01	10,01	umc1139-ph420701	30,75	26,09	P	P	P	-1,15	L 08-05F	0,43	0,83
qprot2.8b	8.00-8.02	20,88	ph420701-phi0119	44,71	24,12	P	P	P	-3,54	L 08-05F	4,14	7,90
qprot2.8c	8.05-8.06	99,23	bnlg1176-bnlg1607	46,87	<u>39,38</u>	P	P	P	-2,31	L 08-05F	1,76	3,37
qprot2.9	9.03-9.04	39,41	bnlg0430-umc1107	38,60	<u>31,44</u>	A	P	P	-1,20	L 08-05F	0,47	0,91
qprot2.10	10.04	84,59	bnlg1526-umc1506	31,62	26,01	P	P	P	-1,55	L 08-05F	0,79	1,51

^a Os nomes dos QTLs são compostos por código que indica o caráter correspondente (qpro) e testador utilizado t2 (L 02-03D), seguido pelo número do cromossomo no qual se encontra e pela letra diferenciando os diversos QTLs em um mesmo cromossomo.

^b O teste de razão de verossimilhança (TRV) sublinhado indica efeito significativo da interação QTL x ambiente.

^c Ambientes com solos não ácido (SNA), de moderada (SMA) e alta acidez (SAA).

^d Presença (P) ou ausência (A) do QTL

^e Valores multiplicados por 10²

Tabela 29 - QTLs mapeados em múltiplos ambientes para altura de planta nos testecrosses obtidos do testador L 04-05F: Posição no genoma, valores do TRV para presença do QTL e interação, ambientes nos quais foram mapeados, efeitos de substituição alélica, direção do alelo favorável e proporções das variâncias fenotípicas e genéticas explicadas

QTL ^a	Posição			TRV ^b		Ambientes ^{c, d}			Ef. sub.	Direção	(continua)	
	Bin	cM	Intervalo	Conj.	Int.	SNA	SMA	SAA	cm		R^2_F (%)	R^2_G (%)
qapt1.1a	1.01-1.02	30,85	bnlg1014-bnlg1627	49,57	<u>41,04</u>	A	P	A	2,32	L 14-04B	1,83	3,17
qapt1.1b	1.02	45,35	bnlg1627-bnlg1083	37,99	<u>31,76</u>	P	P	P	1,98	L 14-04B	1,34	2,32
qapt1.1c	1.02-1.03	52,22	bnlg1083-umc1073	32,90	<u>29,96</u>	A	P	A	1,54	L 14-04B	0,81	1,40
qapt1.1d	1.03-1.04	67,46	umc1021-bnlg2238	34,65	25,43	P	P	P	2,24	L 14-04B	1,72	2,98
qapt1.1e	1.05	101,98	umc2025-umc1601	39,28	<u>31,46</u>	P	P	P	1,99	L 14-04B	1,35	2,35
qapt1.1f	1.05-1.06	124,85	umc1601-umc1508	35,26	<u>32,19</u>	A	P	A	1,07	L 14-04B	0,39	0,68
qapt1.1g	1.06	139,20	bnlg1598-umc1035	42,50	<u>40,20</u>	A	P	A	0,94	L 14-04B	0,30	0,53
qapt1.1h	1.07-1.09	188,92	phi0037-umc1431	80,83	<u>78,33</u>	A	A	A	-1,18	L 08-05F	0,47	0,82
qapt1.1i	1.11-1.12	246,93	umc1630-umc1605	58,46	<u>48,57</u>	P	P	P	0,98	L 14-04B	0,32	0,56
qapt1.2a	2.02	24,08	umc1934-bnlg227	30,62	<u>29,33</u>	P	A	A	-0,73	L 08-05F	0,18	0,32
qapt1.2b	2.04	81,18	bnlg0381-bnlg0166	37,51	19,05	P	P	P	3,07	L 14-04B	3,21	5,57
qapt1.3a	3.01-3.02	8,01	umc1394-bnlg1114	39,09	<u>37,68</u>	A	A	P	0,33	L 14-04B	0,04	0,06
qapt1.3b	3.02-3.04	29,96	bnlg1144-bnlg1452	57,96	<u>55,08</u>	A	A	A	1,79	L 14-04B	1,09	1,89
qapt1.3c	3.08-3.09	153,96	umc1320-bnlg1536	38,67	<u>37,07</u>	A	A	P	-0,75	L 08-05F	0,19	0,33
qapt1.3d	3.09-3.10	173,86	bnlg1754-bnlg1098	42,48	<u>40,71</u>	A	A	P	-0,02	L 08-05F	0,01	0,01
qapt1.4a	4.06	72,18	bnlg0252-bnlg2291	36,42	25,42	P	P	P	2,05	L 14-04B	1,44	2,49
qapt1.4b	4.09-4.10	163,27	umc1503-umc1532	33,27	23,20	P	P	P	2,16	L 14-04B	1,59	2,76
qapt1.4c	4.10	169,86	umc1532-umc1109	39,97	<u>28,83</u>	P	P	P	2,57	L 14-04B	2,26	3,92
qapt1.4d	4.10-4.11	188,91	bnlg1337-umc1197	41,46	<u>36,62</u>	A	P	P	1,48	L 14-04B	0,75	1,30
qapt1.5a	5.02-5.04	41,16	umc1587-phi0113	31,11	<u>29,97</u>	P	A	A	-0,50	L 08-05F	0,09	0,15
qapt1.5b	5.02-5.03	59,68	bnlg1879-umc1056	39,95	<u>38,82</u>	P	A	P	-0,92	L 08-05F	0,29	0,50
qapt1.5c	5.04	122,32	dupssr10-umc1221	48,98	<u>33,73</u>	P	P	P	0,87	L 14-04B	0,26	0,45
qapt1.5d	5.05-5.06	141,47	mmc0081-umc1019	36,47	25,83	P	P	P	1,21	L 14-04B	0,50	0,86
qapt1.6a	6.00-6.01	4,01	phi0126-bnlg1371	34,05	<u>33,82</u>	A	P	A	-0,38	L 08-05F	0,05	0,09
qapt1.6b	6.02-6.04	68,98	umc1257-umc1887	30,98	18,76	P	P	P	-3,79	L 08-05F	4,89	8,48
qapt1.6c	6.07-6.08	186,96	umc1653-umc1127	50,61	<u>45,98</u>	P	P	A	-0,19	L 08-05F	0,01	0,02
qapt1.7a	7.00-7.01	0,01	umc1426-umc1632	41,15	<u>27,04</u>	P	P	A	-2,59	L 08-05F	2,28	3,95
qapt1.7b	7.05	145,36	umc1154-umc1407	33,07	17,41	P	P	P	3,60	L 14-04B	4,42	7,67
qapt1.8	8.03-8.05	84,75	bnlg1863-bnlg1176	37,87	<u>37,04</u>	A	A	P	-1,00	L 08-05F	0,34	0,59

Tabela 29 - QTLs mapeados em múltiplos ambientes para altura de planta nos testecrosses obtidos do testador L 04-05F: Posição no genoma, valores do TRV para presença do QTL e interação, ambientes nos quais foram mapeados, efeitos de substituição alélica, direção do alelo favorável e proporções das variâncias fenotípicas e genéticas explicadas

											(conclusão)	
QTL ^a	Posição			TRV ^b		Ambientes ^{c, d}			Ef. sub.	Direção	R^2_F (%)	R^2_G (%)
	Bin	cM	Intervalo	Conj.	<u>Int.</u>	SNA	SMA	SAA	cm			
qapt1.9	9.02	6,44	dupssr06-bnlg1401	39,30	<u>32,27</u>	A	P	A	2,36	L 14-04B	1,90	3,30

^a Os nomes dos QTLs são compostos por código que indica o caráter correspondente (qap) e testador utilizado t1 (L 04-05F), seguido pelo número do cromossomo no qual se encontra e pela letra diferenciando os diversos QTLs em um mesmo cromossomo; ^b O teste de razão de verossimilhança (TRV) sublinhado indica efeito significativo da interação QTL x ambiente; ^c Ambientes com solos não ácido (SNA), de moderada (SMA) e alta acidez (SAA); ^d Presença (P) ou ausência (A) do QTL

Tabela 30 - QTLs mapeados em múltiplos ambientes para altura de planta nos testecrosses obtidos do testador L 02-03D: Posição no genoma, valores do TRV para presença do QTL e interação, ambientes nos quais foram mapeados, efeitos de substituição alélica, direção do alelo favorável e proporções das variâncias fenotípicas e genéticas explicadas

QTL ^a	Posição			TRV ^b		Ambientes ^{c, d}			Ef. sub.	Direção	(continua)	
	Bin	cM	Intervalo	Conj.	Int.	SNA	SMA	SAA	cm		R^2_F (%)	R^2_G (%)
qapt2.1a	1.00-1.01	12,66	umc1106-bnlg1014	32,69	<u>32,05</u>	P	P	A	0,35	L 14-04B	0,04	0,06
qapt2.1b	1.01-1.02	26,85	bnlg1014-bnlg1627	106,13	<u>103,88</u>	A	A	A	1,48	L 14-04B	0,65	1,13
qapt2.1c	1.02-1.03	53,22	bnlg1083-umc1073	40,78	<u>38,11</u>	P	A	P	1,34	L 14-04B	0,53	0,92
qapt2.1d	1.03	61,12	umc1073-umc1021	38,31	<u>36,18</u>	A	A	A	1,29	L 14-04B	0,49	0,85
qapt2.1e	1.03-1.04	70,46	umc1021-bnlg2238	33,07	<u>29,55</u>	P	P	A	1,80	L 14-04B	0,96	1,67
qapt2.1f	1.04-1.05	86,01	bnlg2238-umc2025	120,73	<u>114,73</u>	A	A	A	2,13	L 14-04B	1,33	2,33
qapt2.1g	1.05-1.06	121,85	umc1601-umc1508	60,36	<u>54,48</u>	A	P	A	0,18	L 14-04B	0,01	0,02
qapt2.1h	1.06	128,74	umc1508-bnlg1598	50,29	<u>41,48</u>	A	P	A	0,12	L 14-04B	0,01	0,01
qapt2.1i	1.06-1.07	151,00	umc1035-umc1035	65,62	<u>54,13</u>	A	A	A	2,47	L 14-04B	1,80	3,14
qapt2.1j	1.07-1.08	169,10	bnlg0615-bnlg0615	39,42	<u>37,32</u>	P	A	P	-0,73	L 08-05F	0,16	0,27
qapt2.1k	1.07-1.09	185,92	phi0037-umc1431	60,44	<u>57,04</u>	A	A	A	-1,31	L 08-05F	0,50	0,87
qapt2.1l	1.09-1.11	219,79	umc1431-phi0120	172,80	<u>171,46</u>	A	A	A	0,24	L 14-04B	0,02	0,03
qapt2.1m	1.11	240,43	phi0120-umc1630	69,40	<u>52,44</u>	P	P	A	2,03	L 14-04B	1,22	2,12
qapt2.1n	1.11-1.12	246,93	umc1630-umc1605	64,09	<u>45,15</u>	P	A	P	0,92	L 14-04B	0,25	0,43
qapt2.2a	2.02	7,99	bnlg1017-umc1265	35,66	<u>29,92</u>	P	A	A	-0,33	L 08-05F	0,03	0,05
qapt2.2b	2.02	11,39	umc1265-umc1934	32,10	<u>26,16</u>	P	P	P	1,76	L 14-04B	0,91	1,59
qapt2.2c	2.02-2.03	29,36	bnlg2277-bnlg0125	58,68	<u>24,40</u>	P	P	P	5,27	L 14-04B	8,19	14,28
qapt2.2d	2.02	37,99	bnlg0125-umc1845	55,89	<u>19,26</u>	P	P	P	5,29	L 14-04B	8,23	14,35
qapt2.2e	2.03-2.04	49,45	dupssr27-bnlg0381	46,66	<u>20,38</u>	P	P	P	3,53	L 14-04B	3,67	6,41
qapt2.2f	2.04	66,18	bnlg0381-bnlg0166	86,53	<u>41,70</u>	P	P	P	6,78	L 14-04B	13,54	23,61
qapt2.2g	2.07-2.08	186,48	umc1560-umc1464	38,86	<u>36,02</u>	A	P	A	-1,44	L 08-05F	0,61	1,06
qapt2.2h	2.08	194,33	umc1464-umc1633	36,38	<u>32,13</u>	A	P	A	-2,70	L 08-05F	2,15	3,75
qapt2.3a	3.01-3.02	0,01	umc1394-bnlg1144	31,58	<u>30,62</u>	A	A	P	-0,53	L 08-05F	0,08	0,14
qapt2.3b	3.02-3.04	31,96	bnlg1144-bnlg1452	76,93	<u>76,14</u>	A	A	A	0,59	L 14-04B	0,10	0,18
qapt2.3c	3.05-3.06	91,35	mmc0022-bnlg1798	68,91	<u>61,89</u>	A	A	P	3,32	L 14-04B	3,25	5,67
qapt2.3d	3.06-3.07	115,77	bnlg1798-umc1690	34,32	<u>33,32</u>	A	A	A	0,72	L 14-04B	0,15	0,26
qapt2.3e	3.07-3.08	147,61	umc1659-umc1320	32,44	<u>28,73</u>	P	P	A	-0,92	L 08-05F	0,25	0,43
qapt2.4a	4.04-4.05	52,56	umc1652-umc1088	33,52	<u>29,84</u>	P	A	P	1,42	L 14-04B	0,59	1,03
qapt2.4b	4.08-4.09	142,26	umc1051-umc1989	30,86	<u>29,81</u>	A	A	A	0,27	L 14-04B	0,02	0,04
qapt2.4c	4.09-4.10	150,64	umc1989-bnlg0589	41,23	<u>41,21</u>	P	P	P	-0,14	L 08-05F	0,01	0,01

Tabela 30 - QTLs mapeados em múltiplos ambientes para altura de planta nos testecrosses obtidos do testador L 02-03D: Posição no genoma, valores do TRV para presença do QTL e interação, ambientes nos quais foram mapeados, efeitos de substituição alélica, direção do alelo favorável e proporções das variâncias fenotípicas e genéticas explicadas

QTL ^a	Posição			TRV ^b		Ambientes ^{c, d}			Ef. sub.	Direção	(conclusão)	
	Bin	cM	Intervalo	Conj.	Int.	SNA	SMA	SAA	cm		R^2_F (%)	R^2_G (%)
qapt2.4d	4.09-4.10	161,31	bnlg0589-ph314704	43,83	<u>38,08</u>	P	A	P	1,43	L 14-04B	0,60	1,05
qapt2.4e	4.10-4.11	180,91	bnlg1337-umc1197	42,98	<u>33,26</u>	A	P	P	2,52	L 14-04B	1,86	3,25
qapt2.5a	5.02-5.03	51,77	phi0113-bnlg1879	31,65	<u>30,50</u>	A	P	A	-0,99	L 08-05F	0,29	0,51
qapt2.5b	5.03	85,08	umc1056-bnlg1902	33,60	<u>31,75</u>	P	A	P	-0,74	L 08-05F	0,16	0,28
qapt2.5c	5.03-5.04	104,96	bnlg1902-dupssr10	44,75	<u>40,37</u>	P	A	P	-1,07	L 08-05F	0,34	0,59
qapt2.5d	5.05-5.06	140,47	mmc0081-umc1019	31,20	21,46	P	P	P	3,00	L 14-04B	2,65	4,62
qapt2.6a	6.00-6.01	19,01	phi0126-bnlg1371	47,61	<u>46,88</u>	A	A	A	-1,26	L 08-05F	0,47	0,81
qapt2.6b	6.02-6.04	73,98	umc1257-umc1887	30,92	10,45	P	P	P	-6,32	L 08-05F	11,76	20,52
qapt2.6c	6.03-6.04	79,66	umc1887-umc1614	32,69	20,62	P	P	P	-3,15	L 08-05F	2,93	5,10
qapt2.6d	6.05-6.06	135,70	nc0013-umc1520	32,02	<u>28,02</u>	A	A	A	-1,42	L 08-05F	0,60	1,04

^a Os nomes dos QTLs são compostos por código que indica o caráter correspondente (qap) e testador utilizado t2 (L 02-03D), seguido pelo número do cromossomo no qual se encontra e pela letra diferenciando os diversos QTLs em um mesmo cromossomo.

^b O teste de razão de verossimilhança (TRV) sublinhado indica efeito significativo da interação QTL x ambiente.

^c Ambientes com solos não ácido (SNA), de moderada (SMA) e alta acidez (SAA).

^d Presença (P) ou ausência (A) do QTL

Tabela 31 - QTLs mapeados em múltiplos ambientes para altura de espiga nos testecrosses obtidos do testador L 04-05F: Posição no genoma, valores do TRV para presença do QTL e interação, ambientes nos quais foram mapeados, efeitos de substituição alélica, direção do alelo favorável e proporções das variâncias fenotípicas e genéticas explicadas

QTL ^a	Posição			TRV ^b		Ambientes ^{c, d}			Ef. sub.	Direção	(continua)	
	Bin	cM	Intervalo	Conj.	Int.	SNA	SMA	SAA	cm		R^2_F (%)	R^2_G (%)
qaet1.1a	1.03-1.04	72,46	umc1021-bnlg2238	36,95	<u>33,43</u>	P	P	A	0,38	L 14-04B	0,06	0,09
qaet1.1b	1.04-1.05	84,01	bnlg2238-umc2025	38,85	<u>36,84</u>	P	P	A	0,33	L 14-04B	0,04	0,07
qaet1.1c	1.05-1.06	119,85	umc1601-umc1508	36,41	<u>32,29</u>	A	A	P	1,90	L 14-04B	1,45	2,34
qaet1.1d	1.06-1.07	149,00	umc1035-bnlg0615	49,57	<u>42,50</u>	P	P	P	1,59	L 14-04B	1,01	1,63
qaet1.1e	1.07-1.09	186,92	phi0037-umc1431	75,28	<u>66,12</u>	A	A	A	1,80	L 14-04B	1,30	2,10
qaet1.1f	1.11	237,43	phi0120-umc1630	33,94	<u>28,03</u>	P	A	P	0,80	L 14-04B	0,26	0,42
qaet1.2a	2.01-2.02	4,23	bnlg1338-umc1227	31,26	<u>27,35</u>	P	A	A	-0,71	L 08-05F	0,21	0,33
qaet1.2b	2.05-2.05	88,94	bnlg0166-dupssr21	32,50	<u>24,37</u>	P	P	P	1,28	L 14-04B	0,66	1,06
qaet1.2c	2.05-2.06	106,77	dupssr21-bnlg1396	47,65	<u>45,46</u>	A	A	A	0,56	L 14-04B	0,12	0,20
qaet1.2d	2.08-2.09	203,62	umc1633-umc1230	35,80	<u>23,76</u>	P	P	P	2,44	L 14-04B	2,41	3,88
qaet1.2e	2.08-2.09	209,98	umc1230-bnlg1520	38,72	<u>28,62</u>	P	P	P	2,27	L 14-04B	2,07	3,34
qaet1.3a	3.07-3.08	143,61	umc1659-umc1320	35,38	<u>28,65</u>	P	P	P	-2,30	L 08-05F	2,14	3,45
qaet1.3b	3.08-3.09	159,96	umc1320-bnlg1536	56,19	<u>26,92</u>	P	P	P	-2,98	L 08-05F	3,58	5,78
qaet1.3c	3.09	167,02	bnlg1536-bnlg1754	58,62	<u>31,39</u>	P	P	P	-2,12	L 08-05F	1,81	2,91
qaet1.4a	4.05	57,98	umc1088-phi0026	31,82	<u>30,70</u>	A	A	P	-0,53	L 08-05F	0,11	0,18
qaet1.4b	4.05-4.06	62,96	phi0026-bnlg0252	31,62	<u>30,72</u>	A	P	P	-0,10	L 08-05F	0,01	0,01
qaet1.4c	4.06	78,18	bnlg0252-bnlg2291	36,82	<u>31,65</u>	A	P	P	1,98	L 14-04B	1,58	2,54
qaet1.4d	4.06-4.07	97,71	bnlg2291-dupssr34	34,94	<u>28,48</u>	A	P	A	1,83	L 14-04B	1,35	2,17
qaet1.4e	4.07-4.08	103,91	dupssr34-bnlg2244	32,11	<u>26,25</u>	P	P	P	1,57	L 14-04B	0,99	1,60
qaet1.5a	5.03-5.04	51,77	phi0113-bnlg1879	43,04	<u>41,56</u>	P	A	P	-1,11	L 08-05F	0,49	0,80
qaet1.5b	5.03	54,68	bnlg1879-umc1056	52,32	<u>50,13</u>	A	A	P	-1,16	L 08-05F	0,54	0,87
qaet1.5c	5.04	115,32	dupssr10-umc1221	40,85	<u>35,36</u>	P	A	P	-0,36	L 08-05F	0,05	0,08
qaet1.5d	5.06	162,09	mmc0481-bnlg278	37,92	<u>28,70</u>	P	A	P	-1,33	L 08-05F	0,71	1,15
qaet1.5e	5.06-5.07	173,30	umc1680-phi0128	33,17	<u>23,97</u>	P	P	P	-1,11	L 08-05F	0,49	0,79
qaet1.5f	5.07-5.09	222,71	phi0128-umc1153	31,50	<u>30,43</u>	A	A	P	-0,81	L 08-05F	0,26	0,43
qaet1.6	6.07-6.08	186,96	umc1653-umc1127	39,81	<u>39,74</u>	A	P	P	0,17	L 14-04B	0,01	0,02
qaet1.7a	7.00-7.01	17,01	umc1426-umc1632	38,75	<u>31,63</u>	P	P	P	-2,42	L 08-05F	2,36	3,80
qaet1.7b	7.03-7.04	83,73	bnlg0434-dupssr13	38,89	<u>32,87</u>	A	P	A	-1,91	L 08-05F	1,47	2,36
qaet1.9	9.02	6,44	dupssr06-bnlg1401	36,67	<u>31,34</u>	A	P	A	2,11	L 14-04B	1,79	2,89

Tabela 31 - QTLs mapeados em múltiplos ambientes para altura de espiga nos testecrosses obtidos do testador L 04-05F: Posição no genoma, valores do TRV para presença do QTL e interação, ambientes nos quais foram mapeados, efeitos de substituição alélica, direção do alelo favorável e proporções das variâncias fenotípicas e genéticas explicadas

											(conclusão)	
QTL ^a	Posição			TRV ^b		Ambientes ^{c, d}			Ef. sub.	Direção	R^2_F (%)	R^2_G (%)
	Bin	cM	Intervalo	Conj.	<u>Int.</u>	SNA	SMA	SAA	cm			
qaet1.10	10.05-10.07	108,17	umc1506-umc2021	33,44	<u>30,40</u>	P	P	A	-1,79	L 08-05F	1,28	2,07

^a Os nomes dos QTLs são compostos por código que indica o caráter correspondente (qae) e testador utilizado t1 (L 04-05D), seguido pelo número do cromossomo no qual se encontra e pela letra diferenciando os diversos QTLs em um mesmo cromossomo; ^b O teste de razão de verossimilhança (TRV) sublinhado indica efeito significativo da interação QTL x ambiente; ^c Ambientes com solos não ácidos (SNA), de moderada (SMA) e alta acidez (SAA); ^d Presença (P) ou ausência (A) do QTL.

Tabela 32 - QTLs mapeados em múltiplos ambientes para altura de espiga nos testecrosses obtidos do testador L 02-03D: Posição no genoma, valores do TRV para presença do QTL e interação, ambientes nos quais foram mapeados, efeitos de substituição alélica, direção do alelo favorável e proporções das variâncias fenotípicas e genéticas explicadas

QTL ^a	Posição			TRV ^b		Ambientes ^{c, d}			Ef. sub. cm	Direção	(continua)	
	Bin	cM	Intervalo	Conj.	Int.	SNA	SMA	SAA			R^2_F (%)	R^2_G (%)
qaet2.1a	1.01-1.02	28,85	bnlg1014-bnlg1627	69,46	<u>66,47</u>	A	A	A	1,06	L 14-04B	0,45	0,73
qaet2.1b	1.02	46,35	bnlg1627-bnlg1083	42,20	<u>36,08</u>	A	A	P	1,94	L 14-04B	1,49	2,44
qaet2.1c	1.03	62,12	umc1073-umc1021	41,38	<u>35,93</u>	A	P	P	1,96	L 14-04B	1,52	2,50
qaet2.1d	1.03-1.04	69,46	umc1021-bnlg2238	42,95	<u>35,65</u>	P	P	A	2,34	L 14-04B	2,18	3,58
qaet2.1e	1.05	106,98	umc2025-umc1601	44,47	<u>41,92</u>	P	A	A	0,54	L 14-04B	0,12	0,19
qaet2.1f	1.06	126,74	umc1508-bnlg1598	39,55	<u>35,15</u>	P	P	A	1,01	L 14-04B	0,40	0,66
qaet2.1g	1.06-1.07	149,00	umc1035-bnlg0615	58,13	<u>49,78</u>	P	P	A	3,64	L 14-04B	5,27	8,64
qaet2.1h	1.07-1.09	182,92	phi0037-umc1431	34,63	<u>31,08</u>	A	P	A	-0,84	L 08-05F	0,28	0,46
qaet2.1i	1.09-1.11	217,79	umc1431-phi0120	81,03	<u>76,03</u>	A	A	A	-0,22	L 08-05F	0,02	0,03
qaet2.1j	1.11	241,43	phi0120-umc1630	74,93	<u>60,66</u>	P	A	P	2,27	L 14-04B	2,05	3,37
qaet2.2a	2.05-2.06	118,77	dupssr21-bnlg1396	33,73	<u>31,02</u>	A	P	P	-1,49	L 08-05F	0,88	1,45
qaet2.2b	2.07-2.08	188,48	umc1560-umc1464	41,79	<u>36,69</u>	A	P	A	1,57	L 14-04B	0,97	1,60
qaet2.2c	2.08-2.09	199,62	umc1633-umc1230	34,86	<u>32,14</u>	A	P	P	1,30	L 14-04B	0,67	1,10
qaet2.3a	3.01-3.02	0,01	umc1394-bnlg1144	37,96	<u>36,32</u>	P	A	P	-0,73	L 08-05F	0,21	0,35
qaet2.3b	3.02-3.04	27,96	bnlg1144-bnlg1452	75,40	<u>72,07</u>	A	A	A	-2,17	L 08-05F	1,86	3,06
qaet2.3c	3.04-3.05	63,12	bnlg602-bnlg0420	35,50	<u>30,48</u>	P	A	A	1,44	L 14-04B	0,82	1,34
qaet2.3d	3.05-3.06	79,35	mmc0022-bnlg1798	30,60	<u>27,29</u>	A	A	A	2,05	L 14-04B	1,66	2,72
qaet2.3e	3.06-3.07	119,77	bnlg1798-umc1690	31,38	<u>29,80</u>	A	P	A	0,93	L 14-04B	0,34	0,56
qaet2.3f	3.08-3.09	156,96	umc1320-bnlg1536	52,06	<u>49,12</u>	P	P	P	-1,66	L 08-05F	1,09	1,79
qaet2.3g	3.09-3.10	176,86	bnlg1754-bnlg1098	34,42	<u>33,10</u>	A	A	A	-0,83	L 08-05F	0,28	0,45
qaet2.4a	4.07-4.08	100,91	dupssr34-bnlg2244	38,46	<u>34,33</u>	P	P	A	1,63	L 14-04B	1,05	1,72
qaet2.4b	4.08-4.09	134,26	umc1051-umc1989	44,22	<u>41,72</u>	P	P	P	0,82	L 14-04B	0,26	0,43
qaet2.5a	5.03	82,08	umc1056-bnlg1902	60,84	<u>56,00</u>	P	P	P	-1,90	L 08-05F	1,43	2,35
qaet2.5b	5.04	116,32	dupssr10-umc1221	32,51	<u>28,13</u>	P	A	P	-1,36	L 08-05F	0,73	1,20
qaet2.6a	6.00-6.01	33,01	phi0126-bnlg1371	33,45	<u>31,31</u>	P	A	A	0,56	L 14-04B	0,12	0,20
qaet2.6b	6.04-6.05	104,76	umc1614-nc0013	30,92	23,74	P	P	P	-1,63	L 08-05F	1,05	1,73
qaet2.6c	6.05-6.06	134,70	nc0013-umc1520	40,08	<u>32,35</u>	A	P	P	-2,12	L 08-05F	1,78	2,93
qaet2.10	10.03-10.04	67,50	bnlg0640-bnlg1526	36,16	<u>35,49</u>	A	P	A	-0,85	L 08-05F	0,29	0,47

Tabela 32 - QTLs mapeados em múltiplos ambientes para altura de espiga nos testecrosses obtidos do testador L 02-03D: Posição no genoma, valores do TRV para presença do QTL e interação, ambientes nos quais foram mapeados, efeitos de substituição alélica, direção do alelo favorável e proporções das variâncias fenotípicas e genéticas explicadas

											(conclusão)	
QTL ^a	Posição			TRV ^b		Ambientes ^{c, d}			Ef. sub.	Direção	R^2_F (%)	R^2_G (%)
	Bin	cM	Intervalo	Conj.	<u>Int.</u>	SNA	SMA	SAA	cm			
qaet2.1a	1.01-1.02	28,85	bnlg1014-bnlg1627	69,46	<u>66,47</u>	A	A	A	1,06	L 14-04B	0,45	0,73
qaet2.1b	1.02	46,35	bnlg1627-bnlg1083	42,20	<u>36,08</u>	A	A	P	1,94	L 14-04B	1,49	2,44

^d Presença (P) ou ausência (A) do QTL

^a Os nomes dos QTLs são compostos por código que indica o caráter correspondente (qae) e testador utilizado t2 (L 02-03D), seguido pelo número do cromossomo no qual se encontra e pela letra diferenciando os diversos QTLs em um mesmo cromossomo.

^b O teste de razão de verossimilhança (TRV) sublinhado indica efeito significativo da interação QTL x ambiente.

^c Ambientes com solos não ácidos (SNA), de moderada (SMA) e alta acidez (SAA).

Tabela 33 - QTLs mapeados em múltiplos ambientes para posição relativa de espiga nos testecrosses obtidos do testador L 04-05F: Posição no genoma, valores do TRV para presença do QTL e interação, ambientes nos quais foram mapeados, efeitos de substituição alélica, direção e proporções das variâncias fenotípicas e genéticas explicadas

QTL ^a	Posição			TRV ^b		Ambientes ^{c, d}			Ef. sub. ^e	Direção	(continua)	
	Bin	cM	Intervalo	Conj.	Int.	SNA	SMA	SAA			R^2_F	R^2_G
											(%)	(%)
qpret1.1a	1.00-1.01	0,01	umc1177-umc1106	41,29	<u>40,87</u>	P	A	P	1,40	L 14-04B	0,08	0,12
qpret1.1b	1.01-1.02	35,85	bnlg1014-bnlg1627	31,40	<u>26,80</u>	P	P	P	-0,10	L 08-05F	0,01	0,01
qpret1.1c	1.04-1.05	92,01	bnlg2238-umc2025	90,34	<u>87,73</u>	A	A	A	-5,50	L 08-05F	1,32	2,03
qpret1.1d	1.05	110,98	umc2025-umc1601	38,78	<u>31,55</u>	A	A	A	2,50	L 14-04B	0,27	0,41
qpret1.1e	1.05-1.06	117,85	umc1601-umc1508	38,71	<u>27,17</u>	P	A	P	0,80	L 14-04B	0,03	0,05
qpret1.1f	1.06	139,20	bnlg1598-umc1035	56,57	<u>35,57</u>	P	P	P	8,10	L 14-04B	2,86	4,40
qpret1.1g	1.07-1.09	183,92	phi0037-umc1431	96,87	<u>90,56</u>	A	A	A	3,40	L 14-04B	0,51	0,79
qpret1.1h	1.09-1.11	217,79	umc1431-phi0120	88,74	<u>75,59</u>	A	A	A	4,80	L 14-04B	1,01	1,56
qpret1.1i	1.11	242,43	phi0120-umc1630	37,21	<u>34,19</u>	A	A	P	2,30	L 14-04B	0,23	0,35
qpret1.1j	1.11-1.12	263,93	umc1630-umc1605	32,26	<u>31,64</u>	A	A	P	0,10	L 14-04B	0,01	0,01
qpret1.2a	2.00-2.01	4,23	bnlg1338-umc1227	44,62	<u>36,70</u>	P	P	P	-7,00	L 08-05F	2,11	3,24
qpret1.2b	2.03 ¹	40,15	umc1845-umc1776	32,52	<u>27,53</u>	A	P	P	-4,90	L 08-05F	1,03	1,59
qpret1.2c	2.03 ²	44,12	umc1776-bnlg2248	30,63	<u>23,37</u>	P	P	P	-6,20	L 08-05F	1,66	2,56
qpret1.2d	2.03 ³	47,92	bnlg2248-dupssr27	36,87	<u>27,79</u>	A	P	P	-7,00	L 08-05F	2,12	3,26
qpret1.2e	2.04	71,18	bnlg0381-bnlg0166	65,50	<u>60,43</u>	A	A	A	-8,20	L 08-05F	2,93	4,51
qpret1.2f	2.08-2.09	207,98	umc1230-bnlg1520	36,00	<u>16,69</u>	P	P	P	9,60	L 14-04B	3,99	6,14
qpret1.3a	3.02-3.04	27,96	bnlg1144-bnlg1452	49,13	<u>47,24</u>	A	A	A	-1,10	L 08-05F	0,06	0,09
qpret1.3b	3.05-3.06	87,35	mmc0022-bnlg1798	72,88	<u>67,28</u>	A	A	A	7,00	L 14-04B	2,10	3,23
qpret1.3c	3.07-3.08	148,61	umc1659-umc1320	38,18	<u>26,12</u>	P	P	P	-12,00	L 08-05F	6,21	9,55
qpret1.3d	3.08-3.09	155,96	umc1320-bnlg1536	39,88	<u>27,36</u>	P	P	P	-9,20	L 08-05F	3,65	5,61
qpret1.3e	3.09	167,02	bnlg1536-bnlg1754	38,92	<u>31,26</u>	P	P	P	-5,10	L 08-05F	1,14	1,75
qpret1.4a	4.04-4.05	56,56	umc1652-umc1088	36,10	<u>31,14</u>	P	A	A	-0,30	L 08-05F	0,01	0,01
qpret1.4b	4.05-4.06	60,96	phi0026-bnlg0252	39,89	<u>35,06</u>	P	A	A	-2,10	L 08-05F	0,20	0,31
qpret1.4c	4.06-4.07 ¹	78,18	bnlg0252-bnlg2291	37,40	<u>31,10</u>	P	P	P	7,70	L 14-04B	2,54	3,91
qpret1.4d	4.06-4.07 ²	98,71	bnlg2291-dupssr34	36,67	<u>26,45</u>	P	P	P	6,40	L 14-04B	1,80	2,77
qpret1.4e	4.07-4.08	103,91	dupssr34-bnlg2244	37,02	<u>26,67</u>	P	P	P	5,70	L 14-04B	1,40	2,15
qpret1.4f	4.08	127,08	bnlg2162-umc1082	34,74	<u>33,69</u>	P	A	P	2,40	L 14-04B	0,24	0,37
qpret1.4g	4.08-4.09	134,26	umc1051-umc1989	32,46	<u>30,98</u>	P	A	P	2,80	L 14-04B	0,35	0,53
qpret1.5a	5.03	85,08	umc1056-bnlg1902	36,44	<u>27,10</u>	P	A	P	-11,10	L 08-05F	5,29	8,13
qpret1.5b	5.04	118,32	dupssr10-umc1221	33,41	<u>33,21</u>	P	A	A	-1,30	L 08-05F	0,08	0,12

Tabela 33 - QTLs mapeados em múltiplos ambientes para posição relativa de espiga nos testecrosses obtidos do testador L 04-05F: Posição no genoma, valores do TRV para presença do QTL e interação, ambientes nos quais foram mapeados, efeitos de substituição alélica, direção e proporções das variâncias fenotípicas e genéticas explicadas

QTL ^a	Posição			TRV ^b		Ambientes ^{c, d}			Ef. sub. ^e	Direção	(conclusão)	
	Bin	cM	Intervalo	Conj.	Int.	SNA	SMA	SAA			R^2_F	R^2_G
											(%)	(%)
qpret1.5c	5.05-5.06 ¹	147,47	mmc0081-umc1019	55,05	<u>45,80</u>	P	P	P	-8,70	L 08-05F	3,26	5,02
qpret1.5d	5.05-5.06 ²	160,30	umc1019-mmc0481	45,79	<u>33,22</u>	P	P	P	-8,40	L 08-05F	3,08	4,74
qpret1.5e	5.05-5.06 ³	163,09	mmc0481-bnlg278	45,94	<u>34,02</u>	P	P	P	-7,60	L 08-05F	2,53	3,89
qpret1.5f	5.05-5.06 ⁴	171,10	bnlg278-umc1524	42,87	<u>33,01</u>	P	P	P	-6,50	L 08-05F	1,82	2,81
qpret1.5g	5.06-5.07	179,30	umc1680-phi0128	43,37	<u>32,97</u>	P	P	P	-6,40	L 08-05F	1,78	2,75
qpret1.5h	5.07-5.09	221,71	phi0128-umc1153	31,49	<u>31,43</u>	A	A	A	-0,60	L 08-05F	0,01	0,02
qpret1.7	7.03-7.04	86,73	bnlg0434-dupssr13	32,57	<u>30,31</u>	A	P	A	-4,10	L 08-05F	0,71	1,10
qpret1.9a	9.02 ¹	9,44	dupssr06-bnlg1401	31,61	22,57	P	P	P	7,90	L 14-04B	2,68	4,12
qpret1.9b	9.02 ²	14,05	bnlg1401-umc1893	33,38	22,25	P	P	P	8,80	L 14-04B	3,39	5,21
qpret1.9c	9.03-9.04	40,41	bnlg0430-umc1107	34,28	25,71	P	P	P	8,30	L 14-04B	2,97	4,57
qpret1.10	10.05-10.07	108,17	umc1506-umc2021	38,65	<u>32,30</u>	P	P	A	-8,00	L 08-05F	2,77	4,26

^a Os nomes dos QTLs são compostos por código que indica o caráter correspondente (qpre) e testador utilizado t1 (L 04-05F), seguido pelo número do cromossomo no qual se encontra e pela letra diferenciando os diversos QTLs em um mesmo cromossomo.

^b O teste de razão de verossimilhança (TRV) sublinhado indica efeito significativo da interação QTL x ambiente.

^c Ambientes com solos não ácidos (SNA), de moderada (SMA) e alta acidez (SAA).

^d Presença (P) ou ausência (A) do QTL

^e Valores multiplicados por 10³

Tabela 34 - QTLs mapeados em múltiplos ambientes para posição relativa de espiga nos testecrosses obtidos do testador L 02-03D: Posição no genoma, valores do TRV para presença do QTL e interação, ambientes nos quais foram mapeados, efeitos de substituição alélica, direção e proporções das variâncias fenotípicas e genéticas explicadas

QTL ^a	Posição			TRV ^b		Ambientes ^{c, d}			Ef. sub. ^e	Direção	(continua)	
	Bin	cM	Intervalo	Conj.	Int.	SNA	SMA	SAA			R^2_F	R^2_G
											(%)	(%)
qpret2.1a	1.00-1.01	8,01	umc1177-umc1106	45,78	<u>40,28</u>	A	A	P	-3,86	L 08-05F	0,60	0,93
qpret2.1b	1.01	14,66	umc1106-bnlg1014	41,24	<u>34,04</u>	P	A	P	-4,53	L 08-05F	0,83	1,29
qpret2.1c	1.01-1.02	27,85	bnlg1014-bnlg1627	110,98	<u>103,10</u>	A	A	A	-3,54	L 08-05F	0,50	0,79
qpret2.1d	1.02	44,35	bnlg1627-bnlg1083	85,80	<u>54,79</u>	P	A	A	1,65	L 14-04B	0,11	0,17
qpret2.1e	1.04-1.05	86,01	bnlg2238-umc2025	112,13	<u>108,24</u>	A	A	A	1,19	L 14-04B	0,06	0,09
qpret2.1f	1.05	109,98	umc2025-umc1601	43,21	<u>42,73</u>	A	A	A	2,00	L 14-04B	0,16	0,25
qpret2.1g	1.05-1.06	114,85	umc1601-umc1508	50,74	<u>44,96</u>	A	P	P	2,60	L 14-04B	0,27	0,42
qpret2.1h	1.06-1.07	143,00	umc1035-bnlg0615	57,64	<u>46,65</u>	P	P	P	5,07	L 14-04B	1,03	1,62
qpret2.1i	1.07-1.09	187,92	phi0037-umc1431	92,34	<u>89,18</u>	A	A	A	2,31	L 14-04B	0,22	0,34
qpret2.1j	1.09-1.11	213,79	umc1431-phi0120	35,81	<u>29,77</u>	A	P	P	2,12	L 14-04B	0,18	0,28
qpret2.2a	2.02	22,39	umc1265-umc1934	46,77	<u>42,49</u>	P	P	A	-7,02	L 08-05F	1,98	3,09
qpret2.2b	2.02	26,08	umc1934-bnlg2277	46,09	<u>41,26</u>	A	P	A	-8,29	L 08-05F	2,76	4,32
qpret2.2c	2.02-2.03	32,36	bnlg2277-bnlg0125	58,74	<u>47,46</u>	P	P	P	-13,76	L 08-05F	7,61	11,89
qpret2.2d	2.03	44,12	umc1776-bnlg2248	48,61	<u>41,75</u>	P	P	P	-10,38	L 08-05F	4,33	6,77
qpret2.2e	2.05-2.06	108,77	dupssr21-bnlg1396	74,39	<u>65,59</u>	P	A	A	-5,69	L 08-05F	1,30	2,03
qpret2.2f	2.08	198,33	umc1464-umc1633	39,54	<u>39,27</u>	A	A	P	-1,05	L 08-05F	0,04	0,07
qpret2.3a	3.01-3.02	13,01	umc1394-bnlg1144	33,74	<u>25,76</u>	P	P	P	-7,13	L 08-05F	2,04	3,19
qpret2.3b	3.02-3.04	27,96	bnlg1144-bnlg1452	54,69	<u>50,04</u>	A	A	A	-6,43	L 08-05F	1,66	2,60
qpret2.3c	3.04-3.05	63,12	bnlg602-bnlg0420	38,06	<u>29,39</u>	P	P	A	-2,37	L 08-05F	0,23	0,35
qpret2.3d	3.05	66,97	bnlg0420-mm0022	38,04	<u>28,57</u>	P	P	A	-2,46	L 08-05F	0,24	0,38
qpret2.3e	3.06-3.07	117,77	bnlg1798-umc1690	35,48	<u>31,76</u>	P	A	P	3,73	L 14-04B	0,56	0,87
qpret2.3f	3.08-3.09	158,96	umc1320-bnlg1536	39,28	<u>34,91</u>	A	P	P	-5,40	L 08-05F	1,17	1,83
qpret2.4a	4.06-4.07 ¹	81,18	bnlg0252-bnlg2291	35,69	<u>24,80</u>	P	P	P	10,37	L 14-04B	4,32	6,75
qpret2.4b	4.06-4.07 ²	96,71	bnlg2291-dupssr34	34,41	<u>26,13</u>	P	P	P	7,43	L 14-04B	2,22	3,47
qpret2.4c	4.08-4.09	134,26	umc1051-umc1989	47,81	<u>46,11</u>	A	P	A	-1,24	L 08-05F	0,06	0,10
qpret2.5a	5.02-5.04	39,16	umc1587-phi0113	34,66	<u>27,75</u>	P	A	A	5,34	L 14-04B	1,15	1,79
qpret2.5b	5.03	83,08	umc1056-bnlg1902	37,93	<u>22,69</u>	P	P	P	-10,28	L 08-05F	4,25	6,64
qpret2.5c	5.05-5.06 ¹	151,47	mmc0081-umc1019	37,00	<u>19,77</u>	P	P	P	-13,33	L 08-05F	7,14	11,16
qpret2.5d	5.05-5.06 ²	161,30	umc1019-mm0481	36,21	<u>19,95</u>	P	P	P	-12,01	L 08-05F	5,80	9,06
qpret2.5e	5.05-5.06 ⁴	167,10	bnlg278-umc1524	36,12	<u>23,69</u>	P	P	P	-9,64	L 08-05F	3,74	5,84

Tabela 34 - QTLs mapeados em múltiplos ambientes para posição relativa de espiga nos testecrosses obtidos do testador L 02-03D: Posição no genoma, valores do TRV para presença do QTL e interação, ambientes nos quais foram mapeados, efeitos de substituição alélica, direção e proporções das variâncias fenotípicas e genéticas explicadas

QTL ^a	Posição			TRV ^b		Ambientes ^{c, d}			Ef. sub. ^e	Direção	(conclusão)	
	Bin	cM	Intervalo	Conj.	Int.	SNA	SMA	SAA			R^2_F	R^2_G
											(%)	(%)
qpret2.5f	5.06	172,32	umc1524-umc1680	35,98	23,75	P	P	P	-11,02	L 08-05F	4,88	7,62
qpret2.6a	6.00-6.01	11,01	phi0126-bnlg1371	41,63	<u>38,19</u>	A	A	P	-3,46	L 08-05F	0,48	0,75
qpret2.6b	6.04-6.05	106,76	umc1614-nc0013	34,05	<u>31,43</u>	P	A	A	-1,43	L 08-05F	0,08	0,13
qpret2.9	9.04-9.06	54,00	bnlg1012-umc1733	32,76	<u>28,97</u>	P	A	P	4,45	L 14-04B	0,80	1,25
qpret2.10	10.07	115,02	umc1196-umc1038	43,39	<u>39,01</u>	P	A	P	-6,20	L 08-05F	1,55	2,42

^a Os nomes dos QTLs são compostos por código que indica o caráter correspondente (qpre) e testador utilizado t2 (L 02-03D), seguido pelo número do cromossomo no qual se encontra e pela letra diferenciando os diversos QTLs em um mesmo cromossomo.

^b O teste de razão de verossimilhança (TRV) sublinhado indica efeito significativo da interação QTL x ambiente.

^c Ambientes com solos não ácido (SNA), de moderada (SMA) e alta acidez (SAA).

^d Presença (P) ou ausência (A) do QTL

^e Valores multiplicados por 10³

Tabela 35 - QTLs mapeados em múltiplos ambientes para florescimento masculino nos testecrosses obtidos do testador L 04-05F: Posição no genoma, valores do TRV para presença do QTL e interação, ambientes nos quais foram mapeados, efeitos de substituição alélica, direção do alelo favorável e proporções das variâncias fenotípicas e genéticas explicadas

QTL ^a	Posição			TRV ^b		Ambientes ^{c, d}			Ef. sub. dias	Direção	R^2_F (%)	R^2_G (%)
	Bin	cM	Intervalo	Conj.	Int.	SNA	SMA	SAA				
qfmt1.1a	1.03-1.04	66,46	umc1021-bnlg2238	33,05	<u>29,35</u>	A	A	P	0,16	L 14-04B	0,37	0,77
qfmt1.1b	1.04-1.05	84,01	bnlg2238-umc2025	77,80	<u>69,57</u>	A	A	A	0,29	L 14-04B	1,28	2,66
qfmt1.1c	1.05-1.06	122,85	umc1601-umc1508	41,63	<u>38,18</u>	A	A	P	-0,04	L 08-05F	0,03	0,06
qfmt1.1d	1.06-1.07	157,00	umc1035-bnlg0615	63,93	<u>49,99</u>	P	P	A	-0,38	L 08-05F	2,25	4,70
qfmt1.1e	1.07-1.08	161,10	bnlg0615-phi0037	65,55	<u>51,26</u>	P	P	A	-0,39	L 08-05F	2,35	4,89
qfmt1.2a	2.02	21,39	umc1265-umc1934	38,31	<u>37,41</u>	P	A	A	-0,09	L 08-05F	0,12	0,24
qfmt1.2b	2.02-2.03	37,99	bnlg0125-umc1845	34,43	<u>34,23</u>	P	A	A	0,03	L 14-04B	0,01	0,02
qfmt1.3a	3.01-3.02	13,01	umc1394-bnlgl144	34,15	<u>30,61</u>	P	P	A	-0,06	L 08-05F	0,05	0,10
qfmt1.3b	3.02-3.04	29,96	bnlg1144-bnlgl1452	43,95	<u>37,62</u>	A	A	A	0,07	L 14-04B	0,08	0,17
qfmt1.3c	3.05-3.06	69,35	mmc0022-bnlgl1798	30,63	<u>17,54</u>	P	P	P	0,42	L 14-04B	2,66	5,54
qfmt1.3d	3.06-3.07	107,77	bnlg1798-umc1690	33,69	<u>31,52</u>	A	A	A	0,07	L 14-04B	0,07	0,15
qfmt1.5	5.03	77,08	umc1056-bnlgl1902	37,09	<u>31,42</u>	P	P	P	-0,31	L 08-05F	1,44	2,99
qfmt1.6	6.00-6.01	17,01	phi0126-bnlgl1371	32,74	<u>28,82</u>	A	A	A	0,11	L 14-04B	0,18	0,37
qfmt1.8a	8.05-8.05	120,23	bnlg1176-bnlgl1607	38,16	<u>32,16</u>	P	A	P	-0,42	L 08-05F	2,67	5,56
qfmt1.8b	8.06-8.07	134,15	bnlg1607-bnlgl1823	33,84	<u>27,30</u>	P	A	P	-0,43	L 08-05F	2,86	5,95
qfmt1.10a	10.01-10.02	17,24	umc1319-bnlgl1451	30,83	<u>29,00</u>	A	A	P	0,09	L 14-04B	0,11	0,23
qfmt1.10b	10.07	115,02	umc1196-umc1038	30,56	22,10	P	P	P	0,38	L 14-04B	2,22	4,63

^a Os nomes dos QTLs são compostos por código que indica o caráter correspondente (qfm) e testador utilizado t1 (L 04-05F), seguido pelo número do cromossomo no qual se encontra e pela letra diferenciando os diversos QTLs em um mesmo cromossomo.

^b O teste de razão de verossimilhança (TRV) sublinhado indica efeito significativo da interação QTL x ambiente.

^c Ambientes com solos não ácido (SNA), de moderada (SMA) e alta acidez (SAA).

^d Presença (P) ou ausência (A) do QTL

Tabela 36 - QTLs mapeados em múltiplos ambientes para florescimento masculino nos testecrosses obtidos do testador L 02-03D: Posição no genoma, valores do TRV para presença do QTL e interação, ambientes nos quais foram mapeados, efeitos de substituição alélica, direção do alelo favorável e proporções das variâncias fenotípicas e genéticas explicadas

QTL ^a	Posição			TRV ^b		Ambientes ^{c, d}			Ef. sub. dias	Direção	R^2_F (%)	R^2_G (%)
	Bin	cM	Intervalo	Conj.	Int.	SNA	SMA	SAA				
qfmt2.1a	1.01	28,85	bnlg1014-bnlg1627	43,99	<u>41,32</u>	P	A	A	-0,23	L 08-05F	0,60	0,92
qfmt2.1b	1.03-1.04	73,46	umc1021-bnlg2238	43,96	<u>29,49</u>	P	P	P	0,51	L 14-04B	2,86	4,40
qfmt2.1c	1.05-1.06	123,85	umc1601-umc1508	34,69	<u>33,20</u>	P	A	A	-0,14	L 08-05F	0,22	0,34
qfmt2.1d	1.06	135,20	bnlg1598-umc1035	37,55	<u>36,84</u>	P	A	A	-0,02	L 08-05F	0,01	0,01
qfmt2.1e	1.06-1.07	150,00	umc1035-bnlg0615	35,66	<u>34,89</u>	A	A	P	0,01	L 14-04B	0,01	0,01
qfmt2.1f	1.07-1.09	184,92	phi0037-umc1431	38,43	<u>28,17</u>	A	A	A	-0,53	L 08-05F	3,05	4,70
qfmt2.1g	1.09-1.11	202,79	umc1431-phi0120	38,25	14,87	P	P	P	-0,60	L 08-05F	3,98	6,13
qfmt2.2a	2.02	19,39	umc1265-umc1934	33,58	<u>31,44</u>	P	A	A	0,12	L 14-04B	0,16	0,24
qfmt2.2b	2.05-2.06	120,77	dupssr21-bnlg1396	33,87	22,41	P	P	P	-0,39	L 08-05F	1,70	2,61
qfmt2.2c	2.08-2.09	206,98	umc1230-bnlg1520	31,21	<u>30,86</u>	P	A	P	0,03	L 14-04B	0,01	0,01
qfmt2.3a	3.08-3.09	151,96	umc1320-bnlg1536	37,77	<u>28,16</u>	P	P	P	0,24	L 14-04B	0,65	1,01
qfmt2.3b	3.09-3.10	191,86	bnlg1754-bnlg1098	45,21	<u>36,15</u>	P	P	P	-0,01	L 08-05F	0,00	0,00
qfmt2.5a	5.02-5.04	49,77	phi0113-bnlg1879	31,23	<u>28,97</u>	P	P	P	-0,16	L 08-05F	0,28	0,44
qfmt2.5b	5.02-5.03	54,68	bnlg1879-umc1056	32,93	<u>27,35</u>	P	P	P	-0,30	L 08-05F	0,99	1,53
qfmt2.7	7.05	147,36	umc1154-umc1407	32,81	14,46	P	P	P	0,68	L 14-04B	5,00	7,70
qfmt2.8	8.03-8.05	84,75	bnlg1863-bnlg1176	31,89	<u>30,77</u>	A	P	A	-0,11	L 08-05F	0,14	0,21

^a Os nomes dos QTLs são compostos por código que indica o caráter correspondente (qfm) e testador utilizado t2 (L 02-03D), seguido pelo número do cromossomo no qual se encontra e pela letra diferenciando os diversos QTLs em um mesmo cromossomo.

^b O teste de razão de verossimilhança (TRV) sublinhado indica efeito significativo da interação QTL x ambiente.

^c Ambientes com solos não ácidos (SNA), de moderada (SMA) e alta acidez (SAA).

^d Presença (P) ou ausência (A) do QTL

Tabela 37 - QTLs mapeados em múltiplos ambientes para florescimento feminino nos testecrosses obtidos do testador L 04-05F: Posição no genoma, valores do TRV para presença do QTL e interação, ambientes nos quais foram mapeados, efeitos de substituição alélica, direção do alelo favorável e proporções das variâncias fenotípicas e genéticas explicadas

QTL ^a	Posição			TRV ^b		Ambientes ^{c, d}			Ef. sub.	Direção	(continua)	
	Bin	cM	Intervalo	Conj.	Int.	SNA	SMA	SAA	dias		R^2_F (%)	R^2_G (%)
qfft1.1a	1.01	0,01	umc1177-umc1106	39,42	<u>34,21</u>	A	A	P	-0,26	L 08-05F	0,81	1,29
qfft1.1b	1.00-1.01	12,66	umc1106-bnlg1014	45,17	<u>37,03</u>	P	P	P	-0,14	L 08-05F	0,24	0,39
qfft1.1c	1.01-1.02	31,85	bnlg1014-bnlg1627	97,99	<u>97,50</u>	A	A	A	0,13	L 14-04B	0,20	0,32
qfft1.1d	1.02	46,35	bnlg1627-bnlg1083	33,83	<u>28,61</u>	P	P	P	0,42	L 14-04B	2,14	3,40
qfft1.1e	1.02-1.03	55,22	bnlg1083-umc1073	43,69	<u>40,64</u>	A	P	P	0,38	L 14-04B	1,74	2,76
qfft1.1f	1.03-1.04	66,46	umc1021-bnlg2238	42,88	<u>33,39</u>	P	A	P	0,45	L 14-04B	2,49	3,95
qfft1.1g	1.04-1.05	86,01	bnlg2238-umc2025	104,49	<u>96,77</u>	A	A	A	0,46	L 14-04B	2,59	4,11
qfft1.1h	1.06	126,74	umc1508-bnlg1598	50,16	<u>40,51</u>	P	P	P	0,27	L 14-04B	0,89	1,41
qfft1.1i	1.06-1.07	140,00	umc1035-bnlg0615	72,80	<u>57,79</u>	P	P	P	0,28	L 14-04B	0,94	1,49
qfft1.1j	1.07-1.08	163,10	bnlg0615-phi0037	40,64	<u>32,58</u>	A	A	P	0,13	L 14-04B	0,21	0,34
qfft1.1k	1.09-1.11	202,79	umc1431-phi0120	46,92	<u>39,10</u>	A	P	P	-0,27	L 08-05F	0,91	1,44
qfft1.1l	1.11-1.12	246,93	umc1630-umc1605	38,13	<u>36,73</u>	P	A	P	0,08	L 14-04B	0,09	0,14
qfft1.2a	2.00-2.01	0,01	umc1165-bnlg1338	36,73	<u>34,11</u>	P	A	A	-0,23	L 08-05F	0,64	1,02
qfft1.2b	2.01-2.02	7,21	umc1227-bnlg1017	39,07	<u>34,74</u>	P	A	P	-0,31	L 08-05F	1,18	1,87
qfft1.2c	2.05-2.06	104,77	dupssr21-bnlg1396	40,77	<u>27,99</u>	P	P	P	0,01	L 14-04B	0,01	0,01
qfft1.2d	2.07-2.08	190,48	umc1560-umc1464	30,55	26,41	P	P	P	0,15	L 14-04B	0,29	0,46
qfft1.2e	2.08-2.09	204,62	umc1633-umc1230	41,33	<u>39,18</u>	P	P	P	0,18	L 14-04B	0,40	0,63
qfft1.3a	3.01-3.02	5,01	umc1394-umc1144	40,64	<u>36,58</u>	P	P	A	-0,19	L 08-05F	0,42	0,67
qfft1.3b	3.02-3.04	33,96	bnlg1144-bnlg1452	89,32	<u>82,82</u>	A	A	A	-0,14	L 08-05F	0,25	0,40
qfft1.3c	3.04	56,08	bnlg1452-bnlg602	32,88	<u>31,15</u>	A	A	P	0,08	L 14-04B	0,07	0,12
qfft1.3d	3.05	66,97	bnlg0420-mmcc0022	34,89	<u>31,01</u>	A	A	P	0,28	L 14-04B	0,97	1,54
qfft1.3e	3.06-3.07	104,77	bnlg1798-umc1690	31,51	<u>29,88</u>	A	A	P	0,16	L 14-04B	0,30	0,47
qfft1.3f	3.09-3.10	180,86	bnlg1754-bnlg1098	39,43	<u>38,21</u>	A	A	A	0,13	L 14-04B	0,22	0,35
qfft1.4	4.10-4.11	181,91	bnlg1337-umc1197	44,59	<u>41,17</u>	A	A	P	0,23	L 14-04B	0,66	1,05
qfft1.5a	5.02-5.03	67,68	bnlg1879-umc1056	42,30	<u>37,17</u>	P	P	A	-0,30	L 08-05F	1,10	1,74
qfft1.5b	5.03-5.04	96,96	bnlg1902-dupssr10	33,43	<u>27,62</u>	P	A	A	-0,42	L 08-05F	2,16	3,44
qfft1.5c	5.04-5.05	133,87	umc1221-mmcc0081	31,86	22,58	P	P	P	0,17	L 14-04B	0,34	0,55
qfft1.6a	6.02-6.03	61,20	umc1006-umc1257	33,45	<u>31,32</u>	P	A	P	0,06	L 14-04B	0,04	0,07
qfft1.6b	6.06-6.07	160,81	umc1520-bnlg1759	31,63	26,53	P	P	P	0,30	L 14-04B	1,09	1,73
qfft1.7	7.05	145,36	umc1154-umc1407	36,93	22,10	P	P	P	0,54	L 14-04B	3,62	5,75

Tabela 37 - QTLs mapeados em múltiplos ambientes para florescimento feminino nos testecrosses obtidos do testador L 04-05F: Posição no genoma, valores do TRV para presença do QTL e interação, ambientes nos quais foram mapeados, efeitos de substituição alélica, direção do alelo favorável e proporções das variâncias fenotípicas e genéticas explicadas

											(conclusão)	
QTL ^a	Posição			TRV ^b		Ambientes ^{c, d}			Ef. sub. dias	Direção	R^2_F (%)	R^2_G (%)
	Bin	cM	Intervalo	Conj.	<u>Int.</u>	SNA	SMA	SAA				
qfft1.10	10.05-10.07	109,17	umc1506-umc2021	33,74	<u>27,53</u>	P	A	P	0,40	L 14-04B	1,96	3,11

^a Os nomes dos QTLs são compostos por código que indica o caráter correspondente (qff) e testador utilizado t1 (L 04-05F), seguido pelo número do cromossomo no qual se encontra e pela letra diferenciando os diversos QTLs em um mesmo cromossomo.

^b O teste de razão de verossimilhança (TRV) sublinhado indica efeito significativo da interação QTL x ambiente.

^c Ambientes com solos não ácido (SNA), de moderada (SMA) e alta acidez (SAA); ^d Presença (P) ou ausência (A) do QTL

Tabela 38 - QTLs mapeados em múltiplos ambientes para florescimento feminino nos testecrosses obtidos do testador L 02-03D: Posição no genoma, valores do TRV para presença do QTL e interação, ambientes nos quais foram mapeados, efeitos de substituição alélica, direção do alelo favorável e proporções das variâncias fenotípicas e genéticas explicadas

QTL ^a	Posição			TRV ^b		Ambientes ^{c, d}			Ef. sub. dias	Direção	(continua)	
	Bin	cM	Intervalo	Conj.	Int.	SNA	SMA	SAA			R^2_F (%)	R^2_G (%)
qfft2.1a	1.01-1.02	38,85	bnlg1014-bnlg1627	36,13	<u>32,55</u>	P	P	A	-0,23	L 08-05F	0,42	0,59
qfft2.1b	1.02	41,35	bnlg1627-bnlg1083	34,39	<u>27,99</u>	P	P	A	0,19	L 14-04B	0,28	0,40
qfft2.1c	1.03	56,12	umc1073-umc1021	47,78	<u>31,75</u>	P	P	P	0,55	L 14-04B	2,37	3,34
qfft2.1d	1.03-1.04	69,46	umc1021-bnlg2238	40,82	<u>29,33</u>	P	P	P	0,51	L 14-04B	2,02	2,84
qfft2.1e	1.04-1.05	85,01	bnlg2238-umc2025	35,18	<u>27,07</u>	A	P	P	0,43	L 14-04B	1,44	2,03
qfft2.1f	1.05	107,98	umc2025-umc1601	37,24	<u>34,55</u>	P	A	P	0,07	L 14-04B	0,04	0,05
qfft2.1g	1.06	129,74	umc1508-bnlg1598	35,23	<u>34,03</u>	A	A	A	-0,07	L 08-05F	0,04	0,05
qfft2.1h	1.06	135,20	bnlg1598-umc1035	34,00	<u>32,95</u>	A	A	A	0,05	L 14-04B	0,02	0,02
qfft2.1i	1.07-1.08	172,10	bnlg0615-phi0037	40,07	<u>39,32</u>	P	A	A	0,01	L 08-05F	0,01	0,01
qfft2.1j	1.07-1.09	201,92	phi0037-umc1431	43,75	<u>29,26</u>	P	P	P	-0,66	L 08-05F	3,42	4,81
qfft2.2a	2.01-2.02	7,21	umc1227-bnlg1017	44,48	<u>40,33</u>	P	A	A	-0,40	L 08-05F	1,24	1,75
qfft2.2b	2.02-2.03	32,36	bnlg2277-bnlg0125	30,96	<u>30,07</u>	A	A	P	-0,27	L 08-05F	0,58	0,82
qfft2.2c	2.04	74,18	bnlg0381-bnlg0166	38,63	<u>31,51</u>	P	P	A	0,52	L 14-04B	2,12	2,98
qfft2.2d	2.05-2.06	120,77	dupssr21-bnlg1396	39,26	<u>28,97</u>	P	P	P	-0,54	L 08-05F	2,33	3,28
qfft2.2e	2.07-2.08	186,48	umc1560-umc1464	34,89	<u>31,39</u>	A	P	P	-0,08	L 08-05F	0,05	0,07
qfft2.3a	3.01-3.02	7,01	umc1394-bnlg1144	32,77	<u>30,37</u>	P	A	A	0,19	L 14-04B	0,28	0,40
qfft2.3b	3.02-3.04	30,96	bnlg1144-bnlg1452	36,04	<u>27,03</u>	A	P	A	0,52	L 14-04B	2,15	3,03
qfft2.3c	3.04	53,08	bnlg1452-bnlg602	32,45	<u>22,92</u>	P	P	P	0,54	L 14-04B	2,33	3,28
qfft2.3d	3.04-3.05	61,12	bnlg602-bnlg0420	33,62	<u>28,78</u>	P	A	P	0,43	L 14-04B	1,43	2,02
qfft2.3e	3.05-3.06	86,35	mmc0022-bnlg1798	44,66	<u>43,70</u>	P	A	A	0,15	L 14-04B	0,17	0,24
qfft2.3f	3.08-3.09	157,96	umc1320-bnlg1536	31,94	<u>18,75</u>	P	P	P	0,68	L 14-04B	3,58	5,05
qfft2.3g	3.09-3.10	191,86	bnlg1754-bnlg1098	40,01	<u>32,26</u>	P	P	P	0,05	L 14-04B	0,02	0,03
qfft2.5a	5.03-5.04	48,77	phi0113-bnlg1879	47,58	<u>35,91</u>	P	P	P	-0,38	L 08-05F	1,11	1,57
qfft2.5b	5.02-5.03	54,68	bnlg1879-umc1056	39,26	<u>29,75</u>	P	P	P	-0,43	L 08-05F	1,44	2,02
qfft2.7	7.03-7.04	86,73	bnlg0434-dupssr13	33,16	<u>32,39</u>	A	A	A	-0,11	L 08-05F	0,10	0,14
qfft2.8a	8.00-8.02	15,88	ph420701-phi0119	41,50	<u>33,78</u>	P	P	A	0,44	L 14-04B	1,54	2,17
qfft2.8b	8.02-8.04	42,37	umc1034-phi0115	33,78	<u>31,45</u>	A	P	A	0,29	L 14-04B	0,67	0,94
qfft2.8c	8.03-8.05	87,75	bnlg1863-bnlg1176	32,57	<u>30,44</u>	A	P	A	0,04	L 14-04B	0,01	0,01
qfft2.9a	9.03-9.04	40,41	bnlg0430-umc1107	39,18	<u>29,81</u>	P	P	P	0,59	L 14-04B	2,78	3,91
qfft2.9b	9.04	51,55	umc1107-bnlg1012	37,05	<u>30,68</u>	P	A	P	0,43	L 14-04B	1,45	2,05

Tabela 38 - QTLs mapeados em múltiplos ambientes para florescimento feminino nos testecrosses obtidos do testador L 02-03D: Posição no genoma, valores do TRV para presença do QTL e interação, ambientes nos quais foram mapeados, efeitos de substituição alélica, direção do alelo favorável e proporções das variâncias fenotípicas e genéticas explicadas

QTL ^a	Posição			TRV ^b		Ambientes ^{c, d}			Ef. sub. dias	Direção	(conclusão)	
	Bin	cM	Intervalo	Conj.	<u>Int.</u>	SNA	SMA	SAA			R^2_F (%)	R^2_G (%)
qfft2.9c	9.04-9.06	63,00	bnlg1012-umc1733	37,25	<u>30,98</u>	P	A	P	0,50	L 14-04B	1,99	2,80
qfft2.10	10.04	87,59	bnlg1526-umc1930	32,88	<u>31,30</u>	P	P	A	0,27	L 14-04B	0,56	0,79

^a Os nomes dos QTLs são compostos por código que indica o caráter correspondente (qff) e testador utilizado t2 (L 02-03D), seguido pelo número do cromossomo no qual se encontra e pela letra diferenciando os diversos QTLs em um mesmo cromossomo. ^b O teste de razão de verossimilhança (TRV) sublinhado indica efeito significativo da interação QTL x ambiente.

^c Ambientes com solos não ácido (SNA), de moderada (SMA) e alta acidez (SAA). ^d Presença (P) ou ausência (A) do QTL

Tabela 39 - QTLs mapeados em múltiplos ambientes para intervalo entre florescimentos nos testecrosses obtidos do testador L 04-05F: Posição no genoma, valores do TRV para presença do QTL e interação, ambientes nos quais foram mapeados, efeitos de substituição alélica, direção do alelo favorável e proporções das variâncias fenotípicas e genéticas explicadas

QTL ^a	Posição			TRV ^b		Ambientes ^{c, d}			Ef. sub.	Direção	(continua)	
	Bin	cM	Intervalo	Conj.	Int.	SNA	SMA	SAA	dias		R^2_F (%)	R^2_G (%)
qift1.1a	1.00-1.01	12,01	umc1177-umc1106	46,71	<u>39,86</u>	P	P	A	0,11	L 14-04B	0,26	0,61
qift1.1b	1.00-1.01	15,66	umc1106-bnlg1014	39,04	<u>32,63</u>	P	P	A	0,14	L 14-04B	0,42	1,00
qift1.1c	1.01-1.02	23,85	bnlg1014-bnlg1627	51,35	<u>39,37</u>	A	A	A	0,36	L 14-04B	2,95	7,02
qift1.1d	1.02	45,35	bnlg1627-bnlg1083	45,70	<u>34,36</u>	P	P	A	0,37	L 14-04B	3,08	7,33
qift1.1e	1.02-1.03	51,22	bnlg1083-umc1073	41,09	<u>33,42</u>	A	P	A	0,30	L 14-04B	2,03	4,84
qift1.1f	1.03	58,12	umc1073-umc1021	53,07	<u>36,44</u>	P	P	P	0,38	L 14-04B	3,32	7,89
qift1.1g	1.03-1.04	70,46	umc1021-bnlg2238	47,55	<u>32,34</u>	P	P	P	0,41	L 14-04B	3,82	9,09
qift1.1h	1.04-1.05	87,01	bnlg2238-umc2025	86,26	<u>74,61</u>	A	A	A	0,66	L 14-04B	9,85	23,45
qift1.1i	1.05-1.06	122,85	umc1601-umc1508	53,34	<u>52,05</u>	P	A	A	0,06	L 14-04B	0,08	0,18
qift1.1j	1.06	135,20	bnlg1598-umc1035	40,27	<u>37,85</u>	P	P	A	0,06	L 14-04B	0,08	0,18
qift1.1k	1.06-1.07	153,00	umc1035-bnlg0615	45,46	<u>40,61</u>	A	P	A	0,09	L 14-04B	0,18	0,43
qift1.1l	1.09-1.11	218,79	umc1431-phi0120	72,80	<u>70,98</u>	A	A	A	-0,14	L 08-05F	0,46	1,10
qift1.1m	1.11	240,43	phi0120-umc1630	38,43	<u>35,13</u>	P	A	P	0,07	L 14-04B	0,11	0,27
qift1.1n	1.11-1.12	252,93	umc1630-umc1605	38,93	<u>35,72</u>	P	A	A	0,05	L 14-04B	0,05	0,11
qift1.2a	2.00-2.02	0,01	umc1165-bnlg1338	31,52	<u>30,79</u>	P	P	P	-0,04	L 08-05F	0,03	0,08
qift1.2b	2.01-2.02	7,21	umc1227-umc1227	33,03	<u>32,76</u>	A	P	A	-0,04	L 08-05F	0,03	0,07
qift1.2c	2.02	11,39	umc1265-umc1934	42,09	<u>40,24</u>	P	P	P	-0,11	L 08-05F	0,28	0,66
qift1.2d	2.02-2.03	32,36	bnlg2277-bnlg0125	37,17	<u>34,78</u>	P	A	A	-0,19	L 08-05F	0,78	1,87
qift1.2e	2.02-2.03	34,99	bnlg0125-umc1845	37,29	<u>35,06</u>	P	A	A	-0,18	L 08-05F	0,75	1,79
qift1.2f	2.03	41,15	umc1845-umc1776	31,22	<u>28,92</u>	P	A	A	-0,19	L 08-05F	0,86	2,05
qift1.2g	2.05-2.06	112,77	dupssr21-bnlg0381	31,10	<u>30,94</u>	P	A	A	0,03	L 14-04B	0,02	0,06
qift1.2h	2.08	196,33	umc1464-umc1633	41,74	<u>39,14</u>	P	A	A	0,02	L 14-04B	0,01	0,03
qift1.2i	2.08-2.09	202,62	umc1633-umc1230	40,27	<u>38,73</u>	P	P	A	0,04	L 14-04B	0,04	0,09
qift1.2j	2.08-2.09	207,98	umc1230-bnlg1520	39,39	<u>38,22</u>	P	P	P	0,07	L 14-04B	0,12	0,28
qift1.3a	3.02-3.04	25,96	bnlg1144-bnlg1452	82,33	<u>81,13</u>	A	A	A	-0,04	L 08-05F	0,04	0,10
qift1.3b	3.05-3.06	85,35	mmc0022-bnlg1798	50,72	<u>46,65</u>	A	A	A	0,02	L 14-04B	0,01	0,03
qift1.4	4.09-4.10	146,64	umc1989-bnlg0589	34,57	<u>30,84</u>	P	P	A	-0,17	L 08-05F	0,62	1,47
qift1.5a	5.02-5.04	41,16	umc1587-phi0113	45,59	<u>29,95</u>	A	P	P	-0,32	L 08-05F	2,35	5,61
qift1.5b	5.03-5.04	98,96	bnlg1902-dupssr10	40,07	<u>39,48</u>	P	A	P	-0,07	L 08-05F	0,11	0,27
qift1.5c	5.04	113,32	dupssr10-umc1221	38,11	<u>36,58</u>	A	P	P	-0,03	L 08-05F	0,02	0,04

Tabela 39 - QTLs mapeados em múltiplos ambientes para intervalo entre florescimentos nos testecrosses obtidos do testador L 04-05F: Posição no genoma, valores do TRV para presença do QTL e interação, ambientes nos quais foram mapeados, efeitos de substituição alélica, direção do alelo favorável e proporções das variâncias fenotípicas e genéticas explicadas

QTL ^a	Posição			TRV ^b		Ambientes ^{c, d}			Ef. sub.	Direção	(conclusão)	
	Bin	cM	Intervalo	Conj.	Int.	SNA	SMA	SAA	dias		R^2_F (%)	R^2_G (%)
qift1.6a	6.00-6.01	0,01	phi0126-bnlg1371	35,12	<u>33,03</u>	P	A	A	0,08	L 14-04B	0,15	0,36
qift1.6b	6.02-6.04	71,98	umc1257-umc1887	40,60	<u>38,03</u>	P	A	P	-0,12	L 08-05F	0,34	0,80
qift1.7	7.00-7.01	0,01	umc1426-umc1632	42,86	<u>27,52</u>	P	P	P	-0,16	L 08-05F	0,61	1,46
qift1.8a	8.00-8.02	12,88	ph420701-phi0119	39,94	15,37	P	P	P	0,39	L 14-04B	3,49	8,31
qift1.8b	8.02-8.04	36,37	umc1034-phi0115	34,05	<u>31,64</u>	A	P	A	0,14	L 14-04B	0,44	1,05

^a Os nomes dos QTLs são compostos por código que indica o caráter correspondente (qif) e testador utilizado t1 (L 04-05F), seguido pelo número do cromossomo no qual se encontra e pela letra diferenciando os diversos QTLs em um mesmo cromossomo.

^b O teste de razão de verossimilhança (TRV) sublinhado indica efeito significativo da interação QTL x ambiente.

^c Ambientes com solos não ácido (SNA), de moderada (SMA) e alta acidez (SAA).

^d Presença (P) ou ausência (A) do QTL

Tabela 40 - QTLs em múltiplos ambientes para intervalo entre florescimentos nos testecrosses obtidos do testador L 02-03D: Posição no genoma, valores do TRV para presença do QTL e interação, ambientes nos quais foram mapeados, efeitos de substituição alélica, direção do alelo favorável e proporções das variâncias fenotípicas e genéticas explicadas

QTL ^a	Posição			TRV ^b		Ambientes ^{c, d}			Ef. sub.	Direção	(continua)	
	Bin	cM	Intervalo	Conj.	Int.	SNA	SMA	SAA	dias		R^2_F (%)	R^2_G (%)
qift2.1a	1.00-1.01	9,01	umc1177-umc1106	48,07	<u>40,95</u>	P	P	A	0,24	L 14-04B	1,80	4,86
qift2.1b	1.01-1.02	28,85	bnlg1014-bnlg1627	156,21	<u>143,34</u>	A	A	A	0,39	L 14-04B	4,82	13,02
qift2.1c	1.02-1.03	52,22	bnlg1083-umc1073	55,32	<u>37,63</u>	A	P	P	0,45	L 14-04B	6,28	16,97
qift2.1d	1.03	56,12	umc1073-umc1021	53,58	<u>32,58</u>	P	P	P	0,30	L 14-04B	2,74	7,39
qift2.1e	1.04	85,01	bnlg2238-umc2025	131,15	<u>131,00</u>	A	A	A	0,03	L 14-04B	0,04	0,10
qift2.1f	1.05	102,98	umc2025-umc1601	38,94	<u>38,45</u>	P	A	P	0,01	L 14-04B	0,01	0,01
qift2.1g	1.05-1.06	123,85	umc1601-umc1508	91,73	<u>75,80</u>	P	A	P	-0,19	L 08-05F	1,07	2,90
qift2.1h	1.06	128,74	umc1508-bnlg1598	80,63	<u>64,26</u>	P	P	P	-0,21	L 08-05F	1,41	3,81
qift2.1i	1.06-1.07	152,00	umc1035-bnlg0615	73,42	<u>72,87</u>	A	A	A	-0,06	L 08-05F	0,10	0,26
qift2.1j	1.07-1.09	189,92	phi0037-umc1431	96,80	<u>92,49</u>	A	A	A	-0,20	L 08-05F	1,31	3,54
qift2.1k	1.11	239,43	phi0120-umc1630	49,11	<u>48,20</u>	P	P	P	0,04	L 14-04B	0,05	0,13
qift2.1l	1.11-1.12	254,93	umc1630-umc1605	39,14	<u>29,02</u>	P	P	A	0,20	L 14-04B	1,24	3,36
qift2.2a	2.01-2.02	4,23	bnlg1338-umc1227	36,50	<u>34,67</u>	P	P	A	-0,05	L 08-05F	0,09	0,25
qift2.2b	2.02	17,39	umc1265-umc1934	34,68	17,89	P	P	P	-0,47	L 08-05F	6,99	18,88
qift2.2c	2.04	69,18	bnlg0381-bnlg0166	41,28	<u>36,28</u>	A	A	A	0,26	L 14-04B	2,07	5,60
qift2.2d	2.08-2.09	204,62	umc1633-umc1230	31,51	<u>29,59</u>	A	A	A	0,05	L 14-04B	0,09	0,25
qift2.2e	2.08-2.09	210,98	umc1230-bnlg1520	39,14	<u>38,26</u>	P	A	P	0,04	L 14-04B	0,06	0,16
qift2.3a	3.02-3.04	29,96	bnlg1144-bnlg1452	44,55	<u>44,06</u>	A	A	A	0,00	L 08-05F	0,01	0,01
qift2.3b	3.05-3.06	85,35	mmc0022-bnlg1798	43,06	<u>40,54</u>	A	P	P	-0,15	L 08-05F	0,72	1,95
qift2.4a	4.05	56,98	umc1088-phi0026	34,21	<u>28,99</u>	P	A	P	-0,12	L 08-05F	0,42	1,14
qift2.4b	4.05-4.06	60,96	phi0026-bnlg0252	32,16	25,43	P	P	P	-0,16	L 08-05F	0,83	2,23
qift2.4c	4.06	72,18	bnlg0252-bnlg2291	30,81	25,60	P	P	P	-0,17	L 08-05F	0,96	2,58
qift2.4d	4.08-4.09	134,26	umc1051-umc1989	32,18	<u>31,82</u>	A	P	P	-0,05	L 08-05F	0,09	0,25
qift2.4e	4.09-4.10	161,31	bnlg0589-ph314704	37,27	<u>35,96</u>	A	A	P	0,01	L 14-04B	0,01	0,01
qift2.4f	4.10-4.11	183,91	bnlg1337-umc1197	38,27	<u>36,60</u>	P	P	A	0,09	L 14-04B	0,27	0,72
qift2.5a	5.03	85,08	umc1056-bnlg1902	34,10	24,47	P	P	P	-0,18	L 08-05F	1,00	2,71
qift2.5b	5.03-5.04	95,96	bnlg1902-dupssr10	36,57	<u>28,79</u>	P	P	A	-0,19	L 08-05F	1,16	3,13
qift2.5c	5.04	117,32	dupssr10-umc1221	31,61	<u>28,08</u>	A	P	A	-0,17	L 08-05F	0,89	2,40
qift2.5d	5.05-5.06	146,47	mmc0081-umc1019	40,95	<u>34,48</u>	P	A	A	-0,31	L 08-05F	3,02	8,16
qift2.5e	5.07-5.09	195,71	phi0128-umc1153	47,23	42,07	P	A	P	0,17	L 14-04B	0,92	2,47

Tabela 40 - QTLs mapeados em múltiplos ambientes para intervalo entre florescimentos nos testecrosses obtidos do testador L 02-03D: Posição no genoma, valores do TRV para presença do QTL e interação, ambientes nos quais foram mapeados, efeitos de substituição alélica, direção do alelo favorável e proporções das variâncias fenotípicas e genéticas explicada

QTL ^a	Posição			TRV ^b		Ambientes ^{c, d}			Ef. sub.	Direção	(conclusão)	
	Bin	cM	Intervalo	Conj.	<u>Int.</u>	SNA	SMA	SAA	dias		R^2_F (%)	R^2_G (%)
qift.2.7	7.03-7.04	73,73	bnlg0434-dupssr13	32,79	<u>27,08</u>	P	A	P	0,18	L 14-04B	1,05	2,84
qift.2.9	9.02	2,44	dupssr06-bnlg1401	30,68	<u>27,23</u>	P	A	P	-0,09	L 08-05F	0,24	0,64
qift.2.10	10.04-10.05	94,49	umc1930-umc1506	32,72	<u>31,98</u>	P	A	A	0,03	L 14-04B	0,03	0,07

^a Os nomes dos QTLs são compostos por código que indica o caráter correspondente (qif) e testador utilizado t2 (L 02-03D), seguido pelo número do cromossomo no qual se encontra e pela letra diferenciando os diversos QTLs em um mesmo cromossomo.

^b O teste de razão de verossimilhança (TRV) sublinhado indica efeito significativo da interação QTL x ambiente.

^c Ambientes com solos não ácido (SNA), de moderada (SMA) e alta acidez (SAA).

^d Presença (P) ou ausência (A) do QTL

Tabela 41 - Número de QTLs mapeados nos diferentes solos e número de QTLs coincidentes nos testecrosses de diferentes testadores para produção de grãos

Ambiente ^a	Testador		QTLs coincidentes nos Testecrosses dos diferentes testadores	
	L 04-05F	L 02-03D	Total	Posição (Bin) ^e
Total ^b				
SNA-SMA-SAA	20	39	8	1.02, 1.09, 3.01, 3.02, 3.05, 4.05, 7.05, 8.00
Por solo ^c				
SNA	11 (55,00)	19 (48,72)	4	1.02, 4.05, 7.05, 8.00
SMA	11 (55,00)	19 (48,72)	4	3.01, 4.05, 7.05, 8.00
SAA	12 (60,00)	16 (41,03)	3	1.09, 3.01, 7.05
Grupo de solos ^d				
SNA-SMA	7 (35,00)	12 (30,77)	3	4.05, 7.05, 8.00
SNA-SAA	6 (30,00)	6 (15,38)	1	7.05
SMA-SAA	7 (35,00)	8 (20,51)	2	3.01, 7.05
SNA-SMA-SAA	4 (20,00)	6 (15,38)	1	7.05

^a SNA, SMA e SAA referem-se aos solos não ácido, de moderada acidez e de alta acidez, respectivamente.

^b Total de QTLs mapeados em todos os solos para os testadores L 04-05F e L 02-03D.

^c Número de QTLs mapeados para cada testador em cada solo e porcentagem do total de QTLs mapeados (entre parênteses).

^d Número de QTLs mapeados simultaneamente nos diferentes grupos de solos (SNA-SMA, SNA-SAA e SMA-SAA, SNA-SMA-SAA).

^e Refere-se ao Bin no qual encontra-se o marcador à esquerda do intervalo considerado. O primeiro número refere-se ao cromossomo e o número após o ponto à seqüência de bins no cromossomo.

Tabela 42 - Número de QTLs mapeados nos diferentes solos e número de QTLs coincidentes nos testecrosses de diferentes testadores para acamamento e quebramento de plantas

Ambiente ^a	Testador		QTLs coincidentes nos Testecrosses dos diferentes testadores	
	L 04-05F	L 02-03D	Total	Posição (Bin) ^c
Total ^b				
SNA-SMA-SAA	43	27	13	1.00, 1.02, 1.06, 1.07, 2.03, 2.07, 2.08, 3.05, 3.09, 6.00, 8.02, 8.03 ¹ , 8.03 ²
Por solo ^c				
SNA	18 (41,86)	17 (62,96)	5	1.00, 1.02, 2.08, 3.09, 8.02
SMA	23 (53,48)	17 (62,96)	5	1.02, 2.03, 2.07, 2.08, 8.02
SAA	16 (37,21)	14 (51,85)	3	8.02, 8.03 ¹ , 8.03 ²
Grupo de solos ^d				
SNA-SMA	10 (23,25)	12 (44,44)	3	1.02, 2.08, 8.02
SNA-SAA	5 (11,62)	11 (40,74)	1	8.02
SMA-SAA	10 (23,25)	10 (37,04)	1	8.02
SNA-SMA-SAA	3 (6,97)	7 (25,92)	1	8.02

^a SNA, SMA e SAA referem-se aos solos não ácido, de moderada acidez e de alta acidez, respectivamente.

^b Total de QTLs mapeados em todos os solos para os testadores L 04-05F e L 02-03D.

^c Número de QTLs mapeados para cada testador em cada solo e porcentagem do total de QTLs mapeados (entre parênteses).

^d Número de QTLs mapeados simultaneamente nos diferentes grupos de solos (SNA-SMA, SNA-SAA e SMA-SAA, SNA-SMA-SAA).

^e Refere-se ao Bin no qual encontra-se o marcador à esquerda do intervalo considerado. O primeiro número refere-se ao cromossomo e o número após o ponto à seqüência de bins no cromossomo.

Tabela 43 - Número de QTLs mapeados nos diferentes solos e número de QTLs coincidentes nos testecrosses de diferentes testadores para prolificidade

Ambiente ^a	Testador		QTLs coincidentes nos Testecrosses dos diferentes testadores	
	L 04-05F	L 02-03D	Total	Posição (Bin) ^e
Total ^b				
SNA-SMA-SAA	30	42	10	1.03, 1.05 ¹ , 1.05 ² , 1.11, 2.03, 2.04, 3.02, 3.06, 8.00, 10.04
Por solo ^c				
SNA	15 (50,00)	27 (40,47)	5	1.03, 1.05 ² , 1.11, 2.03, 8.00
SMA	14 (46,66)	18 (42,86)	5	1.03, 1.11, 3.06, 8.00, 10.04
SAA	11 (36,66)	26 (61,90)	2	1.11, 8.00
Grupo de solos ^d				
SNA-SMA	9 (30,00)	12 (28,57)	3	1.03, 1.11, 8.00
SNA-SAA	6 (20,00)	18 (42,86)	2	1.11, 8.00
SMA-SAA	6 (20,00)	15 (35,71)	2	1.11, 8.00
SNA-SMA-SAA	4 (13,33)	11 (26,19)	2	1.11, 8.00

^a SNA, SMA e SAA referem-se aos solos não ácido, de moderada acidez e de alta acidez, respectivamente.

^b Total de QTLs mapeados em todos os solos para os testadores L 04-05F e L 02-03D.

^c Número de QTLs mapeados para cada testador em cada solo e porcentagem do total de QTLs mapeados (entre parênteses).

^d Número de QTLs mapeados simultaneamente nos diferentes grupos de solos (SNA-SMA, SNA-SAA e SMA-SAA, SNA-SMA-SAA).

^e Refere-se ao Bin no qual encontra-se o marcador à esquerda do intervalo considerado. O primeiro número refere-se ao cromossomo e o número após o ponto à sequência de bins no cromossomo.

Tabela 44 - Número de QTLs mapeados nos diferentes solos e número de QTLs coincidentes nos testecrosses de diferentes testadores para altura de planta

Ambiente ^a	Testador		QTLs coincidentes nos Testecrosses dos diferentes testadores	
	L 04-05F	L 02-03D	Total	Posição (Bin) ^e
Total ^b				
SNA-SMA-SAA	30	40	10	1.02, 1.03, 1.05, 1.11, 3.01, 3.02, 4.10, 5.05, 6.00, 6.02
Por solo ^c				
SNA	17 (56,66)	21 (52,50)	4	1.03, 1.11, 5.05, 6.02
SMA	21 (70,00)	19 (47,50)	5	1.03, 1.05, 4.10, 5.05, 6.02
SAA	18 (60,00)	19 (47,50)	5	1.11, 3.01, 4.10, 5.05, 6.02
Grupo de solos ^d				
SNA-SMA	14 (46,66)	13 (32,50)	3	1.03, 5.05, 6.02
SNA-SAA	13 (43,33)	16 (40,00)	3	1.11, 5.05, 6.02
SMA-SAA	13 (43,33)	10 (25,00)	3	4.10, 5.05, 6.02
SNA-SMA-SAA	12 (40,00)	9 (22,51)	2	5.05, 6.02

^a SNA, SMA e SAA referem-se aos solos não ácido, de moderada acidez e de alta acidez, respectivamente.

^b Total de QTLs mapeados em todos os solos para os testadores L 04-05F e L 02-03D.

^c Número de QTLs mapeados para cada testador em cada solo e porcentagem do total de QTLs mapeados (entre parênteses).

^d Número de QTLs mapeados simultaneamente nos diferentes grupos de solos (SNA-SMA, SNA-SAA e SMA-SAA, SNA-SMA-SAA).

^e Refere-se ao Bin no qual encontra-se o marcador à esquerda do intervalo considerado. O primeiro número refere-se ao cromossomo e o número após o ponto à seqüência de bins no cromossomo.

Tabela 45 - Número de QTLs mapeados nos diferentes solos e número de QTLs coincidentes nos testecrosses de diferentes testadores para altura de espiga

Ambiente ^a	Testador		QTLs coincidentes nos Testecrosses dos diferentes testadores	
	L 04-05F	L 02-03D	Total	Posição (Bin) ^e
Total ^b				
SNA-SMA-SAA	30	28	8	1.03, 1.06, 1.07, 1.11, 2.08, 3.08, 4.07, 5.04
Por solo ^c				
SNA	18 (60,00)	14 (50,00)	6	1.03, 1.06, 1.11, 4.07, 5.04, 3.08
SMA	19 (63,33)	16 (57,14)	5	1.03, 1.06, 2.08, 4.07, 3.08
SAA	21 (70,00)	12 (42,85)	4	1.11, 2.08, 5.04, 3.08
Grupo de solos ^d				
SNA-SMA	13 (43,33)	8 (28,57)	4	1.03, 1.06, 4.07, 3.08
SNA-SAA	14 (46,60)	7 (25,00)	3	1.11, 5.04, 3.08
SMA-SAA	13 (43,30)	8 (28,57)	2	2.08, 3.08
SNA-SMA-SAA	10 (33,33)	4 (14,28)	1	3.08

^a SNA, SMA e SAA referem-se aos solos não ácido, de moderada acidez e de alta acidez, respectivamente.

^b Total de QTLs mapeados em todos os solos para os testadores L 04-05F e L 02-03D.

^c Número de QTLs mapeados para cada testador em cada solo e porcentagem do total de QTLs mapeados (entre parênteses).

^d Número de QTLs mapeados simultaneamente nos diferentes grupos de solos (SNA-SMA, SNA-SAA e SMA-SAA, SNA-SMA-SAA).

^e Refere-se ao Bin no qual encontra-se o marcador à esquerda do intervalo considerado. O primeiro número refere-se ao cromossomo e o número após o ponto à seqüência de bins no cromossomo.

Tabela 46 - Número de QTLs mapeados nos diferentes solos e número de QTLs coincidentes nos testecrosses de diferentes testadores para posição relativa de espiga

Ambiente ^a	Testador		QTLs coincidentes nos Testecrosses dos diferentes testadores	
	L 04-05F	L 02-03D	Total	Posição (Bin) ^e
Total ^b				
SNA-SMA-SAA	41	35	15	1.00, 1.01, 1.05, 1.05, 1.09, 2.03, 3.02, 3.08, 4.06, 4.06, 4.08, 5.03, 5.05 ¹ , 5.05 ² , 5.05 ⁴
Por solo ^c				
SNA	28 (68,69)	22 (62,85)	7	2.03, 4.06 ¹ , 4.06 ² , 5.03, 5.05 ¹ , 5.05 ² , 5.05 ⁴
SMA	23 (56,09)	19 (54,28)	7	2.03 ² , 3.08, 4.06 ¹ , 4.06 ² , 5.05 ¹ , 5.05 ² , 5.05 ⁴
SAA	28 (68,29)	21 (60,00)	10	1.01, 1.05, 2.03, 3.08, 4.06 ¹ , 4.06 ² , 5.03, 5.05 ¹ , 5.05 ² , 5.05 ⁴
Grupo de solos ^d				
SNA-SMA	20 (48,78)	14 (40,00)	6	2.03, 4.06 ¹ , 4.06 ² , 5.05 ¹ , 5.05 ² , 5.05 ⁴
SNA-SAA	24 (58,54)	15 (42,86)	6	2.03, 4.06 ¹ , 4.06 ² , 5.05 ¹ , 5.05 ² , 5.05 ⁴
SMA-SAA	21 (51,22)	14 (40,00)	6	2.03, 4.06 ¹ , 4.06 ² , 5.05 ¹ , 5.05 ² , 5.05 ⁴
SNA-SMA-SAA	19 (46,34)	11 (31,43)	6	2.03, 4.06 ¹ , 4.06 ² , 5.05 ¹ , 5.05 ² , 5.05 ⁴

^a SNA, SMA e SAA referem-se aos solos não ácido, de moderada acidez e de alta acidez, respectivamente.

^b Total de QTLs mapeados em todos os solos para os testadores L 04-05F e L 02-03D.

^c Número de QTLs mapeados para cada testador em cada solo e porcentagem do total de QTLs mapeados (entre parênteses).

^d Número de QTLs mapeados simultaneamente nos diferentes grupos de solos (SNA-SMA, SNA-SAA e SMA-SAA, SNA-SMA-SAA).

^e Refere-se ao Bin no qual encontra-se o marcador à esquerda do intervalo considerado. O primeiro número refere-se ao cromossomo e o número após o ponto à sequência de bins no cromossomo.

Tabela 47 - Número de QTLs mapeados nos diferentes solos e número de QTLs coincidentes nos testecrosses de diferentes testadores para florescimento masculino

Ambiente ^a	Testador		QTLs coincidentes nos Testecrosses dos diferentes testadores	
	L 04-05F	L 02-03D	Total	Posição (Bin) ^e
Total ^b				
SNA-SMA-SAA	17	16	4	1.03, 1.05, 1.06, 2.02
Por solo ^c				
SNA	10 (58,82)	13 (81,25)	1	2,02
SMA	6 (35,29)	9 (56,25)	0	-
SAA	8 (47,06)	10 (62,50)	1	1,03
Grupo de solos ^d				
SNA-SMA	6 (35,29)	8 (50,00)	0	-
SNA-SAA	5 (29,41)	9 (56,25)	0	-
SMA-SAA	3 (17,64)	8 (50,00)	0	-
SNA-SMA-SAA	3 (17,65)	8 (50,00)	0	-

^a SNA, SMA e SAA referem-se aos solos não ácido, de moderada acidez e de alta acidez, respectivamente.

^b Total de QTLs mapeados em todos os solos para os testadores L 04-05F e L 02-03D.

^c Número de QTLs mapeados para cada testador em cada solo e porcentagem do total de QTLs mapeados (entre parênteses).

^d Número de QTLs mapeados simultaneamente nos diferentes grupos de solos (SNA-SMA, SNA-SAA e SMA-SAA, SNA-SMA-SAA).

^e Refere-se ao Bin no qual encontra-se o marcador à esquerda do intervalo considerado. O primeiro número refere-se ao cromossomo e o número após o ponto à seqüência de bins no cromossomo.

Tabela 48 - Número de QTLs mapeados nos diferentes solos e número de QTLs coincidentes nos testecrosses de diferentes testadores para florescimento feminino

Ambiente ^a	Testador		QTLs coincidentes nos Testecrosses dos diferentes testadores	
	L 04-05F	L 02-03D	Total	Posição (Bin) ^e
Total ^b				
SNA-SMA-SAA	31	32	10	1.02, 1.03, 1.04, 1.06, 2.01, 2.05, 2.07, 3.01, 3.02, 3.04
Por solo ^c				
SNA	19 (61,29)	23 (71,87)	5	1.02, 1.03, 2.05, 2.01, 3.01
SMA	14 (45,16)	20 (62,50)	3	1.02, 2.05, 2.07
SAA	23 (74,19)	17 (53,12)	4	1.03, 2.05, 2.07, 3.04
Grupo de solos ^d				
SNA-SMA	12 (38,71)	15 (46,88)	2	1.02, 2.05
SNA-SAA	15 (48,39)	14 (43,75)	2	1.03, 2.05
SMA-SAA	12 (38,71)	12 (37,50)	2	2.05, 2.07
SNA-SMA-SAA	10 (32,25)	10 (31,25)	1	2.05

^a SNA, SMA e SAA referem-se aos solos não ácido, de moderada acidez e de alta acidez, respectivamente.

^b Total de QTLs mapeados em todos os solos para os testadores L 04-05F e L 02-03D.

^c Número de QTLs mapeados para cada testador em cada solo e porcentagem do total de QTLs mapeados (entre parênteses).

^d Número de QTLs mapeados simultaneamente nos diferentes grupos de solos (SNA-SMA, SNA-SAA e SMA-SAA, SNA-SMA-SAA).

^e Refere-se ao Bin no qual encontra-se o marcador à esquerda do intervalo considerado. O primeiro número refere-se ao cromossomo e o número após o ponto à seqüência de bins no cromossomo.

Tabela 49 - Número de QTLs mapeados nos diferentes solos e número de QTLs coincidentes nos testecrosses de diferentes testadores para intervalo entre florescimentos

Ambiente ^a	Testador		QTLs coincidentes nos Testecrosses dos diferentes testadores	
	L 04-05F	L 02-03D	Total	Posição (Bin) ^e
Total ^b				
SNA-SMA-SAA	35	33	13	1.00, 1.02, 1.03, 1.05, 1.06, 1.11, 2.02, 2.08 ¹ , 2.08 ² , 3.05, 5.03, 5.04
Por solo ^c				
SNA	24 (68,57)	21 (63,64)	7	1.00, 1.03, 1.05, 1.11, 2.02, 2.08, 5.03
SMA	19 (54,28)	16 (48,48)	4	1.00, 1.03, 2.02, 5.04
SAA	12 (34,28)	18 (54,55)	4	1.03, 1.11, 2.02, 2.08
Grupo de solos ^d				
SNA-SMA	13 (37,14)	12 (57,14)	3	1.00, 1.03, 2.02
SNA-SAA	10 (28,57)	14 (42,42)	4	1.03, 1.11, 2.02, 2.08
SMA-SAA	9 (25,71)	10 (30,30)	2	1.03, 2.02
SNA-SMA-SAA	7 (20,00)	7 (21,21)	2	1.03, 2.02

^a SNA, SMA e SAA referem-se aos solos não ácido, de moderada acidez e de alta acidez, respectivamente.

^b Total de QTLs mapeados em todos os solos para os testadores L 04-05F e L 02-03D.

^c Número de QTLs mapeados para cada testador em cada solo e porcentagem do total de QTLs mapeados (entre parênteses).

^d Número de QTLs mapeados simultaneamente nos diferentes grupos de solos (SNA-SMA, SNA-SAA e SMA-SAA, SNA-SMA-SAA).

^e Refere-se ao Bin no qual encontra-se o marcador à esquerda do intervalo considerado. O primeiro número refere-se ao cromossomo e o número após o ponto à sequência de bins no cromossomo.