

FÁBIO MEDEIROS FERREIRA

EFICIÊNCIA DE DIALELOS CIRCULANTES VIA SIMULAÇÃO POR
REAMOSTRAGEM DE UM DIALELO COMPLETO

Tese apresentada à Universidade Federal de Viçosa, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento, para obtenção do título de “Magister Scientiae”.

VIÇOSA
MINAS GERAIS – BRASIL
2003

FÁBIO MEDEIROS FERREIRA

EFICIÊNCIA DE DIAELOS CIRCULANTES VIA SIMULAÇÃO POR
REAMOSTRAGEM DE UM DIALELO COMPLETO

Tese apresentada à Universidade Federal de Viçosa, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento, para obtenção do título de “Magister Scientiae”.

APROVADA: 27 de fevereiro de 2003

Dr. Cleso Antônio Patto Pacheco
(Co-orientador)

Prof. Carlos Henrique Osório Silva
(Conselheiro)

Prof. Pedro Crescêncio Souza Carneiro

Prof. Cosme Damião Cruz

Prof. José Ivo Ribeiro Júnior
(Orientador)

*À minha avó, Abeni,
em nome de todos os familiares,
à minha irmã, Luciana,
ao meu sobrinho querido, Thiago e
à minha namorada, Otenita,
ofereço.*

*Aos meus pais, Laudelino e Maria de Lourdes,
em nome do incentivo e amor infinito,
dedico.*

AGRADECIMENTO

A Deus, pelo seu amor incondicional e presença constante em minha vida.

À Universidade Federal de Viçosa, pela oportunidade e excelência do ensino recebido.

Ao CNPq, pela concessão da bolsa de estudos durante esses dois anos.

À EMBRAPA, essencialmente ao Centro Nacional de Pesquisa de Milho e Sorgo (CNPMS), pela parceria.

Ao professor José Ivo Ribeiro Júnior, pela autêntica atuação como orientador, pelo apoio, pelo ensino e, especialmente, pela amizade.

Ao Dr. Cleso Antônio Patto Pacheco, pelo fornecimento dos dados para realização desse trabalho e pela parceria e orientação prática.

Ao professor Carlos Henrique Osório Silva, pelas contribuições dadas ao trabalho.

Ao professor Sebastião Martins Filho, por apoiar o meu ingresso no curso de mestrado.

Ao professor Cosme Damião Cruz, por ter colaborado na execução do trabalho.

Aos professores Pedro Crescêncio Souza Carneiro, José Marcelo Soriano Viana, Marcos Ribeiro Furtado, Paulo Roberto Cecon, Glauco Viera Miranda, Carlos Sigueyuki Sedyama e Tuneo Sedyama, Múcio Silva Reis, pela atenção e qualidade na transmissão dos ensinamentos.

Aos amigos André Assis Pires e Maribus Altoé Baldotto, pela camaradagem durante esses dois anos.

Aos colegas capixabas, pelo companheirismo arraigado durante o curso de Agronomia e fortalecido em Viçosa.

A todos os colegas de curso, pela proveitosa convivência, principalmente aos colegas equatorianos Roberto Celi Herán e Digner Ortega.

A Rita de Cássia, Seu Paulo e Conceição, pela ajuda prestada durante o curso.

A todos aqueles que, embora lembrados, não puderam ser citados, mas contribuíram de alguma forma para essa minha nova conquista.

BIOGRAFIA

Fábio Medeiros Ferreira, filho de Laudelino da Silva Ferreira e de Maria de Lourdes Medeiros Ferreira, nasceu no Rio de Janeiro, Estado do Rio de Janeiro, no dia 25 de agosto de 1977.

Nessa cidade estudou no Colégio Pedro II – Unidade São Cristóvão, de 1985 a 1995. Em maio de 2001, graduou-se Engenheiro Agrônomo pelo Centro de Ciências Agrárias da Universidade Federal do Espírito Santo.

Iniciou, em abril de 2001, o curso de Mestrado em Genética e Melhoramento, na Universidade Federal de Viçosa, em Viçosa-MG, tendo defendido tese em 27 de fevereiro de 2003.

CONTEÚDO

	Páginas
RESUMO.....	viii
ABSTRACT.....	x
1. INTRODUÇÃO.....	1
2. REVISÃO DE LITERATURA.....	3
2.1. Capacidade de combinação.....	3
2.2. Dialelo circulante.....	5
2.3. Componentes genéticos das capacidades de combinação.....	7
2.4. Uso da simulação de dados por reamostragem.....	10
3. MATERIAL E MÉTODOS.....	13
3.1. Material.....	13
3.1.1. Variáveis hipotéticas.....	13
3.1.2. Variável produção de espigas.....	14
3.2. Análises dialélicas.....	14
3.3. Simulações de dialelos circulantes por reamostragem de um dialelo completo.....	17
3.4. Parâmetros genéticos avaliados.....	18
3.4.1. Variáveis hipotéticas.....	18
3.4.2. Variável produção de espigas.....	19
3.5. Distribuição amostral dos estimadores via Bootstrap.....	20

4. RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	21
4.1. Variáveis hipotéticas.....	21
4.2. Variável produção de espigas (t/ha)	46
4.3. Dialelo circulante com $s = 19$ para variável produção de espigas (t/ha).....	54
4.3.1. Análises dialélicas.....	54
4.3.2. Estimativas de CGC e CEC.....	56
4.3.3. Predição de híbridos.....	64
5. RESUMO E CONCLUSÕES.....	71
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....	73

RESUMO

FERREIRA, Fábio Medeiros, M.S., Universidade Federal de Viçosa, fevereiro de 2003. **Eficiência de dialelos circulantes via simulação por reamostragem de um dialelo completo.** Orientador: José Ivo Ribeiro Júnior. Co-orientador: Cleso Antônio Patto Pacheco. Conselheiros: Carlos Henrique Osório Silva e Sebastião Martins Filho.

Geralmente, o número de progenitores incluídos num dialelo completo é elevado, acarretando em muitas polinizações manuais, o que aliado às dificuldades das operações de campo, disponibilidade de recursos financeiros, mão-de-obra e período para a execução dos cruzamentos, pode tornar limitante a execução do mesmo. Os dialelos circulantes surgem como uma das alternativas para a solução deste problema. No presente trabalho se verificou as estimativas da capacidade geral de combinação (CGC) e da capacidade específica de combinação (CEC) obtidas nos dialelos circulantes comparadas as estimativas obtidas no dialelo completo. Num primeiro estudo foram simulados dados para um dialelo completo, a fim de se estudar as ações genéticas em consonância ao efeito do dialelo circulante. Num segundo estudo foram utilizados dados de um dialelo completo avaliado por PACHECO (1997). Nos dois estudos o dialelo completo foi composto por 28 progenitores e seus 378 híbridos F_1 's. Os dialelos circulantes foram obtidos por reamostragem do dialelo completo, sendo cada um deles representados por s cruzamentos iguais a 25, 23, 21, 19, 17, 15, 13, 11, 9, 7, 5 e 3. Foram gerados 1000 dialelos circulantes para cada valor de s . No primeiro estudo foram simuladas cinco

variáveis hipotéticas de diferentes relações d/a (0, 0,5, 1,0, 1,5 e 2,0) governadas por um gene com dois alelos. Para os dois estudos foram definidos alguns parâmetros genéticos que possibilitaram avaliar as estimativas de CGC e CEC. Foi obtida a distribuição amostral dos parâmetros genéticos estudados e considerou-se os valores obtidos no dialelo completo ($s = 27$) como valores de referência (valores paramétricos). Concluiu-se que o uso de simulação mostrou-se adequado para a comparação dos dialelos circulantes com o dialelo completo. As estimativas de CGC e CEC obtidas nos dialelos circulantes foram semelhantes às obtidas no dialelo completo, exceto para alguns progenitores, quando o valor de s utilizado foi pequeno. Foi verificado para a variável produção de espigas (t/ha), que com $s = 19$, o que equivale a uma redução de aproximadamente 30% dos cruzamentos, o dialelo circulante permitiu selecionar os melhores progenitores e as melhores combinações híbridas. Portanto, a viabilidade do uso de dialelos circulantes é baseada nas populações estudadas, nas características avaliadas e no objetivo do melhorista.

ABSTRACT

FERREIRA, Fábio Medeiros, M.S., Universidade Federal de Viçosa, February 2003. **A simulation study of the efficiency of circulant diallels by resampling of a complete diallel.** Adviser: José Ivo Ribeiro Júnior. Co-adviser: Cleso Antônio Patto Pacheco. Committee members: Carlos Henrique Osório Silva and Sebastião Martins Filho.

In maize breeding programs there is almost always a huge number of progenitors to be included in a complete diallel, thus many manual pollinations need to be conducted. In addition, there are the usual difficulties of field operations, availability of financial resources, workmanship and the restricted period available to execute the crossings. Hence, the execution of a complete diallel may become unrealistic and incomplete diallels such as the circulant diallel seem to be a good alternative to the problems mentioned. In the present work we study estimation of the general combining ability (GCA) and specific combining ability (SCA) (GRIFFING, 1956) obtained from circulant diallels as compared to the analogous estimates obtained from the complete diallel. In a first study we simulated data for a complete diallel in order to study gene action in connection with circulant diallel effect. In a second study we used data from a complete diallel conducted by Pacheco (1997). In both studies the complete diallel involved 28 progenitors ($p = 28$) and their respective 378 F_1 hybrids ($p(p-1)/2$). The circulant diallels were obtained from resampling of the complete diallel and each one of the 28 progenitors was represented by s crossings. The

s values were set equal to 25, 23, 21, 19, 15, 13, 11, 9, 7, 5 and 3 and we generated 1000 circulant diallels for each one of these 12 alternative values of s. In the first study we simulated different degree of dominance to additive relations (d/a) of gene action using the values of d/a equal to 0, 0,5, 1,0, 1,5 and 2,0. In both studies we defined genetic parameters in order to evaluate the sample distribution of GCA e SCA estimated from the 12000 circulant diallels. We estimated Bootstrap expected values and sample standard deviations for all of the genetic parameters and considered the estimates obtained by using the complete diallel data (s = 27) as reference values (or parametric values). Simulation of circulant diallel data from resampling of the complete diallel data showed to be a very good alternative for comparing these schemes. Estimated values of GCA e SCA obtained from circulant diallels were similar to those obtained from the complete diallel except for a few progenitors in cases where a small s value was used. It was verified for the variable ear weight (t/ha), that with s = 19, equivalent to 30% reduction in the number of crosses, the circulant diallel allowed selection of the best progenitors and hybrid crosses in accordance with the complete diallel. As an overall conclusion we state that circulant diallel can be a good alternative to a complete diallel depending of the characteristics under evaluation, type of populations to be used and also on the goals of the breeding program.

1. INTRODUÇÃO

O objetivo principal dos programas de melhoramento genético é explorar a variabilidade genética existente dentro das espécies vegetais e através das populações selecionadas, obter cultivares que atendam simultaneamente os produtores e os consumidores, como indústrias de transformação e a população que consome os alimentos “in natura” ou processados.

Os caracteres normalmente manipulados pelos melhoristas são quantitativos e o desenvolvimento de uma cultivar exige muitos anos até que seja utilizada pelos produtores. É preciso classificar os genótipos corretamente para que os superiores sejam reconhecidos e selecionados. Portanto, é necessário utilizar técnicas de experimentação e metodologias adequadas para que a manipulação dos dados fenotípicos e a interpretação dos parâmetros genéticos sejam otimizadas.

Uma metodologia bastante utilizada tem sido a dos cruzamentos dialélicos completos, que permite avaliar um grupo de progenitores, visando à obtenção de informações a respeito do comportamento *per se* e das melhores combinações híbridas, além de fornecer informações a respeito da ação gênica envolvida na determinação de caracteres quantitativos, podendo ser usada em estágios iniciais, intermediários ou finais do programa de melhoramento. Dentre as metodologias de análise dialélica, encontra-se a de GRIFFING (1956), em que são avaliadas a capacidade geral de combinação (CGC) e a capacidade

específica de combinação (CEC), para um grupo de progenitores com qualquer grau de endogamia.

Entretanto, existe um aspecto limitante para o uso dos dialelos completos quando o número de progenitores é elevado. Neste caso, são necessárias muitas polinizações manuais, o que aliado às dificuldades das operações de campo, pode inviabilizar a condução dos mesmos. Uma das alternativas é o emprego de outros esquemas de análises dialélicas, como os dialelos circulantes, parciais e parciais circulantes, nos quais apenas uma amostra do conjunto de todos os cruzamentos possíveis entre os progenitores disponíveis é avaliada.

O dialelo circulante proposto por KEMPTHORNE & CURNOW (1961) merece destaque, pois o número de cruzamentos realizados pode ser bastante reduzido. Porém, este esquema tem sido pouco utilizado nos programas de melhoramento, em virtude do pouco conhecimento sobre sua eficiência em relação ao dialelo completo.

Portanto, esse trabalho teve como objetivo principal comparar a eficiência de dialelos circulantes, quanto às estimativas da CGC e CEC, via simulação por reamostragem de um dialelo completo com cinco variáveis hipotéticas simuladas a partir de diferentes relações d/a e com a variável produção de espigas avaliada por PACHECO (1997).

2. REVISÃO DE LITERATURA

2.1. Capacidade de combinação

No trabalho desenvolvido por SPRAGUE & TATUM (1942), foi estabelecida uma metodologia que permite estimar a variância aditiva e não-aditiva (desvios devido à dominância) em um grupo de genótipos. Os autores estavam interessados, na época, em saber se os métodos de melhoramento utilizados para a obtenção de linhagens permitiam reconhecer o tipo e a importância da ação gênica.

A partir de um esquema denominado de cruzamento dialélico, no qual são feitos todos os cruzamentos possíveis entre um conjunto de progenitores, SPRAGUE & TATUM (1942) propuseram que os efeitos aditivos dos alelos e as ações epistáticas do tipo aditiva fossem definidos como CGC, termo este utilizado para designar o comportamento médio de um progenitor numa série de combinações híbridas. Eles também propuseram que a parte associada aos efeitos dos desvios de dominância dos genes e epistases envolvendo dominância fossem definidas como CEC, utilizada para apontar certas combinações híbridas que são relativamente superiores ou inferiores diante do que seria esperado com base na CGC de seus progenitores.

Nos diversos esquemas de cruzamentos dialélicos propostos após a publicação do trabalho de SPRAGUE & TATUM (1942), os efeitos da CGC e

CEC são estimados como desvios em torno da média geral e simbolizados por g_i (efeito da CGC do progenitor i) e s_{ij} (efeito da CEC no híbrido $i \times j$), respectivamente.

Para populações de polinização aberta, o componente da variância aditiva que é ligado à CGC, é mais importante que o componente da variância devido à dominância ou não-aditiva, que é ligado a CEC (LONNQUIST & GARDNER, 1961). Por outro lado, segundo GOMIDE (1980), os valores dos efeitos de dominância podem ser mais importantes. Segundo SPRAGUE & TATUM (1942), essa diferença vai depender da seleção prévia do material. Se houver uma seleção visando aumentar a CGC, utilizando-se um top-cross ou um dialelo anterior, pode-se esperar uma maior expressão dos efeitos de dominância por causa da diminuição da variabilidade aditiva entre as linhagens selecionadas, em relação à população de linhagens top-cruzadas.

Os esquemas dialélicos têm tido ampla utilização em programas de melhoramento de plantas, especialmente na cultura do milho, podendo-se encontrar resultados práticos nos trabalhos de GOMES et al. (2000), PATERNIANI et al. (2000), MELO et al. (2001), PINTO et al. (2001) e FUZZATO et al. (2002).

Dentre as metodologias de análise dialélica, encontra-se a de GRIFFING (1956), que fornece informações a respeito da CGC e CEC para qualquer grupo de populações avaliadas. Esse autor apresentou os detalhes para análises de quatro tipos de tabelas dialélicas. A primeira inclui os progenitores, seus híbridos F_1 's e híbridos recíprocos; a segunda exclui apenas os recíprocos; a terceira exclui apenas os progenitores e a quarta é formada somente pelos híbridos F_1 's. Cada um destes métodos pode levar em consideração o fato dos progenitores serem selecionados (modelo fixo) ou tomados ao acaso (modelo aleatório). Nos diversos trabalhos envolvendo dialelos, destaca-se a utilização do método 2, que inclui os progenitores e os híbridos F_1 's e, o método 4, que inclui apenas os híbridos F_1 's.

GARDNER & EBERHART (1966) reconheceram que quando os progenitores não estão envolvidos no dialelo, a utilização da metodologia de GRIFFING (1956) seria mais apropriada. Por outro lado, quando os progenitores estão presentes, a adoção da metodologia proposta pelos mesmos seria mais vantajosa por adotar um modelo com maior número de

parâmetros e, portanto, ser mais flexível, já que a adoção do modelo é feita em consonância com a significância verificada a partir da análise de variância. Além do mais, não se podia compreender naquela época, o significado da CEC de um progenitor com ele mesmo, o que era visto como desvantagem para a metodologia de GRIFFING (1956).

Entretanto, CRUZ & VENCOSKY (1989) fizeram comparação entre essas duas metodologias, dando ênfase ao entendimento do parâmetro da CEC de um progenitor com ele mesmo (s_{ii}), sendo esse importante indicador da existência de dominância unidirecional e da heterose varietal, determinado pela análise dos sinais das estimativas dos s_{ii} 's estimados e de suas magnitudes. Assim, valores negativos de s_{ii} estão associados a desvios da dominância unidirecionais e, conseqüentemente, à manifestação de heterose positiva nas combinações híbridas de progenitores divergentes. A magnitude é indicadora da divergência genética do progenitor em relação à média do dialelo. Foi evidenciado ainda, que o somatório dos s_{ii} 's é função linear da heterose média. Portanto, o método 2 proposto por GRIFFING (1956), que inclui os progenitores, permite chegar basicamente às mesmas informações geradas pela metodologia de GARDNER & EBERHART (1966).

2.2. Dialelos circulantes

Em virtude das dificuldades operacionais que um dialelo completo possa vir a oferecer, vários estudos foram realizados para se obter métodos de análise de cruzamentos em dialelos não completos, com o interesse de reduzir o número de cruzamentos e de materiais a serem avaliados, com a preocupação de obter informações semelhantes às dos cruzamentos de tabelas dialélicas completas.

Brown (1948), citado por KEMPTHORNE & CURNOW (1961) e CURNOW (1963), foi o primeiro a considerar o sistema de cruzamento dialélico parcial, sugerindo uma amostragem de cruzamentos de forma circulante. KEMPTHORNE & CURNOW (1961) desenvolveram um delineamento dialélico circulante com $p/2$ cruzamentos, sendo p o número de progenitores

envolvidos no dialelo e s o número de cruzamentos por progenitor. Os valores de p e s não podem ser pares ou ímpares simultaneamente e s tem de ser um número inteiro maior ou igual a dois.

O esquema dialélico circulante, embora seja útil quando se deseja reduzir o número de cruzamentos, pode não identificar as melhores combinações híbridas ausentes no dialelo. Algumas alternativas para esse problema têm sido apresentadas, como o emprego dos modelos mistos e a predição por meio do melhor preditor linear não-viesado (BLUP) (BERNARDO, 1995; BERNARDO, 1996) e predição por meio do BLUP com o uso de marcadores genéticos (CHACOSSET et al., 1998).

Neste contexto, vale ressaltar que ao se avaliar um número reduzido de progenitores, representado também por um número pequeno de combinações híbridas, os poucos graus de liberdade associados aos efeitos da CEC, poderão proporcionar certa dificuldade em se apontar diferenças significativas nos ensaios dialélicos (CRUZ & REGAZZI, 2001).

KEMPTHORNE & CURNOW (1961) ressaltaram a necessidade de se promoverem estudos para se determinar um valor mais apropriado para s e sobre os aspectos genéticos, estatísticos e econômicos oferecidos pelos dialelos circulantes.

ARUNACHALAN (1967) desenvolveu um programa computacional capaz de analisar as capacidades de combinação de dialelos circulantes. Utilizando este programa, MURTY et al. (1967) e ANAND & MURTY (1969) realizaram comparações entre as estimativas das CGC's e CEC's dos dialelos circulantes ($s = 9, 7, 5$ e 3) formados a partir de um dialelo completo com dez cultivares endogâmicos de linho, no qual foi analisada apenas uma característica. Os autores concluíram que um valor de $s = p/2$ é adequado para se obter uma análise de capacidade de combinação confiável. Também foi verificado uma superestimação dos efeitos de CGC e aumento no erro-padrão dos contrastes $\hat{g}_i - \hat{g}_j$.

Em outro trabalho, BRAY (1971) contestou as conclusões dadas por MURTY et al. (1967) e ANAND & MURTY (1969). Este autor analisou 12 clones de alfafa e seis características em um dialelo completo, utilizando-se o método 4 de GRIFFING (1956) e gerando para valores de s iguais a 9, 7, 5 e 3, 20 diferentes amostras de dialelos circulantes para cada valor. O autor verificou

que os progenitores exibem CEC e que as estimativas de CGC e CEC podem não ser confiáveis para valores de s pequenos. Observou-se que o número de cruzamentos por progenitor de 8 a 10 é satisfatório para detectar diferenças entre as CGC's com até 101 progenitores. Também foi observado que não é possível definir um número satisfatório de cruzamentos por progenitor, porque vai depender da característica avaliada e do custo para a execução do experimento.

DHILLON & SINGH (1978) estudaram a viabilidade do uso de dialelos circulantes ($s = 3, 5, 7, 11$ e 15) em comparação ao dialelo completo, utilizando-se também o método 4 de GRIFFING (1956), para a cultura do milho. Foram avaliados 20 progenitores em quatro ambientes e oito características. Os autores concluíram que para as características em que há baixa variação genética aditiva ou baixa herdabilidade, são mais propensas a interpretações errôneas, quando se usa o dialelo circulante com valor de s pequeno. Também, observaram que as estimativas genéticas com moderada perda de precisão foram obtidas com $s = 7$. Em todos os dialelos, os progenitores foram considerados como de efeito fixo.

VEIGA (1998) avaliou por meio de simulação de dados e dados reais a eficiência dos dialelos circulantes em relação ao dialelo completo, com base nas estimativas de CGC e CEC. O autor conclui que tanto para a classificação dos progenitores quanto para a magnitude das CGC's e CEC's, os dialelos circulantes apresentaram estimativas confiáveis. Também, observou que o número de cruzamentos por progenitor interfere nas estimativas de CGC e CEC, embora seja possível obter boa concordância com as estimativas obtidas nos dialelos completos, para um valor de s pequeno.

2.3. Componentes genéticos das capacidades de combinação

A compreensão de que a variação fenotípica se origina da ação conjunta do genótipo e do ambiente se deu, segundo ALLARD (1971), após as demonstrações dadas sobre a distinção entre genótipo e fenótipo e, de que os caracteres quantitativos são herdados conforme as leis de Mendel. Devido ao

princípio básico da casualização na experimentação, a interação entre o valor genotípico (G) e o efeito ambiental (E) é nula. Então, pode-se definir simbolicamente, a expressão fenotípica (F) de um caráter da seguinte maneira:

$$F = G + E.$$

Embora as inferências sobre os valores genotípicos dos indivíduos sejam de grande interesse, é importante considerar os valores genéticos de cada forma alélica, pois os progenitores transmitem seus alelos e não seus genótipos para a descendência (FALCONER, 1987; CRUZ & REGAZZI, 2001).

Considerando-se apenas um loco com dois alelos A_1 e A_2 com as respectivas freqüências p e q , e sendo o alelo A_1 responsável pelo aumento da expressão do caráter, ou melhor, favorável ao melhorista e negligenciando os efeitos epistáticos, pode-se expressar o valor genotípico pelo seguinte modelo linear:

$$VG_{ij} = \mu + \alpha_i + \alpha_j + \delta_{ij}, \text{ em que:}$$

$i = A_1$ e $j = A_2$; α_i e α_j são os valores dos alelos A_1 e A_2 que constituem o genótipo e δ_{ij} é o desvio da dominância atribuída à interação alélica.

Numa população em equilíbrio de Hardy-Weinberg, tem-se os valores genotípicos dos homozigotos A_1A_1 e A_2A_2 , como $\mu + a$ e $\mu - a$, com freqüências p^2 e q^2 , valores aditivos $2\alpha_{A_1}$ e $2\alpha_{A_2}$ e desvios de dominância

$\delta_{A_1A_1}$ e $\delta_{A_2A_2}$, respectivamente. O valor genotípico do heterozigoto A_1A_2 será

$\mu + d$, com freqüência $2pq$, valor aditivo $\alpha_{A_1} + \alpha_{A_2}$ e desvio de dominância

$\delta_{A_1A_2}$, em que μ é a média dos valores genotípicos dos homozigotos, a é o

desvio entre o valor genotípico do homozigoto de maior expressão e a média dos homozigotos (μ) e d é o desvio entre o valor genotípico do heterozigoto e a média dos homozigotos (μ), chamado de desvio devido à dominância.

O valor d do heterozigoto depende do grau de dominância. Na ausência de dominância, d será igual a zero. Se A_1 for dominante sobre A_2 , d será positivo, caso contrário, d será negativo. Se a dominância for completa, d será igual a $+a$ ou $-a$, e se houver sobredominância, d será maior que $+a$ ou

menor que $-a$. Portanto, o grau de dominância de um determinado loco pode ser expresso pela relação d/a (RAMALHO et al., 1993).

A média da população (μ_g) é definida pela expressão, $\mu + a(p - q) + 2pqd$, e os valores aditivos (α_{A_1} e α_{A_2}) são estimados pelo desvio da média da população dos indivíduos que receberam aquele alelo de um progenitor, sendo o outro alelo recebido do outro progenitor, tomado ao acaso na população. Logo:

$$\alpha_{A_1} = \mu + pa + qd - \mu_g = q[a + d(1 - 2p)] \text{ e}$$

$$\alpha_{A_2} = \mu - qa + pd - \mu_g = -p[a + d(1 - 2p)].$$

Sendo $\alpha = a + d(1 - 2p)$ o valor que expressa o efeito médio de substituição gênica, tem-se:

$$\alpha_{A_1} = q\alpha \text{ e}$$

$$\alpha_{A_2} = -p\alpha.$$

Os desvios de dominância são assim obtidos:

$$\delta_{A_1A_1} = \mu + a - (\mu_g + 2\alpha_{A_1}) = -2q^2d;$$

$$\delta_{A_1A_2} = \mu + d - (\mu_g + \alpha_{A_1} + \alpha_{A_2}) = 2pqd;$$

$$\delta_{A_2A_2} = \mu - a - (\mu_g + 2\alpha_{A_2}) = -2p^2d.$$

Para o caso específico de uma população F_2 derivada de ancestrais puros e contrastantes, tem-se que a segregação dos alelos ocorre com frequência $p = q = 0,5$, verificando-se então:

$$\alpha = a;$$

$$\alpha_{A_1} = -\alpha_{A_2} = \frac{1}{2}a \text{ e}$$

$$\delta_{A_1A_2} = -\delta_{A_1A_1} = -\delta_{A_2A_2} = \frac{1}{2}d.$$

Quando se considera todos os genes que determinam um caráter quantitativo, parte do valor genotípico de um indivíduo pode ser devido às

interações entre genes não-alélicos (epistasia). Segundo CRUZ & REGAZZI (2001), o modelo completo que inclui os efeitos epistáticos, para descrever as médias das gerações, é de grande importância para o conhecimento mais abrangente das causas e magnitudes dos componentes genéticos que controlam o caráter. Porém, o modelo reduzido aditivo-dominante, além de mais simples, tem fornecido informações essenciais na avaliação da eficiência e no sucesso dos métodos de melhoramento empregados.

A interpretação genética dos efeitos de CGC e CEC por meio dos componentes genéticos de médias, é importante para a avaliação e discussão sobre a utilização dos dialelos circulantes. Deste modo, é necessário relacionar a CGC e CEC através dos componentes genéticos das médias, para melhor serem compreendidos os fatores capazes de promoverem alterações nas estimativas das mesmas.

VENCOVSKY (1987) definiu a CGC como sendo a diferença entre a média geral do caráter exibido pelo cruzamento e a média geral do dialelo. Se os efeitos epistáticos forem considerados negligenciáveis, assim como a influência ambiental, pode-se inferir sobre os valores fenotípicos com base em um modelo genético do tipo aditivo-dominante. Desta maneira, considerando-se um gene com dois alelos, o efeito da CGC é determinado pela expressão $g_i = (p_i - \bar{p})[a + (1 - 2\bar{p})d]$, em que p_i se refere à frequência do alelo favorável A_1 , $\bar{p}$ se refere à frequência alélica média do alelo favorável dos progenitores pertencentes ao dialelo analisado e a expressão $a + (1 - 2\bar{p})d$, representa o efeito médio de substituição gênica (α).

O significado genético da CEC para apenas um loco pode ser definida como, $s_{ij} = 2[(\bar{p} - p_i)(p_j - \bar{p})d]$, a qual depende da divergência genética manifestada entre os progenitores envolvidos e dos efeitos de dominância.

2.4. Uso da simulação de dados por reamostragem

Uma das grandes contribuições da simulação é viabilizar o estudo de fenômenos biológicos de uma situação complexa, em que são estabelecidos

parâmetros e restrições, de tal maneira que o efeito de certos fatores controláveis possam ser convenientemente estudados. A simulação tem sido definida como uma maneira de imitar, por meio de recursos computacionais, o comportamento de um sistema real, para estudar seu funcionamento em condições alternativas (DACHS, 1988), envolvendo modelos que permitam descrever, da melhor maneira possível, o sistema natural (NAYLOR, et al., 1971).

A simulação tem sido de grande utilidade em estudos genéticos, incluindo estudos de populações, do indivíduo ou do próprio genoma. Ela demanda dos melhoristas, o desenvolvimento de modelos biológicos adequados, que retratem da melhor forma possível os fenômenos de interesse e, dos programadores as rotinas adequadas para o processamento e a avaliação dos parâmetros de acordo com as restrições estabelecidas (CRUZ, 2001).

Algumas vezes, a simulação é realizada para encontrar uma solução ou um valor ótimo, a partir de um conjunto fixo de fatores, dentro de um modelo. Assim, pode-se estar interessado em prever o comportamento da variância genotípica, aditiva e devido à dominância, considerando-se um loco gênico em populações em equilíbrio de Hardy-Weinberg, com diferentes graus de dominância. Em outras, o objetivo pode ser o de monitorar o comportamento de um dado sistema sob condições variáveis, o que permite fazer comparações e previsões de técnicas alternativas, disponíveis em condições reais.

A simulação de dados deve ser utilizada como uma alternativa para comparar a eficiência de um procedimento ou técnica em relação a outras já existentes e até mesmo consagradas. O seu uso tem sido verificado na comparação de métodos de melhoramento (FERREIRA, 2001). Alguns estão relacionados com a estimação de parâmetros genéticos, com a comparação de estratégias de melhoramento, com a avaliação de metodologias biométricas ou com a seleção assistida por marcadores (CRUZ & VENCOSKY, 1989; CRUZ & CASTOLDI, 1991; VENCOSKY & CRUZ, 1991; PARTNER, et al., 1993; TOMS, et al., 1994; FERREIRA, 1995; EUCLYDES, 1996; BEARZOTI, 1997 e VEIGA, 1998). Alguns *softwares* ligados à área de simulação podem ser citados, tais como: DIALLEL (BUROW & COORS, 1994), GENESYS (EUCLYDES, 1996) e GENES (CRUZ, 1997).

No estudo de simulação realizado por CRUZ & VENCOVSKY (1989), avaliou-se a eficiência dos estimadores da CGC, obtidos quando se aplica a metodologia proposta por GRIFFING (1956), em relação aos estimadores dos efeitos varietais e de heterose varietal, estimados pela metodologia de GARDNER & EBERHART (1966). A simulação possibilitou gerar um dialelo com n progenitores representados por populações em equilíbrio de Hardy-Weinberg, admitindo-se um loco gênico. As conclusões obtidas neste trabalho forneceram informações importantes que puderam ser estendidas a um sistema natural. Informações valiosas podem ser extraídas de um sistema simulado, com menor custo e maior rapidez (FERREIRA, 2001).

Embora KEMPTHORNE & CURNOW (1961) tenham definido um sistema balanceado geneticamente de cruzamentos circulantes entre os progenitores avaliados, nos dialelos circulantes existe $(p!)/2$ possibilidades de ordenamento dos progenitores para qualquer valor de s estudado. Portanto, submeter-se a comparações entre os parâmetros genéticos do dialelo completo e dos dialelos circulantes com uma única amostra de ordenamento dos progenitores não seria uma maneira adequada para a comparação dos e mesmos.

BRAY (1971), avaliando 12 progenitores, procurou representar com 20 diferentes amostras para cada valor de s estudado, as 239×10^6 possibilidades de ordenamento dos progenitores nos dialelos circulantes. VEIGA (1998), além de simular 50 linhagens com 100 genes de efeitos iguais e independentes, também simulou 50 dialelos circulantes para cada valor de s , variando de 3 a 49. Os progenitores foram escolhidos aleatoriamente, utilizando a função RANUNI (SAS, 1995). Desta forma, foram simulados 9600 cruzamentos dialélicos circulantes.

A simulação dos dialelos circulantes pode também ser realizada por reamostragem dos dados do dialelo completo, segundo uma metodologia idêntica a de Bootstrap. Este método foi proposto por EFRON (1982), como uma alternativa para se estudar as propriedades de estimadores quando se desconhece a distribuição amostral dos mesmos. Neste método, são geradas n subamostras aleatórias com reposição, a partir dos dados observados. A estatística é estimada em cada subamostra e as respectivas médias e variâncias são calculadas (KREBBS, 1989).

3. MATERIAL E MÉTODOS

3.1. Material

3.1.1. Variáveis hipotéticas

Num primeiro estudo, considerou-se um dialelo completo com $p = 28$ progenitores. Foram simuladas cinco variáveis governadas por apenas um gene com dois alelos, cujo grau de dominância estava representado pelas relações d/a iguais a 0, 0,5, 1,0, 1,5 e 2,0, expressando as respectivas situações de ausência de dominância, dominância parcial, dominância completa e dois graus de sobredominância. Os 28 progenitores foram representados por diferentes freqüências do alelo favorável (p) sendo as freqüências iguais a $k/28$ para $k = i$ ou $k = j$, com $k = 1, 2, \dots, 28$, para os progenitores 1, 2, ..., 28, respectivamente.

As análises foram feitas com base no método 2 de GRIFFING (1956), em que foram incluídos os 28 progenitores e os $p(p-1)/2 = 378$ híbridos F_1 's, totalizando-se 406 genótipos. Neste estudo, os efeitos de genótipos foram considerados como de efeito fixo, adotando-se assim o modelo 1 do respectivo método.

As médias que compuseram o dialelo completo foram obtidas pela seguintes equações:

$$Y_{ii} = \mu + a(2p_i - 1) + 2p_i(1 - p_i)d \text{ e}$$

$$Y_{ij} = \mu + a(p_i + p_j - 1) + (p_i + p_j - 2p_i p_j)d$$

em que μ é a média dos valores genotípicos dos homozigotos; a é o desvio entre o valor genotípico do homozigoto de maior expressão e a média dos homozigotos (μ) e d é o desvio entre o valor genotípico do heterozigoto e a média dos homozigotos (μ), chamado de desvio devido à dominância

3.1.2. Variável produção de espigas

Num segundo estudo, foram utilizados os dados de campo do dialelo completo avaliado por PACHECO (1997), que envolveu 28 populações de polinização aberta de milho e seus 378 híbridos interpopulacionais (F_1 's). Foram utilizadas as médias de produção de espigas (t/ha) obtidas no Centro Nacional de Milho e Sorgo (CNPMS/EMNBRAPA), em Sete Lagoas, MG, no ano agrícola de 1992/93. No quadro 1, estão relacionadas às 28 populações, com algumas das suas características agronômicas.

3.2. Análises dialélicas

Para as análises estatísticas foi utilizado o modelo proposto por GRIFFING (1956) para os dialelos completos e, o mesmo modelo, adaptado por KEMPTHORNE & CURNOW (1961), para as análises dos dialelos circulantes, dado por:

$$Y_{ij} = m + g_i + g_j + s_{ij} + \varepsilon_{ij}, \text{ com } i, j = 1, 2, \dots, p,$$

em que Y_{ij} é média da combinação híbrida ij ($i = j$) ou do i -ésimo progenitor ($i=j$); m é a média geral; g_i e g_j são os efeitos da capacidade geral de combinação (CGC); s_{ij} é o efeito da capacidade específica de combinação (CEC) e ε_{ij} é o erro experimental.

Quadro 1 – Denominações e algumas características das 28 populações do programa de melhoramento de milho do CNPMS/EMBRAPA

Populações*	Nº de ciclos de seleção ^a	Textura ^b dos grãos
01 – CMS 1(Mezcla Amarilla)	1	SF
02 – CMS 2 (Antigua x Vera Cruz)	1	SD
03 – CMS 3 (Amarillo Cristalino)	1	F
04 – CMS 4N (Amarillo Dentado N)	9	D
05 – CMS 4C (Amarillo Dentado C)	6	D
06 – BR 105 (Suwan DMR)	9	F
07 – BR 106	9	SD
08 – BR107	8	F
09 – BR 111 (Pool 21)	5	F
10 – BR 112 (Pool 22)	5	SD
11 – CMS 14C (Pool 25)	5	SF
12 – CMS 15 (Pool 26)	1	D
13 – CMS 22 (Amarillo del Bajio)	8	SD
14 – CMS 23 (Antig x Rep. Dominicana)	1	D
15 – BR 126	11	D
16 – CMS 28	6	SD
17 – CMS 29 (A. del Bajio x Templados)	1	SF
18 – CMS 30	8	SD
19 – BR 136	6	SF
20 – CMS 39	5	D
21 – CMS 50	2	SD
22 – Sintético Elite	1	SD
23 – África do Sul ph4	1	F
24 – Cunha	BAG	D
25 – BA III – Tusón	BAG	D
26 – Composto Saracura	3	F
27 – Nitroflint	4	F
28 – Nitrodent	4	D

a. BAG = Banco Ativo de Germoplasma.

b. F = Flint; SF = Semi-Flint; SD = Semi-Dent; D = Dent.

* BR = Variedade Comercial; CMS = População Experimental.

Para a obtenção de soluções únicas são necessárias as restrições

$$\sum_{i=1}^p \hat{g}_i = 0 \text{ e } p \text{ restrições do tipo } \hat{s}_{ii} + \sum_{j=1}^p \hat{s}_{ij} = 0 \text{ (CRUZ \& REGAZZI, 2001), de tal}$$

forma que são obtidos os seguintes estimadores:

$\hat{m} = 2Y_{..}/p(p-1)$ ou $\hat{m} = 2Y_{..}/p(s+2)$ é a média geral do dialelo completo ou circulante, respectivamente; $\hat{g}_i = [Y_{ii} + Y_{i.} - 2Y_{..}/p]/(p+2)$, é o efeito da CGC do i-ésimo progenitor no dialelo completo; sendo que $\hat{g}_i$ para dialelos circulantes é obtido pelo sistema matricial $A\hat{G} = \hat{Q}$ em que $\hat{G}$ é o vetor $p \times 1$ dos estimadores dos efeitos de CGC, cujo i-ésimo elemento é dado por $\hat{Q}_i = 2Y_{ii} + \sum_{j(i) \neq i} Y_{ij} - (s+2)\hat{m}$ e A é a matriz de dimensão $p \times p$ do dialelo circulante cujos elementos são $a_{ii} = s+4$, $a_{ij} = 1$ para $j = k+i, k+i+1, \dots, k+i-1+s$ ($1 \leq j \leq p$) e $a_{ij} = 0$ quando o cruzamento ij não está presente; $\hat{s}_{ij} = Y_{ij} - \hat{m} - \hat{g}_i - \hat{g}_j$, é o efeito da CEC do i-ésimo com o j-ésimo progenitor e $\hat{s}_{ii} = Y_{ii} - \hat{m} - \hat{g}_i - \hat{g}_i$, é o efeito da CEC do i-ésimo progenitor com ele mesmo.

As somas de quadrados das capacidades geral e específica de combinação são estimadas por $SQ(CGC) = \sum_i \hat{g}_i (Y_{ii} + Y_{i.})$ e

$$SQ(CEC) = \sum_i \sum_{j \leq i} \hat{s}_{ij} Y_{ij}, \text{ respectivamente.}$$

O esquema da análise de variância para dialelos completos com base no método 2 e modelo 1 de GRIFFING (1956), de acordo com CRUZ & REGAZZI (2001), está apresentado no Quadro 2, e a análise de variância para dialelos circulantes que incluem os progenitores e os híbridos F_1 's está apresentada no Quadro 3.

Os componentes quadráticos ϕ_g e ϕ_s , que expressam a variabilidade genética do material estudado, em termos de capacidade geral e específica de combinação, são estimados por $\hat{\phi}_g = (QMCGC - QMR)/(p+2)$, para dialelos completos e $\hat{\phi}_g = (QMCGC - QMR)(p-1)/s(p+2)$ para os dialelos circulantes e $\hat{\phi}_s = QMCEC - QMR$ para dialelos completos ou circulantes.

O QMR utilizado para a estimação dos parâmetros genéticos dos dialelos circulantes, foi o mesmo do dialelo completo.

Quadro 2 – Esquema da análise de variância para o dialelo completo com base no método 2 e modelo 1 de GRIFFING (1956).

FV	GL	QM	F	E(QM)
Tratamentos	$p(p + 1)/2 - 1$			
CGC	$p - 1$	QMC GC	QMC GC/QMR	$\sigma^2 + (p + 2)\phi_g$
CEC	$p(p - 1)/2$	QMCEC	QMCEC/QMR	$\sigma^2 + \phi_s$
Resíduo	$f^{1/}$	QMR		σ^2

^{1/} graus de liberdade da ANOVA do experimento.

Quadro 3 – Esquema da análise de variância para os dialelos circulantes que incluem os progenitores e os híbridos F1's

FV	GL	QM	F	E(QM)
Tratamentos	$(p + ps/2) - 1$			
CGC	$p - 1$	QMC GC	QMC GC/QMR	$\sigma^2 + \frac{s(p+2)}{p-1} \phi_g$
CEC	$ps/2$	QMCEC	QMCEC/QMR	$\sigma^2 + \phi_s$
Resíduo	$f^{1/}$	QMR		σ^2

^{1/} graus de liberdade da ANOVA do experimento.

3.3. Simulação de dialelos circulantes por reamostragem de um dialelo completo

Os dialelos circulantes foram formados por reamostragem dos dados obtidos com as variáveis hipotéticas e da produção de espigas (t/ha).

Nos dialelos circulantes, cada um dos 28 progenitores está envolvido em s cruzamentos, em que $s < p - 1$ e $s \geq 2$. Foram determinados os valores de s iguais a 25, 23, 21, 19, 17, 15, 13, 11, 9, 7, 5 e 3, sendo que no dialelo completo s foi igual a 27. Os cruzamentos ij foram definidos pelo algoritmo desenvolvido por KEMPTHORNE e CURNOW (1961), em que $i = 1, 2, \dots, p$, sendo p o número de progenitores ($p = 28$); $j = k+i, k+i+1, \dots, k+i-1+s$, em que o

valor de k é um número inteiro obtido por $(p+1-s)/2$, o que torna a análise dialélica balanceada geneticamente, isto é, cada progenitor participa o mesmo número de vezes nos cruzamentos. Sendo assim, $(ps)/2$ é o número total de cruzamentos.

Foram gerados aleatoriamente 1000 dialelos circulantes para cada valor de s estudado, num total de 12000 dialelos circulantes. As análises dialélicas e a reamostragem foram implementadas no programa GENES (CRUZ, 1997).

3.4. Parâmetros genéticos avaliados

3.4.1. Variáveis hipotéticas

Foram obtidos os valores dos efeitos de CGC (g_i) do dialelo completo e as estimativas dos efeitos de CGC ($\hat{g}_i$) dos dialelos circulantes, além dos valores dos efeitos de CEC do i -ésimo progenitor com ele mesmo (s_{ii}) do dialelo completo. Também foram obtidos os seguintes estimadores:

- $\hat{m}$, (o estimador da média geral do dialelo);
- QMCGC;
- QMCEC;
- $\hat{V}_g = \sum_{i=1}^p \hat{g}_i^2 / (p-1)$ (estimador da variância das estimativas dos efeitos das

CGC's) para o dialelo circulante e $\hat{V}_g = \sum_{i=1}^p g_i^2 / (p-1)$ para o dialelo completo;

- $R^2 = \text{SQCGC} / (\text{SQCGC} + \text{SQCEC})$ (estimador da herdabilidade restrita);
- r (estimativa da correlação entre as 28 estimativas $\hat{g}_i$'s obtidas com os dialelos circulantes e os 28 valores g_i 's obtidos com o dialelo completo.

Para esse estudo, os valores obtidos a partir da análise do dialelo completo foram considerados como valores paramétricos ou de referência.

Para as estimativas dos efeitos de CGC ($\hat{g}_i$'s) na avaliação dos dialelos circulantes, foram utilizados somente os das variáveis hipotéticas com relações d/a iguais a 0,5 e 2,0.

3.4.2. Variável produção de espigas

Para este estudo, foram obtidas as seguintes medidas:

g_i ou $\hat{g}_i$ (dialelo completo ou circulante), $\hat{m}$; $\hat{V}_g = \sum_{i=1}^p \hat{g}_{ii}^2 / (p-1)$ ou

$\hat{V}_g = \sum_{i=1}^p \hat{g}_i^2 / (p-1)$ (dialelo completo ou circulante), R^2 e r . Do mesmo modo, os

valores obtidos a partir da análise do dialelo completo, foram considerados como valores paramétricos ou de referência.

Uma vez definido um valor para s satisfatório, promoveu-se uma simulação adicional do dialelo circulante escolhido e foram realizados os seguintes estudos:

- Comparações entre as análises de variância do dialelo circulante com o dialelo completo;
- Correlação (r) e coeficiente de coincidência entre as 28 estimativas de CGC ($\hat{g}_i$) obtidas com o dialelo circulante e os 28 valores de CGC (g_i) obtidos com o dialelo completo;
- Correlação (r) e coeficiente de coincidência entre as 28 estimativas de CEC do i -ésimo progenitor com ele mesmo ($\hat{s}_{ii}$), obtidas com o dialelo circulante e os 28 valores de CEC do i -ésimo progenitor com ele mesmo (s_{ii}) obtidos com o dialelo completo;
- Correlação (r) e coeficiente de coincidência entre as estimativas de CEC ($\hat{s}_{ij}$) obtidas com o dialelo circulante e os respectivos valores de CEC (s_{ij}) obtidos com o dialelo completo;
- Correlação (r) entre as médias dos híbridos (preditas e não avaliadas) no dialelo circulante com as médias dos híbridos avaliadas no dialelo completo e correlação entre as médias dos híbridos preditas no dialelo

circulante com as respectivas médias dos híbridos avaliadas no dialelo completo.

3.5. Distribuição amostral dos estimadores via Bootstrap

Considere $\hat{\theta}_{(b)}$, o estimador do parâmetro θ obtido com o b-ésimo dialelo circulante, para $b = 1, 2, \dots, B$, em que $B = 1000$ para cada valor de s ($s = 25, 23, 21, 19, 17, 15, 13, 11, 9, 7, 5$ e 3). Considere $\hat{\theta}$ um dos estimadores definidos anteriormente para os dialelos circulantes e θ o correspondente parâmetro, isto é, o valor obtido com o dialelo completo ($s=27$). Pela metodologia Bootstrap, $\hat{E}(\hat{\theta}) = \bar{\hat{\theta}} = \sum_{b=1}^B \hat{\theta}_b / B$ e $\hat{\sigma}_b^2 = \sum_{b=1}^B (\hat{\theta}_b - \bar{\hat{\theta}})^2 / (B-1)$ são, respectivamente, os estimadores da esperança matemática e da variância dos estimadores dos parâmetros genéticos, considerados para a avaliação dos dialelos circulantes.

Para que o valor de s fosse escolhido com base nos parâmetros estudados, estabeleceu-se $r = 0,90$ e, para os demais o limite de aceitação (LA) de $-1 \leq z \leq 1$, utilizando-se a estatística $z = (\theta - \bar{\hat{\theta}}) / \hat{\sigma}_b$.

4. RESULTADOS E DISCUSSÃO

4.1. Variáveis hipotéticas

Inicialmente, estudou-se os parâmetros genéticos g_i e s_{ii} do dialelo completo para as variáveis hipotéticas, considerando-os importantes na discriminação dos progenitores.

No Quadro 4, observa-se que as estimativas dos efeitos da CGC, não oscilaram muito de uma variável hipotética para a outra, considerando-se um mesmo progenitor, apesar dos diferentes graus de dominância. Este fato é explicado pela frequência alélica média ter sido igual a 0,52. CRUZ & VENCOVSKY (1989) e PACHECO (1997) relataram que a frequência alélica média de um dialelo igual a 0,5 anula os efeitos de dominância, de modo que os $\hat{g}_i$'s se tornam, predominantemente, função da contribuição dos efeitos aditivos e da frequência gênica no progenitor i . Logo, para uma característica quantitativa, se os progenitores que compuserem o dialelo, forem de base genética ampla, explicados por uma frequência gênica média de 0,5 em todos os locos, provavelmente os maiores efeitos da CGC indicarão realmente os progenitores com maior concentração de genes predominantemente aditivos. Porém, vale ressaltar que mesmo sendo os progenitores de base ampla,

Quadro 4 - Estimativas dos efeitos da CGC para as variáveis hipotéticas governadas por um gene com diferentes graus de dominância em um dialelo completo com 28 progenitores

Progenitores	d/a=2,0	d/a=1,5	d/a=1,0	d/a=0,5	d/a=0
1	-4,676	-4,712	-4,749	-4,785	-4,822
2	-4,300	-4,342	-4,383	-4,424	-4,464
3	-3,928	-3,973	-4,018	-4,062	-4,107
4	-3,559	-3,605	-3,654	-3,702	-3,750
5	-3,193	-3,243	-3,292	-3,343	-3,393
6	-2,831	-2,882	-2,933	-2,985	-3,036
7	-2,472	-2,521	-2,575	-2,626	-2,679
8	-2,117	-2,168	-2,217	-2,270	-2,322
9	-1,764	-1,815	-1,864	-1,914	-1,964
10	-1,415	-1,465	-1,512	-1,559	-1,607
11	-1,069	-1,116	-1,160	-1,205	-1,250
12	-0,729	-0,770	-0,811	-0,852	-0,893
13	-0,391	-0,427	-0,463	-0,502	-0,536
14	-0,055	-0,086	-0,117	-0,148	-0,179
15	0,276	0,252	0,228	0,203	0,178
16	0,604	0,587	0,570	0,553	0,536
17	0,929	0,920	0,911	0,902	0,893
18	1,251	1,250	1,249	1,250	1,250
19	1,569	1,578	1,588	1,598	1,607
20	1,883	1,904	1,924	1,945	1,964
21	2,195	2,227	2,258	2,290	2,321
22	2,503	2,547	2,590	2,635	2,678
23	2,807	2,864	2,921	2,979	3,036
24	3,108	3,179	3,251	3,322	3,393
25	3,405	3,492	3,578	3,664	3,750
26	3,700	3,802	3,903	4,005	4,107
27	3,991	4,109	4,227	4,346	4,464
28	4,278	4,414	4,550	4,686	4,821

alguns locos poderão ter freqüências alélicas diferentes de 0,5, o que não anula, necessariamente a expressão, $(1 - 2\bar{p})d$.

As diferenças entre as freqüências alélicas de cada progenitor em relação à freqüência média ($p_i - \bar{p}$), também tem a sua importância. As estimativas das CGC's dos progenitores 1 e 28 de menor e maior freqüências do alelo favorável (1/28 e 28/28, respectivamente), tiveram as maiores CGC's em valores absolutos. O mesmo não foi observado nos progenitores intermediários que tiveram suas estimativas de CGC's tendendo a zero, principalmente no progenitor 14, cuja diferença ($p_i - \bar{p}$) foi menor.

Estes dados ainda permitiram mostrar a existência de um efeito adicional atribuído ao desvio de dominância, pois à medida em que foi aumentada a relação de d/a, as estimativas dos g_i 's decresceram ligeiramente. Apesar dos efeitos da dominância dificultarem a seleção dos progenitores, os mesmos permitem a exploração da heterose que, aliada ao direito de propriedade de produção, garantido pelo segredo das combinações híbridas de linhagens endogâmicas, são os maiores responsáveis pelo sucesso do melhoramento em milho (PACHECO, 1997).

No quadro 5, a análise dos resultados mostrou que os efeitos de s_{ii} , assim como qualquer efeito da CEC, estão fortemente ligados aos efeitos de dominância e também às frequências alélicas. Isso fica claro com as variações nas relações d/a, que tendem a aumentar o efeito de s_{ii} com o aumento de d, para um mesmo progenitor.

As estimativas de CEC de um progenitor com ele mesmo (s_{ii}) possuem importância relevante na discriminação do progenitor, quanto à sua heterose varietal (CRUZ & VENCOVSKY, 1989).

Como neste estudo foi considerado apenas um gene, a grande maioria das estimativas de s_{ii} foram negativas por causa da dominância unidirecional. Também, verificou-se que os progenitores com frequências alélicas extremas, 1 e 28, tiveram os maiores valores absolutos de s_{ii} , o que os tornam os mais divergentes geneticamente em relação aos demais. Esses resultados atestam as conclusões a que chegaram CRUZ & VENCOVSKY (1989) e confirmadas por VIANA (2000).

PACHECO (1997) aborda a associação entre os estimadores $\hat{g}_i$ e $\hat{s}_{ii}$. Se os efeitos aditivos e dominantes são significativos no dialelo estudado, as populações com $\hat{s}_{ii}$ e $\hat{g}_i$ elevados, terão as maiores frequências de locos em heterozigose e homozigose, garantindo variabilidade necessária ao sucesso da seleção e boa performance, sendo as mais indicadas ao melhoramento intrapopulacional. Ele verificou que os progenitores (populações) com valores de $\hat{s}_{ii}$ inferiores à heterose média, indicam heterose varietal positiva.

Quadro 5 - Estimativas dos efeitos de s_{ij} para as variáveis hipotéticas governadas por um gene com diferentes graus de dominância em um dialelo completo com 28 progenitores

Progenitores	d/a=2,0	d/a=1,5		d/a=1,0	d/a=0,5	d/a=0
1	-8,787	-6,587	Heterose varietal	-4,395	-2,195	-0,004
2	-7,550	-5,658		-3,768	-1,888	0,001
3	-6,404	-4,806		-3,198	-1,601	-0,003
4	-5,352	-4,021		-2,676	-1,341	0,003
5	-4,404	-3,306		-2,199	-1,100	-0,001
6	-3,548	-2,658		-1,778	-0,886	0,004
7	-2,786	-2,089	Faixa de Heterose média	-1,393	-0,693	0,000
8	-2,116	-1,585		-1,059	-0,525	-0,004
9	-1,551	-1,162		-0,775	-0,387	0,001
10	-1,069	-0,801		-0,540	-0,267	-0,003
11	-0,691	-0,520		-0,343	-0,175	0,003
12	-0,402	-0,302		-0,202	-0,101	-0,001
13	-0,218	-0,158		-0,107	-0,051	0,004
14	-0,119	-0,089	Faixa de Heterose média	-0,060	-0,030	0,000
15	-0,122	-0,085		-0,060	-0,031	-0,004
16	-0,218	-0,156		-0,104	-0,051	0,001
17	-0,408	-0,302		-0,206	-0,099	-0,003
18	-0,691	-0,522		-0,342	-0,176	0,003
19	-1,068	-0,808		-0,539	-0,272	-0,001
20	-1,546	-1,159		-0,772	-0,385	0,004
21	-2,119	-1,585		-1,060	-0,526	0,000
22	-2,785	-2,085		-1,394	-0,695	-0,004
23	-3,544	-2,660	Heterose varietal	-1,775	-0,883	0,001
24	-4,406	-3,300		-2,205	-1,100	-0,003
25	-5,360	-4,015		-2,679	-1,343	0,003
26	-6,410	-4,805		-3,200	-1,605	-0,001
27	-7,551	-5,659		-3,778	-1,887	0,004
28	-8,786	-6,589		-4,393	-2,196	0,000
Heterose média	- 3,215	- 2,410		- 1,607	- 0,803	0,000

A heterose negativa pode ser atribuída aos desvios de dominância negativos, como se pode observar em FALCONER (1987), indicando que o efeito de dominância foi no sentido de diminuir o valor da característica. Como nessa simulação os desvios devido à dominância foram unidirecionais e positivos, a heterose varietal foi negativa para os progenitores de 7 a 22, principalmente para o 14 e 15, em função desses progenitores contribuírem para a redução da heterose dos cruzamentos em que participaram, em virtude da manifestação heterozigota de seus genótipos.

Quanto mais homozigoto é o progenitor, maior é a heterose varietal, a exemplo dos progenitores 1 e 28. Embora, tenha se observado que o maior valor absoluto de s_{ii} está relacionado com os progenitores de maior concentração de alelos favoráveis ou desfavoráveis (1 e 28, respectivamente), os mesmos não possuem variabilidade. O melhor progenitor deve reunir alta frequência de alelos favoráveis (g_i positivo) e com alta frequência de locos em heterozigose. De acordo com os quadros 4 e 5, os progenitores 24, 25 e 26, seriam os mais indicados para a seleção intrapopulacional, porque além da alta concentração de alelos favoráveis, são os que possuem mais indivíduos, nas respectivas populações, com genótipos heterozigotos.

Nos Quadros 6 e 7, encontram-se as estimativas dos efeitos da CGC ($\hat{g}_i$'s) dos 28 progenitores, para as respectivas variáveis $d/a = 0,5$ e $d/a = 2,0$ e para os vários números de cruzamentos por progenitor (s).

Nesses quadros, observa-se que para os progenitores com frequências do alelo favorável iguais a 0 e 1,0, ou próximas a estes valores (progenitores 1, 2, 27 e 28), o limite de aceitação para o valor de s foi pequeno ($s = 5$), para as duas relações d/a consideradas. Nos progenitores com frequências do alelo favorável iguais ou próximas a 0,5 (progenitores 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18 e 19), o limite de aceitação para o valor de s variou de 5 a 17, para as duas relações d/a . Portanto, observa-se que entre os diferentes progenitores que irão constituir um dialelo, os mesmos terão diferentes valores de s satisfatórios para a obtenção de estimativas de CGC's confiáveis. Entretanto, torna-se bastante difícil determinar um valor de s satisfatório, considerando-se todos os progenitores envolvidos, em virtude dos inúmeros genótipos possíveis dentro de cada progenitor (população) que irá constituir o dialelo circulante. De todo modo, verifica-se que para os progenitores com maiores concentrações de alelos favoráveis ou desfavoráveis, pode-se trabalhar com valores de s pequenos, sem estar comprometendo as estimativas de CGC.

Quadro 6 - Estimativas associadas aos efeitos da CGC obtidas sob diferentes números de cruzamentos dialélicos (s) para um conjunto de 28 progenitores com base em 1000 simulações, para a variável hipotética com relação d/a = 0,5

s	$\bar{g}_1$	$\hat{\sigma}_1$	z_1	$\bar{g}_2$	$\hat{\sigma}_2$	z_2	$\bar{g}_3$	$\hat{\sigma}_3$	z_3	$\bar{g}_4$	$\hat{\sigma}_4$	z_4	$\bar{g}_5$	$\hat{\sigma}_5$	z_5
3	-5,176	0,276	1,416	-4,730	0,270	1,134	-4,302	0,253	0,947	-3,845	0,234	0,613	-3,422	0,207	0,383
5	-5,072	0,288	0,996	-4,648	0,263	0,854	-4,228	0,242	0,686	-3,800	0,233	0,419	-3,402	0,219	0,272
7	-5,003	0,261	0,836	-4,599	0,255	0,687	-4,192	0,227	0,573	-3,782	0,227	0,353	-3,383	0,199	0,201
9	-4,935	0,245	0,613	-4,545	0,228	0,534	-4,164	0,215	0,474	-3,763	0,197	0,307	-3,367	0,185	0,129
11	-4,895	0,223	0,494	-4,517	0,214	0,436	-4,137	0,194	0,387	-3,742	0,182	0,219	-3,363	0,160	0,128
13	-4,880	0,201	0,473	-4,501	0,195	0,394	-4,123	0,173	0,351	-3,739	0,160	0,229	-3,363	0,148	0,136
15	-4,850	0,184	0,351	-4,472	0,175	0,274	-4,107	0,160	0,280	-3,728	0,145	0,181	-3,347	0,132	0,030
17	-4,837	0,156	0,332	-4,461	0,151	0,247	-4,099	0,134	0,272	-3,717	0,122	0,122	-3,343	0,110	0,002
19	-4,818	0,130	0,258	-4,444	0,132	0,157	-4,082	0,123	0,156	-3,713	0,109	0,098	-3,347	0,102	0,040
21	-4,807	0,123	0,181	-4,440	0,114	0,143	-4,070	0,102	0,078	-3,703	0,090	0,006	-3,349	0,085	0,072
23	-4,801	0,092	0,176	-4,434	0,093	0,108	-4,069	0,081	0,079	-3,707	0,071	0,072	-3,345	0,066	0,042
25	-4,791	0,064	0,098	-4,431	0,060	0,118	-4,067	0,055	0,077	-3,706	0,051	0,084	-3,344	0,047	0,036
27	-4,785			-4,424			-4,062			-3,702			-3,343		
LA			-1 z 1			-1 z 1			-1 z 1			-1 z 1			-1 z 1

Quadro 6, Cont.

s	$\hat{g}_6$	$\hat{\sigma}_6$	z_6	$\hat{g}_7$	$\hat{\sigma}_7$	z_7	$\hat{g}_8$	$\hat{\sigma}_8$	z_8	$\hat{g}_9$	$\hat{\sigma}_9$	z_9	$\hat{g}_{10}$	$\hat{\sigma}_{10}$	z_{10}
3	-2,994	0,200	0,049	-2,589	0,190	-0,196	-2,190	0,167	-0,477	-1,799	0,145	-0,791	-1,414	0,128	-1,135
5	-2,999	0,204	0,072	-2,608	0,191	-0,096	-2,212	0,161	-0,359	-1,828	0,143	-0,600	-1,447	0,126	-0,886
7	-2,991	0,183	0,035	-2,608	0,170	-0,109	-2,223	0,147	-0,323	-1,848	0,128	-0,519	-1,468	0,113	-0,803
9	-2,987	0,178	0,012	-2,625	0,155	-0,009	-2,231	0,132	-0,295	-1,867	0,122	-0,382	-1,496	0,101	-0,626
11	-3,001	0,158	0,103	-2,618	0,138	-0,064	-2,246	0,122	-0,198	-1,876	0,108	-0,356	-1,512	0,095	-0,495
13	-2,989	0,133	0,032	-2,624	0,121	-0,020	-2,246	0,108	-0,219	-1,882	0,097	-0,326	-1,522	0,081	-0,453
15	-2,992	0,127	0,055	-2,631	0,115	0,044	-2,260	0,102	-0,097	-1,894	0,088	-0,222	-1,531	0,073	-0,383
17	-2,987	0,109	0,019	-2,632	0,099	0,060	-2,265	0,089	-0,057	-1,899	0,074	-0,197	-1,540	0,063	-0,302
19	-2,985	0,098	0,003	-2,633	0,088	0,071	-2,271	0,080	0,012	-1,905	0,064	-0,142	-1,546	0,054	-0,250
21	-2,984	0,080	-0,005	-2,630	0,069	0,053	-2,275	0,064	0,073	-1,910	0,053	-0,080	-1,552	0,046	-0,140
23	-2,986	0,063	0,013	-2,625	0,055	-0,025	-2,270	0,050	0,008	-1,913	0,043	-0,015	-1,555	0,036	-0,118
25	-2,984	0,043	-0,027	-2,627	0,038	0,022	-2,270	0,035	0,014	-1,912	0,029	-0,074	-1,557	0,025	-0,080
27	-2,985			-2,626			-2,270			-1,914			-1,559		
LA			-1 z 1			-1 z 1			-1 z 1			-1 z 1			-1 z 1

Quadro 6, Cont.

s	$\hat{g}_{11}$	$\hat{\sigma}_{11}$	z_{11}	$\hat{g}_{12}$	$\hat{\sigma}_{12}$	z_{12}	$\hat{g}_{13}$	$\hat{\sigma}_{13}$	z_{13}	$\hat{g}_{14}$	$\hat{\sigma}_{14}$	z_{14}	$\hat{g}_{15}$	$\hat{\sigma}_{15}$	z_{15}
3	-1,033	0,108	-1,598	-0,653	0,102	-1,951	-0,288	0,089	-2,408	0,066	0,086	-2,478	0,412	0,084	-2,492
5	-1,079	0,109	-1,163	-0,711	0,093	-1,513	-0,351	0,085	-1,781	0,009	0,080	-1,963	0,357	0,082	-1,889
7	-1,110	0,100	-0,953	-0,752	0,085	-1,176	-0,390	0,077	-1,460	-0,034	0,072	-1,581	0,318	0,070	-1,646
9	-1,141	0,091	-0,714	-0,777	0,078	-0,960	-0,417	0,069	-1,237	-0,062	0,064	-1,329	0,291	0,065	-1,352
11	-1,158	0,085	-0,555	-0,792	0,071	-0,846	-0,437	0,064	-1,028	-0,077	0,057	-1,228	0,272	0,058	-1,183
13	-1,165	0,077	-0,530	-0,804	0,064	-0,759	-0,448	0,054	-0,992	-0,092	0,051	-1,096	0,258	0,050	-1,092
15	-1,177	0,067	-0,432	-0,817	0,054	-0,643	-0,462	0,045	-0,893	-0,108	0,042	-0,942	0,243	0,042	-0,960
17	-1,183	0,053	-0,433	-0,825	0,045	-0,601	-0,470	0,038	-0,846	-0,116	0,034	-0,960	0,235	0,034	-0,939
19	-1,191	0,047	-0,311	-0,832	0,037	-0,540	-0,480	0,030	-0,724	-0,125	0,027	-0,822	0,226	0,028	-0,816
21	-1,194	0,041	-0,272	-0,841	0,033	-0,326	-0,489	0,026	-0,511	-0,133	0,023	-0,635	0,217	0,023	-0,603
23	-1,199	0,031	-0,208	-0,843	0,026	-0,341	-0,493	0,021	-0,413	-0,138	0,018	-0,532	0,213	0,018	-0,552
25	-1,200	0,021	-0,247	-0,847	0,017	-0,305	-0,496	0,014	-0,401	-0,142	0,012	-0,504	0,209	0,012	-0,504
27	-1,205			-0,852			-0,502			-0,148			0,203		
LA			-1 z 1			-1 z 1			-1 z 1			-1 z 1			-1 z 1

Quadro 6, Cont.

s	$\hat{g}_{16}$	$\hat{\sigma}_{16}$	z_{16}	$\hat{g}_{17}$	$\hat{\sigma}_{17}$	z_{17}	$\hat{g}_{18}$	$\hat{\sigma}_{18}$	z_{18}	$\hat{g}_{19}$	$\hat{\sigma}_{19}$	z_{19}	$\hat{g}_{20}$	$\hat{\sigma}_{20}$	z_{20}
3	0,760	0,092	-2,237	1,098	0,104	-1,878	1,425	0,115	-1,521	1,742	0,125	-1,150	2,066	0,144	-0,842
5	0,704	0,089	-1,697	1,038	0,097	-1,403	1,369	0,110	-1,077	1,704	0,122	-0,867	2,035	0,140	-0,644
7	0,667	0,078	-1,457	1,005	0,089	-1,157	1,344	0,102	-0,915	1,678	0,114	-0,700	2,014	0,131	-0,532
9	0,634	0,072	-1,120	0,975	0,080	-0,910	1,315	0,094	-0,688	1,656	0,105	-0,550	1,995	0,118	-0,431
11	0,618	0,063	-1,033	0,963	0,074	-0,822	1,306	0,083	-0,666	1,647	0,094	-0,521	1,988	0,100	-0,436
13	0,607	0,056	-0,956	0,948	0,066	-0,695	1,292	0,076	-0,551	1,633	0,079	-0,440	1,973	0,096	-0,292
15	0,591	0,048	-0,783	0,935	0,054	-0,607	1,279	0,069	-0,422	1,624	0,074	-0,341	1,966	0,086	-0,254
17	0,583	0,038	-0,778	0,930	0,046	-0,617	1,273	0,058	-0,395	1,616	0,064	-0,282	1,959	0,075	-0,191
19	0,574	0,032	-0,652	0,921	0,038	-0,494	1,269	0,048	-0,392	1,609	0,053	-0,195	1,951	0,068	-0,096
21	0,565	0,026	-0,485	0,913	0,032	-0,347	1,260	0,038	-0,263	1,604	0,048	-0,118	1,949	0,058	-0,083
23	0,562	0,021	-0,403	0,909	0,026	-0,290	1,258	0,031	-0,256	1,604	0,037	-0,161	1,944	0,043	0,023
25	0,559	0,014	-0,413	0,907	0,017	-0,283	1,256	0,021	-0,261	1,602	0,026	-0,131	1,947	0,029	-0,078
27	0,553			0,902			1,250			1,598			1,945		
LA			-1 z 1			-1 z 1			-1 z 1			-1 z 1			-1 z 1

Quadro 6, Cont.

s	$\bar{g}_{21}$	$\hat{\sigma}_{21}$	z_{21}	$\bar{g}_{22}$	$\hat{\sigma}_{22}$	z_{22}	$\bar{g}_{23}$	$\hat{\sigma}_{23}$	z_{23}	$\bar{g}_{24}$	$\hat{\sigma}_{24}$	z_{24}
3	2,373	0,159	-0,518	2,677	0,182	-0,230	2,958	0,200	0,104	3,249	0,220	0,334
5	2,353	0,156	-0,399	2,658	0,175	-0,132	2,970	0,195	0,046	3,269	0,217	0,248
7	2,335	0,151	-0,294	2,664	0,172	-0,167	2,972	0,186	0,035	3,291	0,210	0,148
9	2,328	0,138	-0,270	2,648	0,160	-0,080	2,976	0,179	0,015	3,289	0,198	0,167
11	2,310	0,125	-0,160	2,633	0,140	0,014	2,976	0,149	0,020	3,300	0,179	0,127
13	2,308	0,110	-0,161	2,640	0,124	-0,040	2,967	0,140	0,080	3,310	0,153	0,078
15	2,302	0,097	-0,121	2,631	0,112	0,036	2,976	0,122	0,020	3,312	0,142	0,069
17	2,288	0,083	0,026	2,636	0,093	-0,009	2,975	0,109	0,033	3,320	0,121	0,019
19	2,292	0,074	-0,023	2,625	0,080	0,119	2,974	0,089	0,052	3,318	0,101	0,048
21	2,290	0,061	0,003	2,627	0,070	0,119	2,978	0,076	0,013	3,320	0,084	0,025
23	2,290	0,049	0,012	2,633	0,059	0,041	2,979	0,063	0,000	3,320	0,069	0,032
25	2,292	0,034	-0,036	2,635	0,039	-0,002	2,976	0,042	0,050	3,317	0,045	0,114
27	2,290			2,635			2,979			3,322		
LA			-1 z 1			-1 z 1			-1 z 1			-1 z 1

Quadro 6, Cont.

s	$\bar{g}_{25}$	$\hat{\sigma}_{25}$	z_{25}	$\bar{g}_{26}$	$\hat{\sigma}_{26}$	z_{26}	$\bar{g}_{27}$	$\hat{\sigma}_{27}$	z_{27}	$\bar{g}_{28}$	$\hat{\sigma}_{28}$	z_{28}
3	3,508	0,224	0,697	3,776	0,243	0,943	4,037	0,268	1,151	4,290	0,286	1,384
5	3,555	0,227	0,477	3,836	0,246	0,687	4,124	0,272	0,819	4,406	0,300	0,932
7	3,578	0,219	0,393	3,881	0,239	0,520	4,170	0,255	0,690	4,466	0,272	0,806
9	3,607	0,208	0,275	3,908	0,215	0,451	4,225	0,234	0,517	4,530	0,249	0,624
11	3,625	0,187	0,208	3,927	0,198	0,395	4,242	0,218	0,477	4,564	0,218	0,560
13	3,634	0,168	0,176	3,944	0,187	0,326	4,267	0,189	0,418	4,596	0,190	0,469
15	3,646	0,153	0,115	3,959	0,162	0,283	4,293	0,169	0,314	4,617	0,179	0,384
17	3,651	0,128	0,100	3,972	0,141	0,236	4,302	0,151	0,290	4,633	0,159	0,332
19	3,659	0,104	0,047	3,989	0,114	0,142	4,315	0,122	0,254	4,650	0,134	0,263
21	3,662	0,089	0,015	3,995	0,098	0,099	4,331	0,110	0,137	4,666	0,117	0,172
23	3,661	0,076	0,036	4,002	0,077	0,040	4,335	0,084	0,131	4,669	0,095	0,177
25	3,659	0,050	0,102	4,002	0,055	0,059	4,337	0,059	0,160	4,678	0,064	0,116
27	3,664			4,005			4,346			4,686		
LA			-1 z 1			-1 z 1			-1 z 1			-1 z 1

$$\hat{\sigma}_i = \left[\frac{\sum_{b=1}^B (\hat{g}_b - \bar{\hat{g}}_i)^2}{(B-1)} \right]^{1/2}; z_i = (g - \bar{\hat{g}}_i) / \hat{\sigma}_i; \text{LA} = \text{Limite de aceitação}; \bar{\hat{g}}_i = \sum_{b=1}^B \hat{g}_b / B, \text{ sendo } i = 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20,$$

21, 22, 23, 24, 25, 26, 27 e 28.

Quadro 7 - Estimativas associadas aos efeitos da CGC obtidas sob diferentes números de cruzamentos dialélicos (s) para um conjunto de 28 progenitores com base em 1000 simulações, para a variável hipotética com relação d/a = 2,0

s	$\bar{g}_1$	$\hat{\sigma}_1$	z_1	$\bar{g}_2$	$\hat{\sigma}_2$	z_2	$\bar{g}_3$	$\hat{\sigma}_3$	z_3	$\bar{g}_4$	$\hat{\sigma}_4$	z_4	$\bar{g}_5$	$\hat{\sigma}_5$	z_5
3	-6,255	1,163	1,357	-5,538	1,063	1,164	-4,841	0,976	0,935	-4,115	0,933	0,596	-3,461	0,866	0,310
5	-5,885	1,138	1,062	-5,159	1,025	0,838	-4,623	1,000	0,695	-3,993	0,909	0,478	-3,383	0,843	0,226
7	-5,513	1,103	0,758	-4,964	0,988	0,671	-4,478	0,873	0,630	-3,882	0,839	0,385	-3,363	0,806	0,211
9	-5,308	0,995	0,635	-4,821	0,945	0,551	-4,282	0,820	0,432	-3,837	0,827	0,336	-3,321	0,719	0,178
11	-5,153	0,911	0,523	-4,708	0,829	0,492	-4,244	0,767	0,412	-3,745	0,689	0,270	-3,282	0,655	0,136
13	-5,031	0,800	0,443	-4,581	0,773	0,364	-4,147	0,672	0,326	-3,689	0,617	0,211	-3,271	0,591	0,132
15	-4,936	0,713	0,364	-4,543	0,683	0,355	-4,076	0,588	0,252	-3,683	0,558	0,223	-3,242	0,503	0,098
17	-4,875	0,625	0,317	-4,463	0,577	0,282	-4,054	0,539	0,235	-3,594	0,480	0,073	-3,201	0,431	0,018
19	-4,808	0,546	0,241	-4,389	0,507	0,176	-4,018	0,461	0,196	-3,613	0,435	0,126	-3,241	0,380	0,127
21	-4,782	0,479	0,220	-4,361	0,429	0,143	-3,987	0,396	0,148	-3,591	0,328	0,097	-3,203	0,319	0,033
23	-4,736	0,371	0,160	-4,344	0,347	0,127	-3,947	0,317	0,059	-3,581	0,284	0,079	-3,206	0,266	0,048
25	-4,704	0,263	0,105	-4,310	0,232	0,044	-3,943	0,214	0,068	-3,571	0,204	0,061	-3,204	0,188	0,056
27	-4,676			-4,300			-3,928			-3,559			-3,193		
LA			-1 z 1			-1 z 1			-1 z 1			-1 z 1			-1 z 1

Quadro 7, Cont.

s	$\hat{g}_6$	$\hat{\sigma}_6$	z_6	$\hat{g}_7$	$\hat{\sigma}_7$	z_7	$\hat{g}_8$	$\hat{\sigma}_8$	z_8	$\hat{g}_9$	$\hat{\sigma}_9$	z_9	$\hat{g}_{10}$	$\hat{\sigma}_{10}$	z_{10}
3	-2,902	0,800	0,090	-2,357	0,737	-0,156	-1,771	0,647	-0,535	-1,313	0,559	-0,807	-0,812	0,494	-1,222
5	-2,865	0,759	0,046	-2,403	0,737	-0,094	-1,856	0,662	-0,393	-1,368	0,573	-0,692	-0,958	0,518	-0,882
7	-2,870	0,708	0,055	-2,398	0,679	-0,108	-1,925	0,557	-0,345	-1,482	0,490	-0,576	-1,074	0,437	-0,780
9	-2,860	0,665	0,044	-2,442	0,597	-0,051	-1,989	0,522	-0,245	-1,580	0,461	-0,400	-1,148	0,399	-0,670
11	-2,851	0,605	0,033	-2,468	0,557	-0,008	-2,017	0,493	-0,203	-1,598	0,428	-0,388	-1,223	0,364	-0,528
13	-2,874	0,539	0,081	-2,472	0,480	0,000	-2,059	0,441	-0,133	-1,655	0,383	-0,285	-1,282	0,332	-0,402
15	-2,836	0,484	0,010	-2,469	0,443	-0,006	-2,083	0,393	-0,086	-1,686	0,335	-0,234	-1,308	0,290	-0,370
17	-2,872	0,419	0,099	-2,493	0,383	0,055	-2,097	0,351	-0,057	-1,717	0,289	-0,164	-1,334	0,247	-0,331
19	-2,827	0,373	-0,009	-2,515	0,341	0,127	-2,106	0,310	-0,036	-1,728	0,249	-0,147	-1,348	0,213	-0,315
21	-2,831	0,313	0,002	-2,488	0,282	0,055	-2,123	0,259	0,024	-1,743	0,214	-0,099	-1,374	0,182	-0,226
23	-2,830	0,243	-0,003	-2,485	0,231	0,058	-2,115	0,204	-0,011	-1,746	0,170	-0,109	-1,399	0,145	-0,110
25	-2,833	0,168	0,011	-2,471	0,154	-0,007	-2,113	0,132	-0,030	-1,757	0,118	-0,065	-1,406	0,100	-0,090
27	-2,831			-2,472			-2,117			-1,764			-1,415		
LA			-1 z 1			-1 z 1			-1 z 1			-1 z 1			-1 z 1

Quadro 7, Cont.

s	$\hat{g}_{11}$	$\hat{\sigma}_{11}$	z_{11}	$\hat{g}_{12}$	$\hat{\sigma}_{12}$	z_{12}	$\hat{g}_{13}$	$\hat{\sigma}_{13}$	z_{13}	$\hat{g}_{14}$	$\hat{\sigma}_{14}$	z_{14}	$\hat{g}_{15}$	$\hat{\sigma}_{15}$	z_{15}
3	-0,365	0,456	-1,547	0,042	0,408	-1,889	0,413	0,347	-2,317	0,799	0,338	-2,526	1,135	0,340	-2,526
5	-0,578	0,450	-1,092	-0,170	0,388	-1,439	0,218	0,347	-1,753	0,565	0,317	-1,954	0,882	0,326	-1,858
7	-0,690	0,385	-0,985	-0,336	0,336	-1,167	0,049	0,301	-1,461	0,383	0,283	-1,551	0,735	0,275	-1,669
9	-0,776	0,375	-0,784	-0,417	0,315	-0,989	-0,048	0,282	-1,218	0,306	0,255	-1,415	0,644	0,259	-1,420
11	-0,859	0,357	-0,587	-0,492	0,284	-0,834	-0,114	0,242	-1,142	0,217	0,234	-1,165	0,565	0,242	-1,196
13	-0,900	0,294	-0,577	-0,541	0,248	-0,756	-0,172	0,210	-1,039	0,164	0,196	-1,117	0,505	0,203	-1,131
15	-0,950	0,264	-0,451	-0,587	0,205	-0,692	-0,226	0,170	-0,967	0,111	0,157	-1,057	0,450	0,173	-1,006
17	-0,987	0,225	-0,365	-0,620	0,170	-0,642	-0,275	0,147	-0,786	0,067	0,132	-0,928	0,404	0,140	-0,914
19	-0,990	0,184	-0,431	-0,654	0,151	-0,495	-0,299	0,118	-0,770	0,040	0,109	-0,873	0,373	0,108	-0,899
21	-1,028	0,154	-0,268	-0,677	0,125	-0,411	-0,333	0,098	-0,587	0,008	0,086	-0,743	0,337	0,086	-0,710
23	-1,034	0,121	-0,293	-0,699	0,099	-0,303	-0,353	0,083	-0,457	-0,016	0,069	-0,567	0,317	0,070	-0,588
25	-1,051	0,082	-0,217	-0,713	0,067	-0,232	-0,375	0,056	-0,273	-0,037	0,046	-0,400	0,295	0,046	-0,408
27	-1,069			-0,729			-0,391			-0,055			0,276		
LA			-1 z 1			-1 z 1			-1 z 1			-1 z 1			-1 z 1

Quadro 7, Cont.

S	$\hat{g}_{16}$	$\hat{\sigma}_{16}$	z_{16}	$\hat{g}_{17}$	$\hat{\sigma}_{17}$	z_{17}	$\hat{g}_{18}$	$\hat{\sigma}_{18}$	z_{18}	$\hat{g}_{19}$	$\hat{\sigma}_{19}$	z_{19}	$\hat{g}_{20}$	$\hat{\sigma}_{20}$	z_{20}
3	1,428	0,377	-2,185	1,699	0,396	-1,944	1,968	0,459	-1,562	2,152	0,517	-1,128	2,352	0,573	-0,818
5	1,198	0,347	-1,713	1,487	0,399	-1,396	1,730	0,433	-1,106	1,986	0,487	-0,857	2,239	0,556	-0,639
7	1,050	0,303	-1,471	1,334	0,321	-1,258	1,616	0,382	-0,955	1,905	0,432	-0,779	2,155	0,487	-0,557
9	0,943	0,295	-1,149	1,243	0,311	-1,006	1,533	0,360	-0,782	1,825	0,415	-0,617	2,113	0,456	-0,502
11	0,877	0,250	-1,089	1,185	0,280	-0,910	1,471	0,332	-0,663	1,749	0,377	-0,479	2,062	0,406	-0,440
13	0,809	0,227	-0,906	1,106	0,265	-0,667	1,402	0,309	-0,490	1,716	0,329	-0,447	1,998	0,369	-0,310
15	0,765	0,186	-0,863	1,076	0,216	-0,681	1,396	0,258	-0,564	1,685	0,296	-0,391	1,972	0,338	-0,263
17	0,725	0,153	-0,790	1,031	0,188	-0,537	1,343	0,223	-0,415	1,644	0,260	-0,288	1,954	0,302	-0,233
19	0,695	0,126	-0,718	1,015	0,157	-0,542	1,325	0,187	-0,400	1,634	0,214	-0,305	1,919	0,263	-0,135
21	0,660	0,102	-0,549	0,982	0,121	-0,436	1,304	0,156	-0,338	1,602	0,192	-0,174	1,912	0,220	-0,130
23	0,641	0,081	-0,452	0,963	0,100	-0,334	1,282	0,120	-0,258	1,591	0,149	-0,150	1,900	0,181	-0,090
25	0,622	0,056	-0,320	0,942	0,065	-0,200	1,270	0,083	-0,228	1,581	0,102	-0,116	1,886	0,120	-0,026
27	0,604			0,929			1,251			1,569			1,883		
LA			-1 z 1			-1 z 1			-1 z 1			-1 z 1			-1 z 1

Quadro 7, Cont.

S	$\hat{g}_{21}$	$\hat{\sigma}_{21}$	z_{21}	$\hat{g}_{22}$	$\hat{\sigma}_{22}$	z_{22}	$\hat{g}_{23}$	$\hat{\sigma}_{23}$	z_{23}	$\hat{g}_{24}$	$\hat{\sigma}_{24}$	z_{24}
3	2,539	0,604	-0,571	2,634	0,719	-0,182	2,745	0,765	0,080	2,802	0,849	0,360
5	2,398	0,633	-0,320	2,609	0,732	-0,144	2,772	0,762	0,046	2,893	0,841	0,255
7	2,400	0,543	-0,378	2,623	0,657	-0,183	2,774	0,723	0,045	2,950	0,798	0,198
9	2,326	0,519	-0,253	2,539	0,634	-0,057	2,808	0,695	-0,002	2,949	0,801	0,199
11	2,296	0,490	-0,207	2,514	0,554	-0,020	2,760	0,642	0,074	3,015	0,708	0,131
13	2,248	0,443	-0,121	2,509	0,519	-0,011	2,815	0,572	-0,014	3,047	0,668	0,091
15	2,250	0,390	-0,143	2,493	0,456	0,022	2,784	0,507	0,046	3,074	0,570	0,060
17	2,235	0,327	-0,124	2,466	0,383	0,097	2,813	0,430	-0,014	3,089	0,477	0,040
19	2,190	0,297	0,015	2,477	0,325	0,080	2,794	0,365	0,037	3,083	0,392	0,063
21	2,187	0,248	0,030	2,488	0,281	0,053	2,810	0,313	-0,008	3,098	0,341	0,029
23	2,203	0,195	-0,044	2,483	0,228	0,086	2,820	0,249	-0,051	3,089	0,279	0,066
25	2,200	0,136	-0,042	2,496	0,151	0,045	2,801	0,172	0,037	3,099	0,183	0,049
27	2,195			2,503			2,807			3,108		
LA			-1 z 1			-1 z 1			-1 z 1			-1 z 1

Quadro 7, Cont.

S	$\bar{g}_{25}$	$\hat{\sigma}_{25}$	z_{25}	$\bar{g}_{26}$	$\hat{\sigma}_{26}$	z_{26}	$\bar{g}_{27}$	$\hat{\sigma}_{27}$	z_{27}	$\bar{g}_{28}$	$\hat{\sigma}_{28}$	z_{28}
3	2,861	0,913	0,596	2,749	0,973	0,977	2,704	1,068	1,205	2,704	1,171	1,344
5	2,995	0,876	0,469	3,023	0,946	0,715	3,124	1,055	0,821	3,123	1,158	0,997
7	3,070	0,842	0,399	3,167	0,920	0,579	3,337	1,006	0,650	3,427	1,104	0,771
9	3,157	0,833	0,298	3,325	0,861	0,436	3,482	0,926	0,550	3,638	0,970	0,659
11	3,255	0,738	0,204	3,408	0,797	0,366	3,562	0,848	0,505	3,817	0,888	0,518
13	3,276	0,683	0,190	3,511	0,704	0,269	3,679	0,766	0,407	3,888	0,842	0,463
15	3,339	0,583	0,114	3,531	0,627	0,270	3,735	0,665	0,384	3,965	0,718	0,436
17	3,330	0,530	0,142	3,562	0,565	0,244	3,847	0,607	0,236	4,072	0,617	0,334
19	3,382	0,430	0,054	3,616	0,461	0,183	3,875	0,488	0,237	4,120	0,531	0,297
21	3,390	0,369	0,042	3,630	0,391	0,178	3,922	0,415	0,166	4,191	0,479	0,181
23	3,381	0,315	0,076	3,660	0,299	0,135	3,952	0,333	0,117	4,208	0,368	0,189
25	3,394	0,197	0,060	3,686	0,219	0,065	3,957	0,237	0,140	4,259	0,250	0,075
27	3,405			3,700			3,991			4,278		
LA			-1 z 1			-1 z 1			-1 z 1			-1 z 1

$$\hat{\sigma}_i = \left[\sum_{b=1}^B (\hat{g}_b - \bar{\hat{g}}_i)^2 / (B - 1) \right]^{1/2}; z_i = (g - \bar{\hat{g}}_i) / \hat{\sigma}_i; \text{LA} = \text{Limite de aceitação}; \bar{\hat{g}}_i = \sum_{b=1}^B \hat{g}_b / B, \text{ sendo } i = 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20,$$

21, 22, 23, 24, 25, 26, 27 e 28.

VEIGA (1998) atesta a eficiência dos dialelos circulantes com pequenos valores de s na escolha dos progenitores com relação à CGC. Segundo BRAY (1971), dentre as inúmeras possibilidades de dialelos circulantes existentes, valores pequenos de s podem proporcionar boas estimativas dos parâmetros genéticos. Porém, deve-se ter atenção, à variância das estimativas de CGC, que aumenta com a diminuição do valor de s .

Nos Quadros 8, a 12, são apresentados os resultados associados aos estimadores $\hat{m}$, QMCGC, QMCEC, $\hat{V}_g$, R^2 e r .

Para o estimador $\hat{m}$ obtido nos dialelos circulantes que envolveram todas as variáveis que apresentaram dominância (Quadros 9, 10, 11 e 12), o limite de aceitação indicou o mesmo número de cruzamentos ($s = 21$). Este resultado, provavelmente, se deve ao fato da frequência alélica média dos dialelos serem próximas a 0,5, o que diminui a influência dos efeitos de dominância. Nota-se também, que diferentes graus de dominância associados ao número de cruzamentos, interferem na média geral do dialelo. Como os valores dos híbridos estão ligados aos efeitos dos desvios de dominância, espera-se que a média geral do dialelo seja maior para as variáveis com relações d/a mais altas e com maior número de cruzamentos por progenitor. Também se observou que quanto menor o valor de s e menor a relação d/a, maior é a variabilidade da média geral entre os dialelos circulantes simulados para um mesmo valor de s .

O QMCGC que expressa a variação aditiva existente no dialelo apresentou-se para todos os valores de s , estimativas decrescentes em função do aumento do valor de d e da diminuição do valor de s . No quadro 8, as estimativas do QMCGC na ausência de dominância, foram superiores em relação aos outros graus de dominância, pois os efeitos de CGC estavam livres da influência dos desvios da dominância. Dado que a

$$SQ(CGC) = \sum_i \hat{g}_i (Y_{ii} + Y_{i.}),$$

o QMCGC é afetado pela falta aleatória de alguns

híbridos do dialelo circulante, não sendo, portanto, um bom indicador da eficiência do dialelo circulante em relação ao dialelo completo.

Quadro 8 - Estimativas associadas a $\hat{m}$, QMCGC, QMCEC, $\hat{V}_g$, R^2 e r para a variável d/a = 0, obtidas sob diferentes números de cruzamentos dialélicos (s) para um conjunto de 28 progenitores com base em 1000 simulações

	$\hat{m}$			QMCGC			QMCEC			$\hat{V}_g$			R^2			r	
s	Média	$\hat{\sigma}$	z	Média	$\hat{\sigma}$	z	Média	$\hat{\sigma}$	z	Média	$\hat{\sigma}$	z	Média	$\hat{\sigma}$	z	Média	$\hat{\sigma}$
3	10,357	0,000	0,000	118,471	6,962	57,363	0,000	0,000	0,000	8,632	0,000	0,000	1,000	0,000	0,000	1,000	0,000
5	10,357	0,000	0,000	152,275	9,150	39,957	0,000	0,000	0,000	8,631	0,000	0,000	1,000	0,000	0,000	1,000	0,000
7	10,357	0,000	0,000	185,328	9,996	33,267	0,000	0,000	0,000	8,631	0,000	0,000	1,000	0,000	0,000	1,000	0,000
9	10,357	0,000	0,000	218,257	11,283	26,553	0,000	0,000	0,000	8,631	0,000	0,000	1,000	0,000	0,000	1,000	0,000
11	10,357	0,000	0,000	253,197	11,331	23,358	0,000	0,000	0,000	8,631	0,000	0,000	1,000	0,000	0,000	1,000	0,000
13	10,357	0,000	0,000	285,543	11,889	19,541	0,000	0,000	0,000	8,631	0,000	0,000	1,000	0,000	0,000	1,000	0,000
15	10,357	0,000	0,000	319,453	11,840	16,757	0,000	0,000	0,000	8,631	0,000	0,000	1,000	0,000	0,000	1,000	0,000
17	10,357	0,000	0,000	352,290	10,799	15,332	0,000	0,000	0,000	8,631	0,000	0,000	1,000	0,000	0,000	1,000	0,000
19	10,357	0,000	0,000	386,006	10,329	12,765	0,000	0,000	0,000	8,631	0,000	0,000	1,000	0,000	0,000	1,000	0,000
21	10,357	0,000	0,000	418,658	9,864	10,057	0,000	0,000	0,000	8,631	0,000	0,000	1,000	0,000	0,000	1,000	0,000
23	10,357	0,000	0,000	452,332	8,585	7,633	0,000	0,000	0,000	8,631	0,000	0,000	1,000	0,000	0,000	1,000	0,000
25	10,357	0,000	0,000	485,186	6,502	5,025	0,000	0,000	0,000	8,631	0,000	0,000	1,000	0,000	0,000	1,000	0,000
27	10,357			517,861			0,000			8,631			1,000			1,000	
LA			-1 z 1			-1 z 1			-1 z 1			-1 z 1			-1 z 1		

Média = $\hat{E}(\hat{\theta}) = \bar{\hat{\theta}} = \sum_{b=1}^B \hat{\theta}_b / B$; $\hat{\sigma} = \left[\sum_{b=1}^B (\hat{\theta}_b - \bar{\hat{\theta}})^2 / (B - 1) \right]^{1/2}$; $z = (\theta - \bar{\hat{\theta}}) / \hat{\sigma}$; LA = Limite de aceitação; $\hat{\theta}$ = Estimativas associadas a $\hat{m}$, QMCGC, QMCEC, $\hat{V}_g$,

R^2 e r para $s = 3, 5, 7, 9, 11, 13, 15, 17, 19, 21, 23$ e 25 ; θ = Estimativa associadas a $\hat{m}$, QMCGC, QMCEC, $\hat{V}_g$, R^2 e r para $s = s = 27$.

Quadro 9 - Estimativas associadas a $\hat{m}$, QMCGC, QMCEC, $\hat{V}_g$, R^2 e r para a variável $d/a = 0,5$, obtidas sob diferentes números de cruzamentos dialélicos (s) para um conjunto de 28 progenitores com base em 1000 simulações

	$\hat{m}$			QMCGC			QMCEC			$\hat{V}_g$			R^2			r	
s	Média	$\hat{\sigma}$	z	Média	$\hat{\sigma}$	z	Média	$\hat{\sigma}$	z	Média	DP	z	Média	$\hat{\sigma}$	z	Média	$\hat{\sigma}$
3	12,544	0,074	3,781	115,356	8,107	47,396	1,943	0,389	1,075	8,410	0,118	-0,708	0,974	0,006	-2,388	0,996	0,000
5	12,638	0,061	3,082	147,907	9,219	38,147	1,793	0,225	1,191	8,393	0,134	-0,499	0,969	0,005	-1,873	0,997	0,000
7	12,693	0,055	2,392	179,902	10,492	30,469	1,707	0,156	1,167	8,378	0,121	-0,427	0,967	0,004	-1,682	0,997	0,000
9	12,728	0,049	1,959	211,602	11,616	24,792	1,671	0,108	1,352	8,364	0,116	-0,320	0,964	0,003	-1,685	0,998	0,000
11	12,750	0,043	1,750	244,130	11,804	21,642	1,643	0,078	1,513	8,348	0,107	-0,202	0,963	0,003	-1,249	0,998	0,000
13	12,766	0,037	1,596	276,942	11,540	19,293	1,611	0,069	1,246	8,351	0,102	-0,240	0,962	0,003	-1,012	0,999	0,000
15	12,783	0,034	1,231	307,874	12,193	15,723	1,591	0,057	1,158	8,342	0,099	-0,160	0,961	0,000	0,000	0,999	0,000
17	12,792	0,028	1,213	340,488	11,272	14,115	1,575	0,044	1,136	8,337	0,086	-0,124	0,961	0,000	0,000	0,999	0,000
19	12,801	0,023	1,042	372,352	10,267	12,394	1,565	0,035	1,143	8,332	0,069	-0,080	0,960	0,000	0,000	1,000	0,000
21	12,810	0,021	0,741	403,679	10,414	9,210	1,553	0,029	0,966	8,334	0,065	-0,109	0,960	0,000	0,000	1,000	0,000
23	12,815	0,017	0,603	436,161	9,229	6,873	1,541	0,025	0,640	8,331	0,058	-0,082	0,960	0,000	0,000	1,000	0,000
25	12,819	0,011	0,545	468,488	6,792	4,580	1,532	0,019	0,368	8,326	0,043	0,003	0,959	0,000	0,000	1,000	0,000
27	12,825			499,592			1,525			8,327			0,959			1,000	
LA		-1 z 1			-1 z 1			-1 z 1			-1 z 1			-1 z 1			

$$\text{Média} = \hat{E}(\hat{\theta}) = \bar{\hat{\theta}} = \sum_{b=1}^B \hat{\theta}_b / B; \hat{\sigma} = \left[\frac{\sum_{b=1}^B (\hat{\theta}_b - \bar{\hat{\theta}})^2}{(B-1)} \right]^{1/2}; z = (\theta - \bar{\hat{\theta}}) / \hat{\sigma}; \text{LA} = \text{Limite de aceitação}; \hat{\theta} = \text{Estimativas associadas a } \hat{m}, \text{QMCGC, QMCEC, } \hat{V}_g,$$

R^2 e r para $s = 3, 5, 7, 9, 11, 13, 15, 17, 19, 21, 23$ e 25 ; θ = Estimativa associadas a $\hat{m}$, QMCGC, QMCEC, $\hat{V}_g$, R^2 e r para $s = s = 27$.

Quadro 10 - Estimativas associadas a $\hat{m}$, QMCGC, QMCEC, $\hat{V}_g$, R^2 e r para a variável d/a = 1,0, obtidas sob diferentes números de cruzamentos dialélicos (s) para um conjunto de 28 progenitores com base em 1000 simulações

	$\hat{m}$			QMCGC			QMCEC			$\hat{V}_g$			R^2			r	
s	Média	$\hat{\sigma}$	z	Média	$\hat{\sigma}$	z	Média	$\hat{\sigma}$	z	Média	$\hat{\sigma}$	z	Média	$\hat{\sigma}$	z	Média	$\hat{\sigma}$
3	14,731	0,145	3,881	114,454	9,583	38,316	7,780	1,584	1,062	8,366	0,260	-1,302	0,903	0,023	-2,297	0,982	0,005
5	14,919	0,126	2,976	145,266	11,261	29,871	7,161	0,937	1,134	8,267	0,269	-0,893	0,886	0,019	-1,919	0,987	0,004
7	15,031	0,112	2,342	176,245	12,446	24,538	6,879	0,639	1,222	8,228	0,254	-0,791	0,875	0,016	-1,634	0,990	0,003
9	15,089	0,089	2,287	207,657	11,919	22,987	6,679	0,437	1,330	8,175	0,229	-0,642	0,869	0,012	-1,666	0,992	0,003
11	15,141	0,085	1,788	238,198	13,235	18,394	6,568	0,321	1,464	8,148	0,220	-0,546	0,864	0,009	-1,516	0,994	0,000
13	15,171	0,074	1,654	269,602	12,404	17,095	6,444	0,257	1,346	8,121	0,201	-0,467	0,861	0,008	-1,501	0,995	0,000
15	15,203	0,068	1,330	299,670	13,538	13,442	6,379	0,223	1,260	8,100	0,194	-0,375	0,858	0,007	-1,182	0,996	0,000
17	15,228	0,057	1,150	329,427	12,001	12,684	6,311	0,179	1,190	8,083	0,180	-0,307	0,855	0,005	-1,095	0,997	0,000
19	15,244	0,047	1,061	360,157	11,546	10,522	6,257	0,150	1,060	8,058	0,142	-0,216	0,854	0,005	-0,796	0,998	0,000
21	15,259	0,040	0,854	390,650	11,026	8,253	6,206	0,122	0,885	8,050	0,124	-0,185	0,852	0,004	-0,678	0,999	0,000
23	15,271	0,033	0,661	421,172	10,212	5,922	6,167	0,098	0,704	8,040	0,112	-0,114	0,851	0,004	-0,420	0,999	0,000
25	15,283	0,023	0,455	451,577	7,618	3,947	6,130	0,076	0,421	8,035	0,083	-0,091	0,850	0,003	-0,294	1,000	0,000
27	15,293			481,648			6,098			8,028			0,849			1,000	
LA		-1 z 1			-1 z 1			-1 z			-1 z 1			-1 z 1			

$$\text{Média} = \hat{E}(\hat{\theta}) = \bar{\hat{\theta}} = \sum_{b=1}^B \hat{\theta}_b / B; \hat{\sigma} = \left[\sum_{b=1}^B (\hat{\theta}_b - \bar{\hat{\theta}})^2 / (B - 1) \right]^{1/2}; z = (\theta - \bar{\hat{\theta}}) / \hat{\sigma}; \text{LA} = \text{Limite de aceitação}; \hat{\theta} = \text{Estimativas associadas a } \hat{m}, \text{QMCGC, QMCEC, } \hat{V}_g,$$

R^2 e r para $s = 3, 5, 7, 9, 11, 13, 15, 17, 19, 21, 23$ e 25 ; θ = Estimativa associadas a $\hat{m}$, QMCGC, QMCEC, $\hat{V}_g$, R^2 e r para $s = s = 27$.

Quadro 11 - Estimativas associadas a $\hat{m}$, QMCGC, QMCEC, $\hat{V}_g$, R^2 e r para a variável d/a = 1,5, obtidas sob diferentes números de cruzamentos dialélicos (s) para um conjunto de 28 progenitores com base em 1000 simulações

	$\hat{m}$			QMCGC			QMCEC			$\hat{V}_g$			R^2			r	
s	Média	$\hat{\sigma}$	z	Média	$\hat{\sigma}$	Z	Média	$\hat{\sigma}$	z	Média	$\hat{\sigma}$	z	Média	$\hat{\sigma}$	z	Média	$\hat{\sigma}$
3	16,916	0,228	3,700	116,218	12,260	28,380	17,536	3,696	1,033	8,510	0,426	-1,818	0,808	0,046	-2,203	0,960	0,012
5	17,202	0,190	2,938	145,482	13,743	23,189	16,107	2,068	1,155	8,316	0,421	-1,377	0,776	0,035	-1,941	0,970	0,010
7	17,367	0,163	2,416	174,890	14,577	19,845	15,486	1,384	1,277	8,182	0,387	-1,150	0,756	0,028	-1,724	0,977	0,008
9	17,468	0,144	2,030	204,209	15,338	16,949	15,056	0,960	1,393	8,088	0,352	-1,002	0,743	0,022	-1,605	0,982	0,007
11	17,522	0,124	1,927	234,312	14,653	15,686	14,783	0,713	1,492	8,001	0,335	-0,792	0,735	0,017	-1,618	0,986	0,005
13	17,583	0,107	1,677	263,385	14,167	14,172	14,543	0,579	1,423	7,963	0,320	-0,709	0,728	0,014	-1,492	0,989	0,004
15	17,635	0,103	1,235	291,406	14,235	12,136	14,321	0,495	1,216	7,917	0,302	-0,599	0,723	0,012	-1,296	0,991	0,003
17	17,663	0,083	1,190	320,109	13,636	10,564	14,178	0,399	1,150	7,852	0,252	-0,458	0,719	0,010	-1,114	0,994	0,000
19	17,686	0,068	1,117	349,713	12,854	8,904	14,074	0,321	1,106	7,818	0,214	-0,384	0,716	0,009	-0,908	0,996	0,000
21	17,707	0,060	0,913	378,680	11,939	7,160	13,959	0,267	0,899	7,795	0,182	-0,321	0,713	0,008	-0,794	0,997	0,000
23	17,729	0,050	0,654	406,823	11,554	4,963	13,892	0,219	0,790	7,768	0,154	-0,205	0,710	0,007	-0,451	0,998	0,000
25	17,745	0,036	0,481	436,217	9,064	3,083	13,793	0,175	0,423	7,758	0,122	-0,181	0,709	0,005	-0,351	0,999	0,000
27	17,762			464,166			13,719			7,736			0,707			1,000	
LA		-1 z 1			-1 z 1			-1 z			-1 z 1			-1 z 1			

$$\text{Média} = \hat{E}(\hat{\theta}) = \bar{\hat{\theta}} = \sum_{b=1}^B \hat{\theta}_b / B; \hat{\sigma} = \left[\frac{\sum_{b=1}^B (\hat{\theta}_b - \bar{\hat{\theta}})^2}{(B-1)} \right]^{1/2}; z = (\theta - \bar{\hat{\theta}}) / \hat{\sigma}; \text{LA} = \text{Limite de aceitação}; \hat{\theta} = \text{Estimativas associadas a } \hat{m}, \text{ QMCGC, QMCEC, } \hat{V}_g,$$

R^2 e r para $s = 3, 5, 7, 9, 11, 13, 15, 17, 19, 21, 23$ e 25 ; θ = Estimativa associadas a $\hat{m}$, QMCGC, QMCEC, $\hat{V}_g$, R^2 e r para $s = s = 27$.

Quadro 12 - Estimativas associadas a $\hat{m}$, QMCGC, QMCEC, $\hat{V}_g$, R^2 e r para a variável d/a = 2,0, obtidas sob diferentes números de cruzamentos dialélicos (s) para um conjunto de 28 progenitores com base em 1000 simulações

	$\hat{m}$			QMCGC			QMCEC			$\hat{V}_g$			R^2			r	
s	Média	$\hat{\sigma}$	z	Média	$\hat{\sigma}$	z	Média	$\hat{\sigma}$	z	Média	$\hat{\sigma}$	z	Média	$\hat{\sigma}$	z	Média	$\hat{\sigma}$
3	19,104	0,294	3,829	119,273	15,020	21,827	31,023	6,359	1,043	8,796	0,616	-2,182	0,711	0,063	-2,296	0.930	0.020
5	19,488	0,257	2,881	147,735	17,375	17,231	28,674	3,933	1,089	8,468	0,597	-1,701	0,664	0,051	-1,885	0.947	0.018
7	19,707	0,204	2,561	174,949	17,692	15,384	27,462	2,442	1,257	8,217	0,557	-1,373	0,636	0,039	-1,784	0.959	0.014
9	19,827	0,191	2,110	203,148	17,381	14,038	26,696	1,642	1,403	8,054	0,474	-1,271	0,619	0,029	-1,773	0.967	0.013
11	19,919	0,164	1,897	230,940	17,406	12,420	26,227	1,257	1,460	7,924	0,437	-1,078	0,606	0,023	-1,672	0.974	0.011
13	19,990	0,148	1,616	257,796	17,993	10,523	25,782	1,023	1,359	7,810	0,423	-0,846	0,597	0,020	-1,451	0.980	0.009
15	20,046	0,128	1,438	284,718	17,156	9,467	25,508	0,907	1,230	7,713	0,373	-0,700	0,589	0,018	-1,246	0.985	0.008
17	20,098	0,113	1,170	311,377	16,159	8,401	25,222	0,762	1,089	7,648	0,329	-0,595	0,583	0,015	-1,064	0.989	0.005
19	20,127	0,093	1,103	339,225	15,191	7,103	25,033	0,582	1,101	7,589	0,284	-0,482	0,579	0,013	-0,905	0.992	0.003
21	20,163	0,078	0,848	366,324	14,323	5,642	24,852	0,476	0,966	7,558	0,240	-0,441	0,575	0,011	-0,698	0.994	0.000
23	20,186	0,065	0,665	393,039	13,416	4,032	24,698	0,398	0,769	7,508	0,210	-0,266	0,571	0,010	-0,448	0.996	0.000
25	20,210	0,045	0,442	419,936	10,959	2,481	24,539	0,294	0,500	7,475	0,165	-0,142	0,569	0,008	-0,247	0.998	0.000
27	20,230			447,127			24,392			7,452			0,567			1.000	
LA		-1 z 1			-1 z 1			-1 z			-1 z 1			-1 z 1			

$$\text{Média} = \hat{E}(\hat{\theta}) = \bar{\hat{\theta}} = \sum_{b=1}^B \hat{\theta}_b / B; \hat{\sigma} = \left[\sum_{b=1}^B (\hat{\theta}_b - \bar{\hat{\theta}})^2 / (B - 1) \right]^{1/2}; z = (\theta - \bar{\hat{\theta}}) / \hat{\sigma}; \text{LA} = \text{Limite de aceitação}; \hat{\theta} = \text{Estimativas associadas a } \hat{m}, \text{ QMCGC, QMCEC, } \hat{V}_g,$$

R^2 e r para $s = 3, 5, 7, 9, 11, 13, 15, 17, 19, 21, 23$ e 25 ; θ = Estimativa associadas a $\hat{m}$, QMCGC, QMCEC, $\hat{V}_g$, R^2 e r para $s = s = 27$.

Nos Quadros 8, 9, 10, 11 e 12, observa-se que com o aumento da relação d/a , os QMCEC's aumentaram. Notou-se também, que em média, o QMCEC aumentou à medida que o valor de s diminuiu, isto porque o valor de s usado para a sua estimação o torna inversamente proporcional a SQCEC. Deste modo, se numa análise de um dialelo completo, os efeitos de CEC forem não significativos, a utilização de um dialelo circulante com um valor de s bastante reduzido, pode resultar numa significância para os efeitos da CEC. No estudo realizado por DHILLON & SINGH (1978), para a característica umidade dos grãos na colheita, o problema foi semelhante. Logo, o QMCEC também não é um bom indicador da eficiência dos dialelos circulantes quando comparados ao dialelo completo.

Para o estimador $\hat{V}_g$, que representa a variação das estimativas de g_i , observa-se que com sobredominância (Quadros 11 e 12), ou seja, $d/a = 1,5$ e $d/a = 2,0$, a variação nos efeitos de CGC foi maior, a ponto de limitar o valor de s em 11 e 13, respectivamente, para a obtenção de boas estimativas. Deste modo, pode-se concluir que o grau de dominância de uma característica pode comprometer as estimativas de CGC.

No Quadro 8, para a variável hipotética com ausência de dominância, R^2 foi igual a 1 para todos os valores de s , onde os desvios de dominância não afetaram o efeito médio de substituição do gene e portanto, toda a variação genotípica foi de ação gênica aditiva. No entanto, a existência de variância aditiva não é uma indicação de que todos os genes agem aditivamente, isto é, não apresentem dominância e/ou epistasia.

Por outro lado, nas variáveis que apresentavam dominância (Quadros 9, 10, 11 e 12), houve uma tendência dos valores de R^2 diminuírem com o aumento da relação d/a , para um mesmo valor de s . Outra questão interessante, foi a redução das estimativas de R^2 com o aumento do número de cruzamentos, reflexo do aumento da SQCEC em função do aumento do valor de s e do aumento da relação d/a . Conforme o limite de aceitação ($-1 \leq z \leq 1$), os valores de s foram iguais a 15, 19, 19 e 19, para as relações d/a iguais a 0,5, 1,0, 1,5 e 2,0, respectivamente.

Neste estudo, o valor de R^2 expressava a proporção da variância total, nesse caso genotípica, que era atribuída ao efeito médio dos genes (variância aditiva). FALCONER (1987) comenta que a variância aditiva pode

provir de genes com qualquer grau de dominância ou epistasia, e somente quando toda a variância genotípica for aditiva, é que se poderá concluir que não haverá nem dominância e nem epistasia. Assim, o R^2 expressava uma suposta herdabilidade restrita.

DHILLON & SINGH (1978) e VEIGA (1998), também verificaram a influência da herdabilidade no número de cruzamentos por progenitor (s) nos dialelos circulantes, concluindo que para características com baixa herdabilidade e pequenos valores de s , o melhorista está mais sujeito a interpretações errôneas.

As correlações (r) entre os efeitos de CGC dos dialelos circulantes com o dialelo completo foram elevadas, em função dos efeitos de dominância terem sido minimizados pela frequência alélica média do dialelo igual a 0,52, o que não contribuiu para alterações bruscas sobre as estimativas de CGC, em relação aos diferentes valores de s .

Com base nesses resultados, pode-se inferir sobre os fatores que acarretam prejuízos nas estimativas dos efeitos da CGC e aqueles que também acarretam prejuízos nas estimativas dos efeitos da CEC. A frequência alélica do alelo favorável dos progenitores (p), a frequência alélica média do dialelo, e os efeitos dos desvios de dominância são os responsáveis diretos por estas alterações.

A redução do número de cruzamentos por progenitor pode acarretar prejuízos nas estimativas dos parâmetros genéticos, pois num programa de melhoramento a ausência das melhores combinações híbridas, isto é, a não realização de cruzamentos que por ventura sejam promissores, pode conduzir o melhorista a conclusões precipitadas a respeito dos melhores progenitores envolvidos no dialelo. Deste modo, se algumas considerações sobre os parâmetros genéticos das populações envolvidas no dialelo puderem ser interpretadas, então a redução do número de cruzamentos poderá ser feita de maneira mais consciente e sem acarretar prejuízos significativos sobre a escolha dos melhores progenitores e das melhores combinações híbridas.

4.2. Variável produção de espigas (t/ha)

Nessa segunda parte do trabalho, procurou-se verificar as conclusões obtidas anteriormente com dados de campo, nos quais os efeitos ambientais, epistasias e interações genótipo x ambiente são proeminentes em características quantitativas. Além disso, procurou-se determinar um valor de s satisfatório, que possibilite boas estimativas tanto de CGC quanto de CEC.

Com base nos dados apresentados no Quadro 13, observa-se que as estimativas da CGC, no geral, não sofreram prejuízos com a redução do número de cruzamentos, às exceções do $\hat{g}_6$, $\hat{g}_8$, $\hat{g}_{12}$, $\hat{g}_{15}$, $\hat{g}_{16}$, $\hat{g}_{17}$, $\hat{g}_{21}$ e $\hat{g}_{28}$, cujos valores do limite de aceitação indicaram valores de s iguais a 11, 7, 5, 7, 7, 7, 11 e 5, respectivamente. BRAY (1971) ressaltou que, dentre os inúmeros dialelos circulantes possíveis de serem formados, valores pequenos de s podem levar a conclusões erradas a respeito dos genótipos estudados. Nesse caso, provavelmente, boas estimativas dos efeitos de CGC para todos os progenitores, serão obtidas com valores de s iguais ou maiores que 11.

No Quadro 14, observa-se que o valor satisfatório de s foi igual a 19 para a média geral do dialelo ($\hat{m}$), de acordo com o limite de aceitação ($-1 \leq Z \leq 1$). Para valores de s menores que 19, pode-se inferir que a estimativa da média do dialelo foi inferior a um valor que representava a média dos progenitores e de todas as combinações híbridas.

Por outro lado, as estimativas das variâncias dos efeitos da CGC ($\hat{V}_g$) bem como os valores das correlações (r) não sofreram grandes alterações com a redução do número de cruzamentos (Quadro 14), em termos de média das 1000 simulações. Portanto, para estes parâmetros, um valor de s igual a 3 mostrou-se satisfatório para obter boas estimativas apenas para os efeitos de CGC. Porém, a análise das estimativas dos efeitos de CGC constatou que nem todos os g_i 's terão estimativas confiáveis para pequenos valores de s (Quadro 13).

Quadro 13 - Estimativas associadas aos efeitos da CGC obtidas sob diferentes números de cruzamentos dialélicos (s) para um conjunto de 28 progenitores com base em 1000 simulações, para a variável peso de espigas (t/ha)

s	$\bar{g}_1$	$\hat{\sigma}_1$	z_1	$\bar{g}_2$	$\hat{\sigma}_2$	z_2	$\bar{g}_3$	$\hat{\sigma}_3$	z_3	$\bar{g}_4$	$\hat{\sigma}_4$	z_4	$\bar{g}_5$	$\hat{\sigma}_5$	z_5
3	-0,853	0,197	0,311	-0,514	0,171	-0,085	-0,303	0,181	0,081	0,746	0,186	-0,746	0,162	0,173	-0,324
5	-0,817	0,186	0,139	-0,522	0,160	-0,043	-0,303	0,178	0,078	0,718	0,180	-0,615	0,161	0,170	-0,323
7	-0,812	0,184	0,112	-0,519	0,154	-0,061	-0,301	0,162	0,078	0,683	0,176	-0,426	0,141	0,167	-0,209
9	-0,795	0,170	0,017	-0,517	0,142	-0,083	-0,309	0,142	0,142	0,660	0,158	-0,332	0,140	0,148	-0,232
11	-0,794	0,146	0,015	-0,520	0,135	-0,068	-0,307	0,129	0,140	0,652	0,147	-0,300	0,129	0,136	-0,172
13	-0,793	0,133	0,007	-0,522	0,116	-0,056	-0,299	0,120	0,086	0,635	0,132	-0,208	0,132	0,126	-0,206
15	-0,790	0,113	-0,015	-0,526	0,109	-0,023	-0,297	0,108	0,081	0,628	0,124	-0,163	0,120	0,105	-0,129
17	-0,792	0,101	0,000	-0,523	0,095	-0,057	-0,294	0,098	0,055	0,628	0,108	-0,192	0,113	0,094	-0,075
19	-0,794	0,087	0,025	-0,523	0,084	-0,068	-0,297	0,081	0,100	0,621	0,090	-0,154	0,107	0,082	-0,011
21	-0,791	0,074	-0,003	-0,525	0,069	-0,057	-0,293	0,069	0,062	0,616	0,077	-0,117	0,107	0,068	-0,019
23	-0,795	0,060	0,047	-0,525	0,054	-0,077	-0,289	0,056	0,000	0,609	0,059	-0,023	0,103	0,054	0,054
25	-0,793	0,042	0,036	-0,529	0,037	0,000	-0,290	0,039	0,022	0,608	0,039	0,000	0,103	0,037	0,070
27	-0,792			-0,529			-0,289			0,608			0,106		
LA			-1 z 1			-1 z 1			-1 z 1			-1 z 1			-1 z 1

Quadro 13, Cont.

s	$\bar{g}_6$	$\hat{\sigma}_6$	z_6	$\bar{g}_7$	$\hat{\sigma}_7$	z_7	$\bar{g}_8$	$\hat{\sigma}_8$	z_8	$\bar{g}_9$	$\hat{\sigma}_9$	z_9	$\bar{g}_{10}$	$\hat{\sigma}_{10}$	z_{10}
3	0,978	0,171	-2,105	1,012	0,177	0,781	-0,081	0,148	-1,445	0,003	0,163	-0,910	-0,525	0,167	0,958
5	0,878	0,169	-1,540	1,047	0,175	0,589	-0,133	0,147	-1,096	-0,043	0,163	-0,629	-0,484	0,151	0,791
7	0,816	0,155	-1,277	1,072	0,162	0,480	-0,169	0,138	-0,915	-0,055	0,152	-0,597	-0,459	0,150	0,631
9	0,761	0,143	-1,000	1,089	0,148	0,409	-0,203	0,128	-0,714	-0,072	0,138	-0,536	-0,423	0,131	0,444
11	0,733	0,132	-0,867	1,100	0,136	0,368	-0,218	0,113	-0,676	-0,079	0,124	-0,532	-0,423	0,120	0,487
13	0,706	0,119	-0,741	1,117	0,120	0,275	-0,237	0,102	-0,563	-0,104	0,119	-0,344	-0,406	0,109	0,379
15	0,684	0,103	-0,642	1,130	0,114	0,173	-0,256	0,094	-0,410	-0,110	0,103	-0,348	-0,389	0,099	0,245
17	0,657	0,095	-0,407	1,134	0,100	0,155	-0,261	0,081	-0,416	-0,120	0,089	-0,280	-0,388	0,082	0,290
19	0,646	0,079	-0,349	1,138	0,084	0,141	-0,271	0,071	-0,332	-0,130	0,073	-0,217	-0,379	0,070	0,204
21	0,640	0,069	-0,318	1,137	0,068	0,192	-0,277	0,058	-0,311	-0,130	0,061	-0,251	-0,374	0,060	0,148
23	0,630	0,057	-0,201	1,142	0,055	0,137	-0,286	0,044	-0,199	-0,136	0,049	-0,196	-0,369	0,049	0,089
25	0,623	0,039	-0,114	1,145	0,040	0,110	-0,292	0,032	-0,096	-0,139	0,034	-0,181	-0,368	0,032	0,112
27	0,618			1,150			-0,295			-0,146			-0,365		
LA			-1 z 1			-1 z 1			-1 z 1			-1 z 1			-1 z 1

Quadro 13, Cont.

s	$\hat{g}_{11}$	$\hat{\sigma}_{11}$	z_{11}	$\hat{g}_{12}$	$\hat{\sigma}_{12}$	z_{12}	$\hat{g}_{13}$	$\hat{\sigma}_{13}$	z_{13}	$\hat{g}_{14}$	$\hat{\sigma}_{14}$	z_{14}	$\hat{g}_{15}$	$\hat{\sigma}_{15}$	z_{15}
3	0,062	0,155	0,889	0,216	0,175	-1,342	-0,313	0,178	-0,326	-1,187	0,198	-0,020	-0,042	0,187	1,664
5	0,107	0,158	0,588	0,150	0,173	-0,983	-0,337	0,182	-0,184	-1,203	0,191	0,061	0,046	0,181	1,238
7	0,118	0,151	0,547	0,107	0,155	-0,818	-0,337	0,178	-0,191	-1,189	0,183	-0,012	0,101	0,175	0,967
9	0,134	0,134	0,492	0,069	0,141	-0,631	-0,341	0,160	-0,190	-1,201	0,169	0,060	0,144	0,159	0,790
11	0,149	0,123	0,417	0,053	0,127	-0,578	-0,346	0,145	-0,170	-1,196	0,150	0,031	0,174	0,140	0,684
13	0,154	0,116	0,402	0,028	0,117	-0,415	-0,347	0,129	-0,182	-1,200	0,134	0,067	0,198	0,129	0,557
15	0,165	0,102	0,341	0,015	0,107	-0,330	-0,351	0,107	-0,183	-1,200	0,112	0,081	0,218	0,116	0,442
17	0,172	0,094	0,296	0,005	0,094	-0,261	-0,359	0,099	-0,117	-1,192	0,096	0,010	0,233	0,107	0,349
19	0,178	0,077	0,286	0,002	0,080	-0,274	-0,365	0,090	-0,065	-1,192	0,085	0,000	0,246	0,090	0,263
21	0,183	0,065	0,259	-0,005	0,068	-0,217	-0,365	0,075	-0,072	-1,191	0,072	-0,011	0,254	0,080	0,192
23	0,191	0,051	0,179	-0,007	0,054	-0,234	-0,367	0,057	-0,070	-1,190	0,057	-0,024	0,261	0,060	0,153
25	0,195	0,033	0,146	-0,015	0,038	-0,120	-0,370	0,039	-0,024	-1,190	0,042	-0,041	0,265	0,040	0,128
27	0,200			-0,020			-0,371			-1,191			0,270		
LA	-1 z 1			-1 z 1			-1 z 1			-1 z 1			-1 z 1		

Quadro 13, Cont.

s	$\hat{g}_{16}$	$\hat{\sigma}_{16}$	z_{16}	$\hat{g}_{17}$	$\hat{\sigma}_{17}$	z_{17}	$\hat{g}_{18}$	$\hat{\sigma}_{18}$	z_{18}	$\hat{g}_{19}$	$\hat{\sigma}_{19}$	z_{19}	$\hat{g}_{20}$	$\hat{\sigma}_{20}$	z_{20}
3	0,409	0,171	1,359	-0,296	0,181	-1,483	-0,376	0,161	-0,551	0,050	0,171	0,326	0,426	0,157	0,508
5	0,475	0,160	1,040	-0,371	0,186	-1,041	-0,391	0,163	-0,452	0,057	0,175	0,280	0,449	0,156	0,364
7	0,517	0,155	0,803	-0,418	0,172	-0,845	-0,414	0,149	-0,336	0,065	0,163	0,251	0,468	0,150	0,252
9	0,542	0,144	0,691	-0,451	0,161	-0,697	-0,429	0,136	-0,259	0,073	0,146	0,228	0,479	0,135	0,200
11	0,558	0,129	0,650	-0,475	0,148	-0,606	-0,439	0,125	-0,206	0,080	0,135	0,190	0,487	0,124	0,157
13	0,577	0,115	0,561	-0,489	0,130	-0,577	-0,436	0,113	-0,257	0,084	0,118	0,186	0,485	0,112	0,186
15	0,591	0,099	0,513	-0,504	0,117	-0,513	-0,446	0,098	-0,193	0,092	0,107	0,134	0,492	0,097	0,147
17	0,607	0,090	0,381	-0,529	0,107	-0,330	-0,451	0,089	-0,152	0,095	0,096	0,111	0,494	0,087	0,136
19	0,615	0,077	0,345	-0,537	0,086	-0,320	-0,454	0,073	-0,146	0,096	0,080	0,127	0,502	0,075	0,057
21	0,619	0,068	0,338	-0,548	0,075	-0,213	-0,457	0,065	-0,115	0,096	0,066	0,144	0,501	0,066	0,072
23	0,628	0,052	0,259	-0,554	0,059	-0,169	-0,459	0,050	-0,107	0,100	0,052	0,114	0,505	0,048	0,023
25	0,637	0,035	0,133	-0,557	0,040	-0,181	-0,460	0,034	-0,141	0,103	0,034	0,074	0,505	0,036	0,037
27	0,641			-0,564			-0,465			0,106			0,506		
LA			-1 z 1			-1 z 1			-1 z 1			-1 z 1			-1 z 1

Quadro 13, Cont.

s	$\bar{g}_{21}$	$\hat{\sigma}_{21}$	z_{21}	$\bar{g}_{22}$	$\hat{\sigma}_{22}$	z_{22}	$\bar{g}_{23}$	$\hat{\sigma}_{23}$	z_{23}	$\bar{g}_{24}$	$\hat{\sigma}_{24}$	z_{24}
3	0,683	0,148	2,097	0,659	0,145	0,217	-0,710	0,205	0,485	0,264	0,174	0,335
5	0,766	0,144	1,575	0,671	0,139	0,144	-0,686	0,196	0,385	0,278	0,187	0,238
7	0,822	0,135	1,262	0,680	0,131	0,083	-0,678	0,188	0,356	0,293	0,173	0,172
9	0,864	0,126	1,023	0,671	0,120	0,165	-0,654	0,177	0,242	0,302	0,157	0,133
11	0,896	0,116	0,836	0,681	0,107	0,096	-0,660	0,158	0,310	0,307	0,141	0,107
13	0,921	0,108	0,660	0,683	0,099	0,080	-0,640	0,148	0,201	0,312	0,135	0,079
15	0,933	0,090	0,654	0,687	0,087	0,042	-0,631	0,123	0,161	0,309	0,127	0,103
17	0,950	0,080	0,527	0,695	0,076	-0,049	-0,625	0,112	0,125	0,312	0,113	0,092
19	0,961	0,069	0,454	0,689	0,065	0,035	-0,616	0,095	0,057	0,316	0,095	0,064
21	0,969	0,056	0,418	0,688	0,055	0,047	-0,612	0,079	0,015	0,324	0,076	-0,017
23	0,978	0,044	0,329	0,687	0,044	0,097	-0,614	0,061	0,057	0,321	0,064	0,029
25	0,985	0,030	0,246	0,691	0,030	0,000	-0,612	0,043	0,031	0,321	0,043	0,040
27	0,993			0,691			-0,611			0,322		
LA			-1 z 1			-1 z 1			-1 z 1			-1 z 1

Quadro 13, Cont.

s	$\bar{g}_{25}$	$\hat{\sigma}_{25}$	z_{25}	$\bar{g}_{26}$	$\hat{\sigma}_{26}$	z_{26}	$\bar{g}_{27}$	$\hat{\sigma}_{27}$	z_{27}	$\bar{g}_{28}$	$\hat{\sigma}_{28}$	z_{28}
3	-1,491	0,156	0,997	0,123	0,174	-0,287	0,172	0,153	-0,045	0,724	0,176	-1,150
5	-1,460	0,154	0,809	0,114	0,168	-0,244	0,173	0,151	-0,048	0,661	0,175	-0,797
7	-1,426	0,141	0,640	0,100	0,160	-0,168	0,170	0,139	-0,034	0,626	0,162	-0,648
9	-1,399	0,132	0,484	0,096	0,144	-0,156	0,169	0,126	-0,030	0,601	0,145	-0,547
11	-1,384	0,116	0,419	0,090	0,131	-0,129	0,170	0,117	-0,041	0,581	0,132	-0,453
13	-1,376	0,107	0,382	0,087	0,117	-0,118	0,165	0,105	0,001	0,566	0,118	-0,382
15	-1,366	0,097	0,316	0,083	0,102	-0,099	0,161	0,093	0,048	0,557	0,107	-0,335
17	-1,351	0,088	0,176	0,074	0,089	-0,002	0,168	0,081	-0,035	0,548	0,094	-0,289
19	-1,348	0,075	0,170	0,081	0,074	-0,100	0,166	0,069	-0,016	0,542	0,078	-0,262
21	-1,347	0,065	0,190	0,081	0,060	-0,130	0,165	0,059	0,000	0,534	0,068	-0,191
23	-1,340	0,049	0,104	0,077	0,048	-0,085	0,166	0,046	-0,003	0,534	0,052	-0,243
25	-1,336	0,034	0,019	0,077	0,035	-0,099	0,166	0,033	-0,003	0,527	0,038	-0,156
27	-1,335			0,073			0,165			0,521		
LA			-1 z 1			-1 z 1			-1 z 1			-1 z 1

$$\hat{\sigma}_i = \left[\sum_{b=1}^B (\hat{g}_b - \bar{\hat{g}}_i)^2 / (B - 1) \right]^{1/2}; z_i = (g - \bar{\hat{g}}_i) / \hat{\sigma}_i; \text{LA} = \text{Limite de aceitação}; \bar{\hat{g}}_i = \sum_{b=1}^B \hat{g}_b / B, \text{ sendo } i = 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20,$$

21, 22, 23, 24, 25, 26, 27 e 28.

Quadro 14 - Estimativas associadas a $\hat{m}$, $\hat{V}_g$, R^2 e r para a variável produção de espigas (t/ha), obtidas sob diferentes números de cruzamentos dialélicos (s) para um conjunto de 28 progenitores com base em 1000 simulações

	$\hat{m}$			$\hat{V}_g$			R^2			r	
s	Média	$\hat{\sigma}$	z	Média	$\hat{\sigma}$	z	Média	$\hat{\sigma}$	z	Média	$\hat{\sigma}$
3	8,609	0,071	3,739	0,414	0,044	-0,797	0,695	0,041	-3,220	0,928	0,016
5	8,699	0,061	2,870	0,408	0,040	-0,722	0,653	0,036	-2,475	0,945	0,013
7	8,752	0,051	2,403	0,401	0,039	-0,567	0,628	0,033	-1,973	0,956	0,012
9	8,784	0,044	2,031	0,394	0,035	-0,426	0,609	0,029	-1,553	0,966	0,009
11	8,806	0,037	1,820	0,391	0,031	-0,403	0,598	0,026	-1,329	0,973	0,008
13	8,821	0,033	1,584	0,389	0,029	-0,344	0,591	0,023	-1,195	0,979	0,006
15	8,836	0,029	1,287	0,386	0,025	-0,289	0,583	0,021	-0,924	0,984	0,004
17	8,845	0,026	1,104	0,384	0,023	-0,232	0,579	0,019	-0,825	0,988	0,004
19	8,852	0,023	0,926	0,382	0,019	-0,178	0,574	0,015	-0,686	0,991	0,003
21	8,860	0,019	0,727	0,380	0,016	-0,107	0,571	0,013	-0,591	0,994	0,000
23	8,866	0,015	0,535	0,379	0,013	-0,052	0,568	0,010	-0,424	0,996	0,000
25	8,869	0,010	0,391	0,379	0,009	0,003	0,565	0,007	-0,273	0,998	0,000
27	8,874			0,379			0,563			1,000	0,000
LA			-1 z 1			-1 z 1			-1 z 1		

Média = $\hat{E}(\hat{\theta}) = \bar{\hat{\theta}} = \sum_{b=1}^B \hat{\theta}_b / B$; $\hat{\sigma} = \left[\sum_{b=1}^B (\hat{\theta}_b - \bar{\hat{\theta}})^2 / (B - 1) \right]^{1/2}$; $z = (\theta - \bar{\hat{\theta}}) / \hat{\sigma}$; LA = Limite de aceitação; $\hat{\theta}$ = Estimativas associadas a $\hat{m}$, QMCGC, QMCEC, $\hat{V}_g$,

R^2 e r para $s = 3, 5, 7, 9, 11, 13, 15, 17, 19, 21, 23$ e 25 ; θ = Estimativa associadas a $\hat{m}$, QMCGC, QMCEC, $\hat{V}_g$, R^2 e r para $s = s = 27$.

Para o estimador R^2 , quanto maior o número de cruzamentos, maior se torna a influência dos efeitos de dominância representados pela CEC. Portanto, na relação $SQCGC/(SQCGC + SQCEC)$, o aumento das combinações híbridas acarreta reduções nas estimativas de R^2 . Para este parâmetro, o limite aceitável de s foi igual a 15 (Quadro 14).

BRAY (1978) constatou que um número de cruzamentos por progenitor de 8 a 10 é suficiente para se obter estimativas confiáveis de CGC e CEC, para um número elevado de progenitores ($p = 101$) envolvidos no dialelo circulante. VEIGA (1998), concluiu que valores de s menores que $p/2$ são satisfatórios para gerarem estimativas dos efeitos de CGC e CEC confiáveis.

Porém, no presente trabalho, escolheu-se o valor de s igual a 19, com base no maior limite de aceitação de $\hat{m}$, pois dialelos circulantes com s menores que 19, podem não estar captando todos os efeitos dos cruzamentos perdidos, não proporcionando boas estimativas de CGC e CEC, quando comparadas com as obtidas no dialelo completo.

4.3. Dialelo circulante com $s = 19$ para a variável produção de espigas (t/ha)

Uma vez definido o número apropriado para o dialelo circulante de s igual a 19, procedeu-se uma simulação adicional de um dialelo circulante, o qual foi submetido às comparações com o dialelo completo em relação à análise dialélica, às estimativas de CGC e CEC e às predições dos híbridos.

4.3.1. Análises dialélicas

Pela análise de variância apresentada no Quadro 15, observa-se que os efeitos da CGC e CEC foram significativos no dialelo completo ($P < 0,01$), o que evidencia variabilidade tanto genética aditiva quanto não-aditiva.

Quadro 15 - Análise de variância do dialelo completo realizado por PACHECO (1997) para a variável produção de espigas (t/ha), segundo o método 2 e modelo 1 de GRIFFING (1956), envolvendo 28 progenitores de milho e seus 378 híbridos F₁'s avaliados em Sete Lagoas-MG, no ano agrícola de 1992/93.

FV	GL	QM	F ^{1/}
(Tratamentos)	(405)		
CGC	27	22,7194	28,1253**
CEC	378	1,2574	1,5566**
Resíduo	400	0,8078	
$\hat{\phi}_g$		0,7304	
$\hat{\phi}_s$		0,4496	
$\hat{\phi}_g / \hat{\phi}_s$		1,6245	

^{1/}Modelo fixo.

** significativo pelo teste F (P < 0,01).

VENCOVSKY & BARRIGA (1992) declaram que a CEC não acusa significância na ausência de dominância, todavia a recíproca é não verdadeira, ou seja, dominância, em vários graus, pode existir, como de fato existe, nos locos controladores de rendimento de grãos em milho. Sendo não significativa a CEC, somente pode-se certificar que os progenitores estudados não apresentam apreciável grau de complementação uns com os outros, em relação às frequências dos alelos nos locos com alguma dominância.

É importante também ressaltar a relação entre as estimativas dos componentes quadráticos da CGC ($\hat{\phi}_g$) e da CEC ($\hat{\phi}_s$). Nesse caso, os efeitos genéticos aditivos predominam sobre os efeitos genéticos devido à dominância ($\hat{\phi}_g / \hat{\phi}_s = 1,624$). Porém, é interessante salientar que PACHECO (1997), avaliando as mesmas populações em dez ambientes, obteve relações $\hat{\phi}_g / \hat{\phi}_s$ que variaram de 0,374 a 1,624, indicando que a expressão dos efeitos genéticos é bastante influenciada pelo ambiente. MATZINGER et al. (1959), sugeriram que estas relações entre os efeitos aditivos e não-aditivos são propriedades de cada população e de cada característica avaliada.

De acordo com a análise de variância do dialelo circulante apresentada no Quadro 16, observou-se que ocorreram variabilidades conferidas aos efeitos aditivos e aos efeitos não-aditivos ($P < 0,01$). Na relação entre os componentes quadráticos da CGC e CEC, os efeitos aditivos permaneceram predominantes aos efeitos não-aditivos ($\hat{\phi}_g / \hat{\phi}_s = 1,655$). Portanto, essa redução de 30% no número de cruzamentos não afetou a variabilidade genética dos progenitores estudados.

A importância da variância aditiva no controle gênico do caráter indica uma maior facilidade em termos de ganhos na seleção das progênes segregantes, resultantes da combinação entre os progenitores superiores. A significância atribuída aos efeitos não-aditivos indica a viabilidade do uso de cruzamentos, dentre os progenitores avaliados, para fins comerciais, fundamentada na manifestação do efeito heterótico nestas combinações híbridas.

4.3.2. Estimativas de CGC e CEC

No Quadro 17, são apresentadas as estimativas dos efeitos da CGC para o dialelo circulante e para o dialelo completo. Houve alta correlação (0,99) entre as estimativas da CGC dos dois dialelos. Considerando-se a seleção de 20% para os maiores efeitos de CGC, os seis melhores progenitores (7, 21, 22, 16, 6, 4) são os mesmos para os dois dialelos, bem como para os três progenitores com menores CGC's (25, 14 e 1).

No Quadro 18, as estimativas dos efeitos da CEC de um progenitor com ele mesmo ($\hat{s}_{ii}$) também foram submetidas às comparações, já que se trata de um importante parâmetro para a discriminação da divergência genética de um progenitor em relação aos demais e determina a direção dos desvios de dominância. A correlação entre os $\hat{s}_{ii}$'s dos dois dialelos foi elevada (0,97).

Quadro 16 - Análise de variância da produção de grãos (t/ha) de 28 progenitores de milho e de seus 266 híbridos F_1 's em um dialelo circulante com s igual a 19

FV	GL	QM	F ^{1/}
(Tratamentos)	(293)		
CGC	27	18,5016	22,9038**
CEC	266	1,3141	1,6268**
Resíduo	400	0,8078	
$\hat{\phi}_g$		0,8381	
$\hat{\phi}_s$		0,5063	
$\hat{\phi}_g / \phi_s$		1,6553	

^{1/}Modelo fixo.

** significativo pelo teste F (P < 0,01).

Os seis primeiros progenitores de maiores valores absolutos de $\hat{s}_{ii}$ para o dialelo completo foram os progenitores 21, 15, 16, 25, 10 e 7. No dialelo circulante, o progenitor 10 foi substituído pelo 23, ocorrendo uma coincidência de 83,33%.

CRUZ & VENCOVSKY (1989) e PACHECO (1997) estabeleceram importantes comparações entre a metodologia de GARDNER & EBERHART (1966) com a de GRIFFING (1956) para o efeito $\hat{s}_{ii}$. Os autores descreveram a importância da média dos $\hat{s}_{ii}$'s, por ter interpretação simétrica à da heterose média ($\bar{h}$), mostrando que o valor dos desvios da dominância e da variância da frequência gênica do dialelo para o caráter estudado, está diretamente relacionada aos valores de $\hat{s}_{ii}$'s para cada população, cuja variação é devida somente à heterose varietal.

Quadro 17 - Estimativas dos efeitos da CGC de 28 progenitores de milho de um dialelo circulante com s igual a 19 e do dialelo completo

Progenitor	Dialelo Circulante	Dialelo Completo
01 – CMS 1(Mezcla Amarilla)	-0,932	-0,792
02 – CMS 2 (Antigua x Vera Cruz)	-0,555	-0,529
03 – CMS 3 (Amarillo Cristalino)	-0,242	-0,289
04 – CMS 4N (Amarillo Dentado N)	0,732	0,608
05 – CMS 4C (Amarillo Dentado C)	0,090	0,106
06 – BR 105 (Suwan DMR)	0,751	0,618
07 – BR 106	1,147	1,150
08 – BR107	-0,217	-0,295
09 – BR 111 (Pool 21)	-0,257	-0,146
10 – BR 112 (Pool 22)	-0,444	-0,365
11 – CMS 14C (Pool 25)	0,210	0,200
12 – CMS 15 (Pool 26)	0,072	-0,020
13 – CMS 22 (Amarillo del Bajio)	-0,379	-0,371
14 – CMS 23 (Antig x Rep. Dominicana)	-1,263	-1,191
15 – BR 126	0,248	0,270
16 – CMS 28	0,641	0,641
17 – CMS 29 (A. del Bajio x Templados)	-0,614	-0,564
18 – CMS 30	-0,527	-0,465
19 – BR 136	0,052	0,106
20 – CMS 39	0,545	0,506
21 – CMS 50	1,093	0,993
22 – Sintético Elite	0,668	0,691
23 – África do Sul ph4	-0,505	-0,611
24 – Cunha	0,385	0,322
25 – BA III – Tusón	-1,283	-1,335
26 – Composto Saracura	0,025	0,073
27 – Nitroflint	0,068	0,165
28 – Nitrodent	0,489	0,521

Quadro 18 - Estimativas dos efeitos de s_{ij} de 28 progenitores de milho de um dialelo circulante com s igual a 19 e de um dialelo completo

Progenitor	Dialelo Circulante	Dialelo Completo
01 – CMS 1(Mezcla Amarilla)	-0,959	-0,616
02 – CMS 2 (Antigua x Vera Cruz)	-0,693	-0,577
03 – CMS 3 (Amarillo Cristalino)	-0,753	-0,783
04 – CMS 4N (Amarillo Dentado N)	-0,196	-0,380
05 – CMS 4C (Amarillo Dentado C)	-0,555	-0,460
06 – BR 105 (Suwan DMR)	0,514	0,313
07 – BR 106	-1,237	-1,168
08 – BR107	0,047	-0,045
09 – BR 111 (Pool 21)	-0,227	0,061
10 – BR 112 (Pool 22)	-1,299	-1,077
11 – CMS 14C (Pool 25)	-1,208	-1,164
12 – CMS 15 (Pool 26)	0,136	0,016
13 – CMS 22 (Amarillo del Bajio)	-0,496	-0,416
14 – CMS 23 (Antig x Rep. Dominicana)	-0,751	-0,543
15 – BR 126	-1,823	-1,716
16 – CMS 28	-1,585	-1,520
17 – CMS 29 (A. del Bajio x Templados)	0,177	0,341
18 – CMS 30	-0,395	-0,206
19 – BR 136	-0,948	-0,776
20 – CMS 39	-1,033	-1,046
21 – CMS 50	-1,909	-2,045
22 – Sintético Elite	-0,862	-0,753
23 – África do Sul ph4	-1,056	-1,203
24 – Cunha	-0,954	-1,015
25 – BA III – Tusón	-1,321	-1,362
26 – Composto Saracura	-0,554	-0,394
27 – Nitroflint	-0,685	-0,426
28 – Nitrodent	-0,002	0,126

No Quadro 19 estão apresentadas as estimativas de 266 CEC's para o dialelo completo e circulante. Entre os $\hat{s}_{ij}$'s, a correlação também foi alta (0,99), indicando boas estimativas obtidas no dialelo circulante com s igual a 19. Para a estimativa dessa correlação, somente foram incluídos os $\hat{s}_{ij}$'s estimados com base nos cruzamentos realizados no dialelo circulante.

Quadro 19 - Estimativas dos efeitos da CEC entre 28 progenitores de milho de um dialelo circulante com s igual a 19 e de um dialelo completo

P _i	P _j	Circ.	Comp.	P _i	P _j	Circ.	Comp.	P _i	P _j	Circ.	Comp.
1	2	-	0,791	2	8	0,400	0,389	3	15	0,742	0,704
1	3	-	1,366	2	9	0,260	0,058	3	16	0,616	0,598
1	4	-	0,333	2	10	0,714	0,545	3	17	0,428	0,361
1	5	-	0,398	2	11	0,478	0,398	3	18	0,268	0,189
1	6	-0,504	-0,575	2	12	-1,352	-1,350	3	19	1,097	1,026
1	7	0,179	-0,027	2	13	-1,013	-1,111	3	20	-0,289	-0,267
1	8	-1,830	-1,955	2	14	0,688	0,527	3	21	1,120	1,204
1	9	-0,333	-0,649	2	15	-1,477	-1,589	3	22	-1,339	-1,378
1	10	0,173	-0,110	2	16	0,215	0,125	3	23	0,543	0,632
1	11	-0,545	-0,738	2	17	0,205	0,065	3	24	-0,125	-0,080
1	12	0,567	0,455	2	18	0,647	0,495	3	25	0,319	0,355
1	13	-1,371	-1,582	2	19	-0,999	-1,142	3	26	-0,741	-0,806
1	14	0,257	-0,019	2	20	0,559	0,508	3	27	-	-0,115
1	15	1,422	1,197	2	21	-0,187	-0,177	3	28	-	0,583
1	16	-0,385	-0,589	2	22	0,179	0,066	4	5	-	-0,299
1	17	-0,852	-1,106	2	23	0,492	0,508	4	6	-	0,168
1	18	0,265	-0,001	2	24	0,810	0,782	4	7	-	-0,921
1	19	1,230	0,973	2	25	-0,223	-0,260	4	8	-	-0,886
1	20	-0,097	-0,262	2	26	-	1,208	4	9	-0,264	-0,316
1	21	0,506	0,403	2	27	-	0,045	4	10	0,493	0,475
1	22	0,480	0,254	2	28	-	0,655	4	11	1,102	1,173
1	23	0,936	0,837	3	4	-	-1,037	4	12	-0,351	-0,198
1	24	1,131	0,990	3	5	-	0,303	4	13	-0,856	-0,804
1	25	-	-0,440	3	6	-	-0,276	4	14	0,609	0,597
1	26	-	0,413	3	7	-	-0,907	4	15	-0,912	-0,873
1	27	-	0,672	3	8	-0,767	-0,706	4	16	1,321	1,381
1	28	-	0,892	3	9	0,175	0,046	4	17	-0,006	0,004
2	3	-	0,335	3	10	-0,453	-0,549	4	18	-0,280	-0,282
2	4	-	0,724	3	11	0,731	0,724	4	19	1,230	1,237
2	5	-	-1,154	3	12	-0,937	-0,861	4	20	0,028	0,127
2	6	-	-0,719	3	13	-0,864	-0,888	4	21	0,874	1,034
2	7	0,757	0,665	3	14	1,043	0,954	4	22	-0,289	-0,251

Quadro 19, cont.

P _i	P _j	Circ.	Comp.	P _i	P _j	Circ.	Comp.	P _i	P _j	Circ.	Comp.
4	23	-2,133	-1,967	6	10	-	-0,719	7	21	-0,181	-0,147
4	24	-0,482	-0,359	6	11	0,199	0,278	7	22	0,269	0,180
4	25	0,750	0,863	6	12	-0,693	-0,533	7	23	-0,237	-0,198
4	26	-0,900	-0,887	6	13	1,317	1,378	7	24	0,877	0,873
4	27	0,824	0,787	6	14	0,549	0,546	7	25	-1,310	-1,324
4	28	-	0,568	6	15	-0,687	-0,641	7	26	0,547	0,433
5	6	-	0,978	6	16	-1,174	-1,106	7	27	1,476	1,312
5	7	-	1,404	6	17	-0,974	-0,956	7	28	1,643	1,545
5	8	-	-0,124	6	18	0,186	0,192	8	9	-	0,335
5	9	-	0,281	6	19	0,034	0,048	8	10	-	0,567
5	10	0,117	-0,041	6	20	-1,074	-0,967	8	11	-	0,480
5	11	-0,804	-0,873	6	21	-0,007	0,162	8	12	-	-0,211
5	12	0,793	0,805	6	22	-0,586	-0,540	8	13	1,141	1,147
5	13	-0,999	-1,086	6	23	-0,205	-0,031	8	14	-0,230	-0,287
5	14	-0,347	-0,499	6	24	2,075	2,206	8	15	0,361	0,353
5	15	0,199	0,097	6	25	0,897	1,018	8	16	0,113	0,126
5	16	0,968	0,888	6	26	0,224	0,244	8	17	0,557	0,521
5	17	-1,916	-2,046	6	27	-0,041	-0,070	8	18	-0,333	-0,381
5	18	-0,079	-0,221	6	28	-0,160	-0,123	8	19	0,055	0,015
5	19	0,935	0,802	7	8	-	0,037	8	20	0,390	0,442
5	20	0,186	0,145	7	9	-	1,110	8	21	-0,843	-0,728
5	21	-0,476	-0,455	7	10	-	0,159	8	22	-0,148	-0,156
5	22	-0,337	-0,439	7	11	-	0,881	8	23	-0,445	-0,326
5	23	0,789	0,814	7	12	-0,619	-0,594	8	24	0,740	0,817
5	24	0,647	0,630	7	13	0,272	0,198	8	25	0,465	0,532
5	25	0,072	0,045	7	14	-1,403	-1,542	8	26	0,436	0,402
5	26	0,977	0,850	7	15	-0,788	-0,876	8	27	-0,331	-0,414
5	27	-0,375	-0,552	7	16	0,429	0,362	8	28	0,358	0,340
5	28	0,570	0,459	7	17	0,992	0,875	9	10	-	-0,155
6	7	-	-0,183	7	18	-0,571	-0,700	9	11	-	1,006
6	8	-	-0,422	7	19	-0,440	-0,560	9	12	-	0,514
6	9	-	-0,385	7	20	0,445	0,417	9	13	-	1,307

Quadro 19, cont.

P _i	P _j	Circ.	Comp.	P _i	P _j	Circ.	Comp.	P _i	P _j	Circ.	Comp.
9	14	-0,738	-0,986	10	28	-0,961	-1,136	12	27	-0,637	-0,706
9	15	2,007	1,810	11	12	-	-1,099	12	28	-0,447	-0,450
9	16	-0,111	-0,287	11	13	-	-0,210	13	14	-	-0,472
9	17	0,306	0,080	11	14	-	-0,301	13	15	-	-0,478
9	18	0,308	0,070	11	15	-	-0,756	13	16	-	0,343
9	19	-0,201	-0,431	11	16	-0,679	-0,734	13	17	-	-0,100
9	20	-0,273	-0,410	11	17	-0,693	-0,797	13	18	1,094	0,960
9	21	-0,270	-0,346	11	18	1,320	1,204	13	19	0,579	0,454
9	22	-0,157	-0,355	11	19	0,487	0,380	13	20	0,221	0,188
9	23	0,324	0,254	11	20	-0,982	-0,997	13	21	0,186	0,214
9	24	-1,442	-1,555	11	21	0,090	0,137	13	22	0,195	0,101
9	25	-0,421	-0,544	11	22	0,608	0,532	13	23	-0,052	-0,018
9	26	-0,463	-0,687	11	23	-0,493	-0,442	13	24	-0,888	-0,897
9	27	0,514	0,240	11	24	0,178	0,187	13	25	0,508	0,489
9	28	0,657	0,449	11	25	-0,255	-0,257	13	26	0,687	0,568
10	11	-	0,992	11	26	-0,081	-0,183	13	27	1,000	0,831
10	12	-	-0,119	11	27	0,476	0,325	13	28	-0,324	-0,427
10	13	-	1,391	11	28	1,191	1,106	14	15	-	1,071
10	14	-	1,081	12	13	-	-0,502	14	16	-	0,547
10	15	0,871	0,706	12	14	-	0,331	14	17	-	1,113
10	16	0,097	-0,046	12	15	-	0,606	14	18	-	-0,563
10	17	0,052	-0,142	12	16	-	-0,404	14	19	-1,717	-1,906
10	18	0,411	0,206	12	17	-0,222	-0,244	14	20	0,970	0,873
10	19	-0,116	-0,313	12	18	1,158	1,124	14	21	0,978	0,942
10	20	-0,114	-0,218	12	19	0,455	0,429	14	22	0,267	0,108
10	21	1,380	1,337	12	20	1,793	1,860	14	23	-0,033	-0,063
10	22	-0,497	-0,663	12	21	0,651	0,779	14	24	-1,091	-1,165
10	23	0,822	0,785	12	22	0,529	0,534	14	25	0,943	0,860
10	24	-0,732	-0,812	12	23	0,373	0,506	14	26	1,102	0,918
10	25	-0,313	-0,403	12	24	-0,416	-0,325	14	27	-0,516	-0,749
10	26	0,174	-0,017	12	25	0,250	0,330	14	28	-0,246	-0,414
10	27	0,037	-0,203	12	26	-0,929	-0,949	15	16	-	-0,129

Quadro 19, cont.

P _i	P _j	Circ.	Comp.	P _i	P _j	Circ.	Comp.	P _i	P _j	Circ.	Comp.
15	17	-	-0,211	17	24	0,734	0,682	20	27	-0,430	-0,554
15	18	-	0,948	17	25	-0,148	-0,209	20	28	0,020	-0,037
15	19	-	0,627	17	26	-0,301	-0,463	21	22	-	-0,047
15	20	-0,766	-0,813	17	27	-0,480	-0,692	21	23	-	-1,210
15	21	0,434	0,448	17	28	-0,420	-0,566	21	24	-	-0,900
15	22	1,002	0,894	18	19	-	-0,075	21	25	-	0,580
15	23	1,606	1,626	18	20	-	0,147	21	26	0,397	0,385
15	24	0,035	0,012	18	21	-	0,167	21	27	-0,322	-0,384
15	25	-0,621	-0,654	18	22	-	-0,362	21	28	0,179	0,184
15	26	0,024	-0,110	18	23	-0,634	-0,655	22	23	-	0,550
15	27	-0,783	-0,967	18	24	-0,723	-0,787	22	24	-	0,400
15	28	0,763	0,645	18	25	-0,500	-0,574	22	25	-	0,121
16	17	-	0,014	18	26	-1,277	-1,451	22	26	-	0,380
16	18	-	0,792	18	27	-0,089	-0,313	22	27	-0,128	-0,312
16	19	-	0,406	18	28	-0,760	-0,918	22	28	0,938	0,819
16	20	-	-0,351	19	20	-	-0,229	23	24	-	-1,336
16	21	-0,422	-0,386	19	21	-	0,582	23	25	-	-1,579
16	22	-0,188	-0,275	19	22	-	-0,624	23	26	-	1,020
16	23	0,374	0,415	19	23	-	1,005	23	27	-	0,358
16	24	0,560	0,558	19	24	0,141	0,085	23	28	-0,972	-0,962
16	25	1,730	1,718	19	25	-0,095	-0,160	24	25	-	0,289
16	26	0,441	0,328	19	26	-0,359	-0,525	24	26	-	-0,639
16	27	0,711	0,549	19	27	-0,058	-0,273	24	27	-	1,526
16	28	-1,576	-1,672	19	28	-0,706	-0,855	24	28	-	0,409
17	18	-	1,579	20	21	-	-0,093	25	26	-	0,228
17	19	-	0,920	20	22	-	1,616	25	27	-	0,848
17	20	-	-1,081	20	23	-	0,250	25	28	-	0,073
17	21	-	0,134	20	24	-	0,316	26	27	-	0,521
17	22	0,707	0,570	20	25	0,675	0,702	26	28	-	-0,826
17	23	1,349	1,340	20	26	0,829	0,756	27	28	-	-0,340

P_i = Progenitor i; P_j = Progenitor j; Circ. = Diaelo circulante com s = 19 e Comp. = Diaelo completo.

Adotando-se o critério de seleção de 20%, o que inclui os 54 híbridos que apresentaram os maiores $\hat{s}_{ij}$, 22 possuíam pelo menos um dos progenitores selecionados com base nas estimativas da CGC obtidas no dialelo completo (4x11, 4x16, 4x 9, 4x21, 4x25, 4x27, 6x13, 6x24, 6x25, 7x2, 7x17, 7x24, 7x27, 7x28, 16x5, 16x25, 21x3, 21x10, 21x12, 21x14, 22x15 e 22x28) . Apenas o $\hat{s}_{ij}$ do cruzamento 12x21 não estava presente no dialelo circulante, ocorrendo uma coincidência de 95,45%. CRUZ & REGAZZI (2001) enunciam que na prática, interessa ao melhorista a CEC mais favorável que envolva pelo menos um dos progenitores que tenha apresentado o mais favorável efeito da CGC. Assim, o $\hat{s}_{ij}$ é definido como o desvio de um híbrido em relação ao esperado com base na CGC de seus progenitores. Baixos valores de $\hat{s}_{ij}$ indicam que os híbridos F_1 's em questão comportam-se como esperado com base nos efeitos da CGC de seus progenitores. Altos valores absolutos de $\hat{s}_{ij}$ demonstram que o comportamento de um cruzamento particular é melhor ou pior do que o esperado com base na CGC de seus progenitores. Porém, o $\hat{s}_{ij}$ importante para o melhorista, será aquele resultante do cruzamento entre dois progenitores, cujos $\hat{g}_i$ e $\hat{g}_j$ estejam contemplando os potenciais homozigóticos e heterozigóticos e que ainda apresentem boa complementação gênica.

4.3.3. Predição de híbridos

O Quadro 20 apresenta as médias dos híbridos do dialelo completo e do dialelo circulante. A correlação entre as médias de todos os híbridos do dialelo circulante com as do dialelo completo foi de 0,93. Todas as combinações híbridas preditas foram superiores à média dos valores aditivos dos progenitores envolvidos no cruzamento $(P_i + P_j)/2$.

Quadro 20 - Médias dos híbridos e dos valores médios preditos (entre parêntese) para os híbridos não avaliados no dialelo circulante com s igual a 19 e médias dos 378 híbridos avaliados no dialelo completo de 28 progenitores de milho, para peso de espigas (t/ha)

Híbridos	Circ.	Comp.	Híbridos	Circ.	Comp.	Híbridos	Circ.	Comp.
1 - 2	(7,323)	8,344	2 - 8	8,439	8,439	3 - 15	9,558	9,558
1 - 3	(7,636)	9,159	2 - 9	8,257	8,257	3 - 16	9,824	9,824
1 - 4	(8,610)	9,023	2 - 10	8,525	8,525	3 - 17	8,381	8,381
1 - 5	(7,968)	8,586	2 - 11	8,943	8,943	3 - 18	8,309	8,309
1 - 6	8,125	8,125	2 - 12	6,975	6,975	3 - 19	9,717	9,717
1 - 7	9,204	9,204	2 - 13	6,863	6,863	3 - 20	8,824	8,824
1 - 8	5,832	5,832	2 - 14	7,680	7,680	3 - 21	10,781	10,781
1 - 9	7,287	7,287	2 - 15	7,026	7,026	3 - 22	7,897	7,897
1 - 10	7,607	7,607	2 - 16	9,111	9,111	3 - 23	8,606	8,606
1 - 11	7,544	7,544	2 - 17	7,846	7,846	3 - 24	8,827	8,827
1 - 12	8,517	8,517	2 - 18	8,375	8,375	3 - 25	7,604	7,604
1 - 13	6,129	6,129	2 - 19	7,308	7,308	3 - 26	7,852	7,852
1 - 14	6,872	6,872	2 - 20	9,359	9,359	3 - 27	(8,635)	8,635
1 - 15	9,548	9,548	2 - 21	9,160	9,160	3 - 28	(9,057)	9,689
1 - 16	8,134	8,134	2 - 22	9,102	9,102	4 - 5	(9,632)	9,288
1 - 17	6,412	6,412	2 - 23	8,242	8,242	4 - 6	(10,292)	10,267
1 - 18	7,616	7,616	2 - 24	9,449	9,449	4 - 7	(10,689)	9,710
1 - 19	9,160	9,160	2 - 25	6,749	6,749	4 - 8	(9,325)	8,301
1 - 20	8,326	8,326	2 - 26	(8,280)	9,626	4 - 9	9,020	9,020
1 - 21	9,477	9,477	2 - 27	(8,323)	8,555	4 - 10	9,591	9,591
1 - 22	9,026	9,026	2 - 28	(8,744)	9,521	4 - 11	10,854	10,854
1 - 23	8,308	8,308	3 - 4	(9,300)	8,155	4 - 12	9,263	9,263
1 - 24	9,394	9,394	3 - 5	(8,658)	8,994	4 - 13	8,306	8,306
1 - 25	(6,595)	6,306	3 - 6	(9,318)	8,927	4 - 14	8,887	8,887
1 - 26	(7,903)	8,568	3 - 7	(9,715)	8,827	4 - 15	8,878	8,878
1 - 27	(7,946)	8,919	3 - 8	7,584	7,584	4 - 16	11,503	11,503
1 - 28	(8,367)	9,495	3 - 9	8,486	8,486	4 - 17	8,921	8,921
2 - 3	(8,013)	8,391	3 - 10	7,671	7,671	4 - 18	8,735	8,735
2 - 4	(8,987)	9,677	3 - 11	9,509	9,509	4 - 19	10,823	10,823
2 - 5	(8,345)	7,297	3 - 12	7,703	7,703	4 - 20	10,114	10,114
2 - 6	(9,006)	8,244	3 - 13	7,325	7,325	4 - 21	11,508	11,508
2 - 7	10,160	10,160	3 - 14	8,347	8,347	4 - 22	9,921	9,921

Quadro 20, cont.

Híbridos	Circ.	Comp.	Híbridos	Circ.	Comp.	Híbridos	Circ.	Comp.
4 - 23	6,903	6,903	6 - 10	(9,117)	8,408	7 - 21	10,869	10,869
4 - 24	9,444	9,444	6 - 11	9,970	9,970	7 - 22	10,894	10,894
4 - 25	9,009	9,009	6 - 12	8,939	8,939	7 - 23	9,214	9,214
4 - 26	8,667	8,667	6 - 13	10,498	10,498	7 - 24	11,219	11,219
4 - 27	10,433	10,433	6 - 14	8,846	8,846	7 - 25	7,364	7,364
4 - 28	(10,031)	10,571	6 - 15	9,121	9,121	7 - 26	10,529	10,529
5 - 6	(9,651)	10,575	6 - 16	9,027	9,027	7 - 27	11,501	11,501
5 - 7	(10,047)	11,534	6 - 17	7,972	7,972	7 - 28	12,090	12,090
5 - 8	(8,683)	8,561	6 - 18	9,219	9,219	8 - 9	(8,336)	8,768
5 - 9	(8,643)	9,115	6 - 19	9,646	9,646	8 - 10	(8,149)	8,781
5 - 10	8,574	8,574	6 - 20	9,031	9,031	8 - 11	(8,803)	9,259
5 - 11	8,306	8,306	6 - 21	10,646	10,646	8 - 12	(8,665)	8,348
5 - 12	9,765	9,765	6 - 22	9,643	9,643	8 - 13	9,355	9,355
5 - 13	7,522	7,522	6 - 23	8,850	8,850	8 - 14	7,100	7,100
5 - 14	7,289	7,289	6 - 24	12,020	12,020	8 - 15	9,202	9,202
5 - 15	9,346	9,346	6 - 25	9,174	9,174	8 - 16	9,346	9,346
5 - 16	10,509	10,509	6 - 26	9,809	9,809	8 - 17	8,536	8,536
5 - 17	6,370	6,370	6 - 27	9,587	9,587	8 - 18	7,733	7,733
5 - 18	8,294	8,294	6 - 28	9,890	9,890	8 - 19	8,700	8,700
5 - 19	9,887	9,887	7 - 8	(9,740)	9,765	8 - 20	9,527	9,527
5 - 20	9,631	9,631	7 - 9	(9,700)	10,988	8 - 21	8,843	8,843
5 - 21	9,517	9,517	7 - 10	(9,513)	9,818	8 - 22	9,113	9,113
5 - 22	9,232	9,232	7 - 11	(10,167)	11,105	8 - 23	7,642	7,642
5 - 23	9,183	9,183	7 - 12	9,410	9,410	8 - 24	9,718	9,718
5 - 24	9,932	9,932	7 - 13	9,850	9,850	8 - 25	7,776	7,776
5 - 25	7,690	7,690	7 - 14	7,290	7,290	8 - 26	9,054	9,054
5 - 26	9,903	9,903	7 - 15	9,416	9,416	8 - 27	8,330	8,330
5 - 27	8,593	8,593	7 - 16	11,027	11,027	8 - 28	9,440	9,440
5 - 28	9,960	9,960	7 - 17	10,335	10,335	9 - 10	(8,108)	8,208
6 - 7	(10,708)	10,459	7 - 18	8,859	8,859	9 - 11	(8,762)	9,934
6 - 8	(9,344)	8,775	7 - 19	9,569	9,569	9 - 12	(8,624)	9,222
6 - 9	(9,303)	8,961	7 - 20	10,947	10,947	9 - 13	(8,174)	9,664

Quadro 20, cont.

Híbridos	Circ.	Comp.	Híbridos	Circ.	Comp.	Híbridos	Circ.	Comp.
9 - 14	6,550	6,550	10 - 28	7,894	7,894	12 - 27	8,313	8,313
9 - 15	10,807	10,807	11 - 12	(9,092)	7,955	12 - 28	8,924	8,924
9 - 16	9,082	9,082	11 - 13	(8,641)	8,492	13 - 14	(7,168)	6,840
9 - 17	8,243	8,243	11 - 14	(7,757)	7,582	13 - 15	(8,679)	8,294
9 - 18	8,333	8,333	11 - 15	(9,268)	8,587	13 - 16	(9,072)	9,487
9 - 19	8,403	8,403	11 - 16	8,981	8,981	13 - 17	(7,817)	7,839
9 - 20	8,824	8,824	11 - 17	7,713	7,713	13 - 18	8,998	8,998
9 - 21	9,375	9,375	11 - 18	9,813	9,813	13 - 19	9,062	9,062
9 - 22	9,063	9,063	11 - 19	9,559	9,559	13 - 20	9,196	9,196
9 - 23	8,371	8,371	11 - 20	8,582	8,582	13 - 21	9,709	9,709
9 - 24	7,495	7,495	11 - 21	10,203	10,203	13 - 22	9,294	9,294
9 - 25	6,849	6,849	11 - 22	10,297	10,297	13 - 23	7,874	7,874
9 - 26	8,115	8,115	11 - 23	8,021	8,021	13 - 24	7,928	7,928
9 - 27	9,134	9,134	11 - 24	9,583	9,583	13 - 25	7,657	7,657
9 - 28	9,698	9,698	11 - 25	7,482	7,482	13 - 26	9,144	9,144
10 - 11	(8,576)	9,701	11 - 26	8,964	8,964	13 - 27	9,499	9,499
10 - 12	(8,438)	8,370	11 - 27	9,564	9,564	13 - 28	8,597	8,597
10 - 13	(7,987)	9,529	11 - 28	10,701	10,701	14 - 15	(7,794)	9,023
10 - 14	(7,103)	8,398	12 - 13	(8,503)	7,980	14 - 16	(8,187)	8,871
10 - 15	9,485	9,485	12 - 14	(7,618)	7,993	14 - 17	(6,932)	8,232
10 - 16	9,104	9,104	12 - 15	(9,129)	9,729	14 - 18	(7,019)	6,654
10 - 17	7,803	7,803	12 - 16	(9,522)	9,091	14 - 19	5,882	5,882
10 - 18	8,250	8,250	12 - 17	8,045	8,045	14 - 20	9,061	9,061
10 - 19	8,302	8,302	12 - 18	9,513	9,513	14 - 21	9,617	9,617
10 - 20	8,797	8,797	12 - 19	9,389	9,389	14 - 22	8,481	8,481
10 - 21	10,839	10,839	12 - 20	11,219	11,219	14 - 23	7,008	7,008
10 - 22	8,537	8,537	12 - 21	10,625	10,625	14 - 24	6,840	6,840
10 - 23	8,683	8,683	12 - 22	10,079	10,079	14 - 25	7,207	7,207
10 - 24	8,019	8,019	12 - 23	8,749	8,749	14 - 26	8,673	8,673
10 - 25	6,770	6,770	12 - 24	8,851	8,851	14 - 27	7,098	7,098
10 - 26	8,565	8,565	12 - 25	7,849	7,849	14 - 28	7,790	7,790
10 - 27	8,471	8,471	12 - 26	7,978	7,978	15 - 16	(9,698)	9,656

Quadro 20, cont.

Híbridos	Circ.	Comp.	Híbridos	Circ.	Comp.	Híbrido	Circ.	Comp.
15 - 17	(8,443)	8,368	17 - 24	9,314	9,314	20 - 27	8,991	8,991
15 - 18	(8,530)	9,627	17 - 25	6,765	6,765	20 - 28	9,864	9,864
15 - 19	(9,109)	9,876	17 - 26	7,919	7,919	21 - 22	(10,570)	10,510
15 - 20	8,836	8,836	17 - 27	7,783	7,783	21 - 23	(9,397)	8,045
15 - 21	10,584	10,584	17 - 28	8,264	8,264	21 - 24	(10,287)	9,288
15 - 22	10,728	10,728	18 - 19	(8,335)	8,439	21 - 25	(8,619)	9,111
15 - 23	10,158	10,158	18 - 20	(8,827)	9,062	21 - 26	10,324	10,324
15 - 24	9,478	9,478	18 - 21	(9,375)	9,568	21 - 27	9,648	9,648
15 - 25	7,154	7,154	18 - 22	(8,951)	8,738	21 - 28	10,571	10,571
15 - 26	9,107	9,107	18 - 23	7,143	7,143	22 - 23	(8,972)	9,504
15 - 27	8,342	8,342	18 - 24	7,945	7,945	22 - 24	(9,863)	10,287
15 - 28	10,310	10,310	18 - 25	6,500	6,500	22 - 25	(8,195)	8,350
16 - 17	(8,836)	8,965	18 - 26	7,031	7,031	22 - 26	(9,503)	10,018
16 - 18	(8,923)	9,842	18 - 27	8,261	8,261	22 - 27	9,418	9,418
16 - 19	(9,502)	10,026	18 - 28	8,012	8,012	22 - 28	10,905	10,905
16 - 20	(9,995)	9,670	19 - 20	(9,406)	9,256	23 - 24	(8,689)	7,249
16 - 21	10,121	10,121	19 - 21	(9,954)	10,554	23 - 25	(7,021)	5,349
16 - 22	9,931	9,931	19 - 22	(9,530)	9,046	23 - 26	(8,329)	9,356
16 - 23	9,319	9,319	19 - 23	(8,356)	9,374	23 - 27	(8,372)	8,786
16 - 24	10,396	10,396	19 - 24	9,387	9,387	23 - 28	7,822	7,822
16 - 25	9,897	9,897	19 - 25	7,484	7,484	24 - 25	(7,912)	8,149
16 - 26	9,917	9,917	19 - 26	8,528	8,528	24 - 26	(9,220)	8,631
16 - 27	10,229	10,229	19 - 27	8,872	8,872	24 - 27	(9,262)	10,887
16 - 28	8,364	8,364	19 - 28	8,645	8,645	24 - 28	(9,684)	10,126
17 - 18	(7,668)	9,424	20 - 21	(10,447)	10,279	25 - 26	(7,552)	7,840
17 - 19	(8,247)	9,335	20 - 22	(10,022)	11,686	25 - 27	(7,595)	8,552
17 - 20	(8,740)	7,734	20 - 23	(8,849)	9,019	25 - 28	(8,016)	8,133
17 - 21	(9,288)	9,436	20 - 24	(9,739)	10,018	26 - 27	(8,903)	9,633
17 - 22	9,570	9,570	20 - 25	8,746	8,746	26 - 28	(9,324)	8,642
17 - 23	9,039	9,039	20 - 26	10,209	10,209	27 - 28	(9,367)	9,221

Circ. = Dialelo circulante com s = 19 e Comp. = Dialelo completo.

Como estes híbridos foram preditos com base na expressão, $\hat{m} + \hat{g}_i + \hat{g}_j$, existe um efeito heterótico presente nas estimativas dos efeitos de CGC. BRAY (1971) verificou a eficiência do dialelo circulante e constatou que os progenitores também exibem CEC.

A correlação entre os híbridos preditos com os valores médios dos mesmos no dialelo completo foi de 0,69. Portanto, para o presente trabalho, houve uma associação moderada das estimativas dos híbridos não avaliados

com os seus valores verdadeiros. Esta redução na correlação quando comparada a dos $\hat{s}_{ij}$'s avaliados em ambos os dialelos ($r = 0,99$), evidencia a desvantagem do dialelo circulante em relação ao dialelo completo. No geral, os valores médios dos híbridos foram superiores aos híbridos preditos, mesmo para aqueles híbridos oriundos de pelo menos um progenitor com alta CGC.

Quanto à predição dos híbridos, CRUZ & REGAZZI (2001) comentam que quando a magnitude da variância aditiva é relativamente superior à da não-aditiva, é satisfatório prever o potencial das combinações híbridas, dado por $\hat{Y}_{ij} = \hat{m} + \hat{g}_i + \hat{g}_j$. Neste caso, parece que os efeitos não-aditivos tiveram maior relevância na constituição dos híbridos. Apesar dos efeitos de CGC incluírem os desvios de dominância, como foi visto na primeira parte do trabalho, os efeitos de CEC não são totalmente estimados pelos respectivos efeitos de CGC com base no dialelo circulante.

Além dos dialelos circulantes, existem outros esquemas com número de cruzamentos reduzidos, tais como os dialelos parciais. Para a realização de um dialelo parcial, seria necessário um estudo de divergência genética com o objetivo de formar dois grupos divergentes. Porém, isto nem sempre é possível, podendo ocorrer a formação de mais de dois grupos divergentes, o que dificultaria a realização do mesmo. De maneira prática, é comum a formação dos grupos com base no tipo de grão ("dent" e "flint"), o que pode não garantir a divergência genética somente entre os grupos. Conseqüentemente, pode-se estar perdendo as melhores combinações híbridas que seriam obtidas com base nos cruzamentos de progenitores localizados dentro de um mesmo grupo. PARENTONI et al. (2001), num estudo de divergência genética, utilizando dados morfológicos e dados de marcadores moleculares (RAPD) para os mesmos 28 progenitores e seus 378 híbridos F_1 's, verificaram a formação de quatro grupos heteróticos com a inclusão dos tipos de grão "dent" e "flint" em mais de dois grupos divergentes e constataram que dentro do grupo "dent", havia uma divergência genética maior que dentro do grupo "flint". Estes resultados mostram que, apesar de serem obtidos híbridos "semi-dent" com a utilização do dialelo parcial, o objetivo de serem obtidas as melhores combinações híbridas pode ser comprometida, como no caso do dialelo circulante, para alguns valores de s .

Conforme MIRANDA FILHO & GERALDI (1984), o uso de dialelos com número de cruzamentos reduzidos, vai depender do interesse do melhorista em querer ou não avaliar todas as possíveis combinações híbridas. Na falta de recursos e insumos necessários à implantação do experimento, tendo como dificuldade a obtenção de número suficiente de sementes híbridas em certas espécies (aveia e feijão), a utilização do dialelo circulante torna-se uma alternativa para a avaliação de tais populações.

Uma outra questão importante é o objetivo do melhorista e que tipo de materiais estarão envolvidos. Em espécies autógamas, a exemplo do feijão, KUREK (2001) cita que nos programas de melhoramento, as seleções são praticadas em gerações segregantes mais avançadas, tendo em vista a ocorrência nessas gerações, de linhas puras na população com efeitos aditivos dos genes. Para esses tipos populações, o uso do dialelo circulante é viável, embora pequenos valores de s possam comprometer as estimativas de CGC e CEC.

5. RESUMO E CONCLUSÕES

Com o objetivo de estudar a viabilidade da redução do número de cruzamentos através do dialelo circulante, sem que as estimativas dos efeitos genéticos fossem comprometidas, foram utilizados dados de simulação e dados de campo. Foram simuladas cinco variáveis hipotéticas, sendo que cada uma é governada por um gene com dois alelos, cujos graus de dominância (d/a) foram iguais a 0, 0,5, 1,0, 1,5 e 2,0. Também foram utilizados os dados de campo para a variável produção de espigas (t/ha), avaliada em Sete Lagoas, no Centro Nacional de pesquisa de Milho e Sorgo (CNPMS/EMBRAPA), no ano agrícola de 1992/93. Para todas as variáveis, foram estabelecidos os dialelos completos compostos por 28 progenitores e seus 378 híbridos F_1 's, utilizando-se o método 2 de GRIFFING (1956).

Foram gerados 12 tipos de dialelos circulantes com diferentes números de cruzamentos por progenitor ($s = 25, 23, 21, 19, 17, 15, 13, 11, 9, 7, 5, \text{ e } 3$). Para cada valor de s , foram gerados 1000 dialelos circulantes por reamostragem do dialelo completo. A partir desses resultados, foram analisados vários parâmetros, o que possibilitou estabelecer as seguintes conclusões:

- o uso de simulação de dados permitiu estudar as ações gênicas sobre a CGC e a CEC, e foi eficiente para a comparação dos dialelos circulantes com o dialelo completo;

- a simulação de dialelos circulantes por reamostragem via Bootstrap mostrou-se uma metodologia importante, permitindo conhecer a distribuição amostral das estimativas dos parâmetros genéticos adotados;

- os estimadores dos parâmetros genéticos, $\hat{g}_i$, $\hat{s}_{ij}$, $\hat{m}$,

$$\hat{V}_g = \sum_{i=1}^p \hat{g}_i^2 / (p - 1), R^2 = \text{SQCGC} / (\text{SQCGC} + \text{SQCEC}), \text{ correlação } (r) \text{ entre as}$$

28 estimativas de CGC ($\hat{g}_i$) obtidas com os dialelos circulantes e os valores de CGC (g_i) obtidos com o dialelo completo, foram eficientes para as comparações dos diferentes dialelos circulantes em relação ao dialelo completo e, conseqüentemente, para escolher um valor de s satisfatório que gerasse estimativas dos efeitos de CGC e CEC confiáveis;

- o QMCGC e o QMCEC não foram bons parâmetros genéticos para constatar a eficiência dos dialelos circulantes;

- os dialelos circulantes são eficientes em estimar os efeitos de CGC e CE tanto quanto o dialelo completo, dependendo do valor de s adotado;

- valores de s muito pequenos podem gerar estimativas dos efeitos de CGC e CEC não confiáveis;

- para a variável produção de espigas (t/ha) estudada, a redução de aproximadamente 30% dos cruzamentos, não trouxe prejuízos sobre a escolha dos melhores progenitores e das melhores combinações híbridas;

- a viabilidade de uso dos dialelos circulantes é baseada nas populações estudadas, nas características avaliadas e no objetivo do melhorista.

REFÊRENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ALLARD, R. W. **Princípios do melhoramento genético das plantas**. São Paulo: Edgard Blucher, 1971. 381 p.

ANAND, I. J.; MURTY, B. R. Serial analysis of combining ability on diallel and fractional diallel cross in linseed. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v.39, p.88-94, 1969.

ARUNACHALAM, V. Computer programmes for some problems in biometrical genetics: IV - Analysis of combining ability by partial diallel crosses. **Indian Journal Genetic Plant Breeding**, v. 27, p. 392-400, 1967.

BRAY, R. A. Quantitative evaluation of the circulant partial diallel cross. **Heredity**, London, v.27, n.2, p. 189-202, 1971.

BEARZOTI, E. **Simulação de seleção recorrente assistida por marcadores moleculares em espécies autógamas**. 1997. 230 p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Universidade de São Paulo, 1997.

BERNARDO, R. Best linear unbiased predicting of maize single-cross performance. **Crop Science**, v. 36, p 50-56, 1996.

BERNARDO, R. Genetic Models for predicting maize single-cross performance in unbalanced yield trial data. **Crop Science**, v. 35, p. 141-147, 1995.

BUROW, M. D.; COORS, J. G. Diallel: a microcomputer program for the simulation and analysis of diallel crosses. **Agronomy Journal**, v. 86, p. 154-158, 1994.

CHACOSSET, A. et al. Prediction of maize hybrid silage performance using marker data: comparison of several models for specific combining ability. **Crop Science**, v. 38, p 38-44, 1998.

CRUZ, C. D. A informática no melhoramento genético. In: NASS, L. L. et al. **Recursos genéticos e melhoramento - plantas**. Rondonópolis: Fundação MT, 2001, p. 1085-1118.

CRUZ, C. D. **Programa Genes versão Windows**: aplicativo computacional em genética e estatística. Viçosa, MG: Imprensa Universitária UFV, 1997. 648 p.

CRUZ, C. D.; CASTOLDI, L. F. Decomposição da interação genótipo x ambiente em partes simples e complexas. **Revista Ceres**, v. 38, p. 422-430, 1991.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 2. ed. Viçosa, MG: Imprensa Universitária UFV, 2001. 390 p.

CRUZ, C. D.; VENCOSKY, R. Comparação de alguns métodos de análise dialélica. **Revista Brasileira de Genética**, v.12, n.3, p.425-438, 1989.

CURNOW, R. N. Sampling the diallel cross. **Biometrics**, Raleigh, v. 19, p. 287-306, 1963.

DACHS, N. **Estatística computacional**. Rio de Janeiro: Livros Técnicos e Científicos, 1998. 236 p.

DHILLON, B. S.; SINGH, J. Evaluation of circulant partial diallel crosses in maize. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v.52, n.1, p.29-37, 1978.

EFRON, B. F. The jackknife, the bootstrap, and other resampling plans. **Philadelphia: Society for industrial and applied mathematics**, 1982.

EUCLYDES, R. F. **Uso de sistema Genesys na avaliação de métodos de seleção clássicos e associados a marcadores moleculares**. 1996. 135 p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento) – Universidade Federal de Viçosa, Minas Gerais, 1996.

FALCONER, D. S. **Introdução à genética quantitativa**. Viçosa, MG: Imprensa Universitária UFV, 1987. 279 p.

FERREIRA, D. F. **Eficiência de métodos de mapeamento de locos quantitativos (QTLs) e da seleção assistida por marcadores moleculares através de simulação**. 1995. 210 p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Universidade de São Paulo, 1995.

FERREIRA, D. F. Uso de simulação no melhoramento. In: NASS, L. L. et al. **Recursos genéticos e melhoramento - plantas**. Rondonópolis: Fundação MT, 2001, p. 1119-1141.

FUZZATO, S. R. Divergência genética e sua relação com os cruzamentos dialélicos na cultura do milho. **Ciência Agrotécnica**, v.26, n.1, p.22-32, jan./fev., 2002.

GARDNER, C. O., EBERHART, S. A. Analysis and interpretation of the variety cross diallel and related populations. **Biometrics**, v.22, p. 439-452, 1966.

GOMES, M. de S. et al. Estimativas da capacidade de combinação de linhagens de milho tropical para qualidade fisiológica de sementes. **Ciência Agrotécnica**, Lavras, v.24, (Edição Especial), p.41-49, dez., 2000.

GOMIDE, F. B. **Cruzamentos dialélicos entre variedades de milho (*Zea mays* L.)**. 1980. 71 p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento) – Universidade Federal de Viçosa, Minas Gerais, 1980.

GRIFFING, B. Concept of general and specific combining ability in relation to diallel crossing systems. **Australian Journal of Biological Science**, East Melbourne, v.9, p.463-493, 1956.

KEMPTHORNE, O.; CURNOW, R. N. The partial diallel crosses. **Biometrics**, Raleigh, v.17, n.2, p. 229-250, 1961.

KREBBS, C. J. **Ecological methodology**. New York: Harper Colin, 1989. 653 p.

KUREK, A. J., CARVALHO, F. I. F de, ASSMANN, I. C., et al. Capacidade combinatória como critério de eficiência na seleção de genitores em feijoeiro. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.36, n.4, p. 645-651, abr.2001.

LONNQUIST, J. H., GARDNER, C.O. Heterosis in intervarietal crosses in maize and its implication in breeding procedure. **Crop Science**. v. 1, p. 179-183, 1961.

MATZINGER, D. F.; SPRAGUE, G. F.; COCKERHAN, C. C. Diallel crosses of maize in experiments repeated over locations and years. **Agronomy Journal**, v. 51, p. 346-350, 1959.

MELO, W. M C.; PINHO, R. G. V.; FERREIRA, D. F. Capacidade combinatória e divergência genética em híbridos comerciais de milho. **Ciência Agrotécnica**, Lavras, v.25, n.4, p. 821-830, jul./ago., 2001.

MIRANDA FILHO, J. B. de; GERALDI, I. An adapted model for the analysis of partial diallel crosses. **Revista Brasileira de Genética**, v.2, n.4, p.677-688, 1984.

MURTY, B. R.; ARUNACHALAN, V.; ANAND, I. J. Diallel and partial diallel analysis of some yield in *Linus usitatissimum*. **Heredity**, London, v.22, p. 35-41, 1967.

NAYLOR, T. H. et al. **Técnicas de simulação em computadores**. São Paulo: Ed. Vozes, 1971, 401 p.

PACHECO, C. A. P. **Associação das metodologias de análise dialélica de Griffing e de análise de adaptabilidade e estabilidade de Eberhart e Russell**. 1997. 118 p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Universidade Federal de Viçosa, Minas Gerais, 1997.

PARENTONI, S. N. et al. Heterotic groups based on yield-specific combining ability and phylogenetic relationship determined by RAPD markers for 28 tropical maize open pollinated varieties. **Euphytica**, v. 121, p. 197-208, 2001.

PARTNER, P. L. R. et al. Computer simulation of selection in a hypothetical crop species. **Computer Applications in the Biosciences**, v. 9, p. 597-605, 1993.

PATERNIANI, M. E. A. G. Z., et al. Cruzamentos dialélicos de linhagens de milho sob condições de mancha de *Phaeosphaeria*. **Scientia Agrícola**, v. 57, n. 2, p. 313-318, abr./jun. 2000.

PINTO, R. de M. C.; GARCIA, A. A. F.; SOUZA, C. L. de. Alocação de linhagens de milho derivadas das populações br-105 e br-106 em grupos heteróticos. **Scientia Agrícola**, v.58, n.3, p.541-548, jul./set. 2001.

RAMALHO, M. A. P., SANTOS, J. B. dos. ZIMMERMANN, M. J. de O. **Genética quantitativa em plantas autógamas: aplicações ao melhoramento do feijoeiro**. Goiânia: Imprensa Universitária UFG, 1993, 271p.

SAS Institute. **SAS language and procedures: Usage**. Version 6, 1st ed. Cary NC: SAS Institute Inc., 1995, 373 p.

SPRAGUE, G. F.; TATUM, L. A. General vs. Specific combining ability in single crosses of corn. **Journal of American Society of Agronomy**, v.34, p.923-932, 1942.

TOMS, E. M.; CORNISH, M. A.; KEARSEY, M. I. Comparison of family and sib selection during selfing. **Heredity**, v. 73, p. 635-641, 1994.

VEIGA, R. D. **Eficiência dos dialelos circulantes na escolha de genitores, avaliada com simulação de dados**. 1998. 95 p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento) – Universidade Federal de Lavras, Minas Gerais, 1998.

VENCOVSKY, R. Herança quantitativa. In: PATERNIANI, E.; VIÉGAS, G. P. (Ed.) **Melhoramento e produção de milho**. 2. ed., v.1, Campinas: Fundação Cargill, 1987, p. 277-340.

VENCOVSKY, R.; BARRIGA, P. **Genética biométrica no fitomelhoramento**. Ribeirão Preto: s. n., 1992. 496 p.

VENCOVSKY, R.; CRUZ, C. D. Comparação de métodos de correção do rendimento de parcelas com estandes variados: I. Dados simulados. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 26, p. 647-657, 1991.

VIANA, J. M. S. The parametric restrictions of the Griffing diallel analysis model: combining ability analysis. **Genetics and Molecular Biology**, v.23, n.4, p. 877-881, 2000.