

AURINELZA BATISTA TEIXEIRA CONDÉ

**AVALIAÇÃO DE DELINEAMENTOS GENÉTICOS EM PROGRAMAS DE
MELHORAMENTO POPULACIONAL RECORRENTE, POR MEIO DE
SIMULAÇÃO**

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 “Doctor Scientiae”.

VIÇOSA
MINAS GERAIS - BRASIL
2006

AURINELZA BATISTA TEIXEIRA CONDÉ

**AVALIAÇÃO DE DELINEAMENTOS GENÉTICOS EM PROGRAMAS DE
MELHORAMENTO POPULACIONAL RECORRENTE, POR MEIO DE
SIMULAÇÃO**

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 “Doctor Scientiae”.

Aprovada em 10 de março de 2006

Prof. Adair José Regazzi
(Conselheiro)

Prof. Cosme Damião Cruz
(Conselheiro)

Prof. Eduardo Rezende Galvão

Dr. Claudia Teixeira Guimarães

Prof. José Marcelo Soriano Viana
(Orientador)

A Deus.

A meus pais, Valter e Elza.

Ao Rogério.

Aos meus irmãos, Nina, Valtinho e Ledinha.

Aos meus sobrinhos, Vinicius e Davi.

DEDICO.

AGRADECIMENTOS

A Deus.

Aos meus pais pela dedicação, de toda uma vida, para que alcançasse sempre degraus mais altos na minha formação.

À Universidade Federal de Viçosa e ao CNPq, que me deram condições para a realização do curso e da pesquisa.

Ao Prof. José Marcelo Soriano Viana, pela orientação e amizade, e por tornar possível a realização deste trabalho.

Ao Prof Cosme Damião Cruz, pelos valiosos conselhos e sugestões que auxiliaram na elaboração deste trabalho.

Ao Prof. Adair José Regazzi, pelos valiosos ensinamentos.

Ao Prof. Luiz Eduardo Galvão e a Doutora Cláudia Guimarães Teixeira, por fazer parte da banca examinadora, enriquecendo o trabalho com suas sugestões.

Aos técnicos Márcio, Leonardo e Vicente pelo auxílio nos trabalhos de campo e pela amizade.

Ao amigo Carlos Vieira, pela tradução do Abstract.

Aos amigos Aloísio, João, Héder, Emmanuel, Mauro, Vinicius, Silvestre,
Lidiane e Fernanda pela amizade e agradável convivência.

Ao Rogério, pelo tão grande amor, paciência, compreensão e incentivo.

Aos meus irmãos e sobrinhos pelo carinho.

Aos amigos da Igreja Adventista do 7º Dia que se tornaram minha segunda
família aqui em Viçosa.

A todos que contribuíram para a concretização deste trabalho, minha mais
sincera gratidão.

BIOGRAFIA

AURINELZA BATISTA TEIXEIRA CONDÉ, filha de Valter Teixeira da Silva e Elza Batista Teixeira, nasceu aos 19 de janeiro de 1975, em Belo Horizonte, MG.

Estudou na Escola Municipal Dora de Matos (1982 a 1985) em Contagem e no Colégio Tiradentes da Polícia Militar do Estado de Minas Gerais, em Belo Horizonte, de 1986 a 1992.

Ingressou no Curso de Agronomia da Universidade Federal de Viçosa, em Viçosa, MG, graduando-se engenheira agrônoma em sete de fevereiro de 2000.

Em 2000 iniciou o Curso de Mestrado em Produção Vegetal na Universidade Estadual do Norte Fluminense, em Campos dos Goytacazes, RJ, tendo defendido tese em 26 de fevereiro de 2002.

Em abril de 2002 iniciou o Doutorado em Genética e Melhoramento na Universidade Federal de Viçosa, em Viçosa, MG, submetendo-se à defesa de tese em 10 de março de 2006.

ÍNDICE

RESUMO.....	viii
ABSTRACT.....	xi
1. INTRODUÇÃO.....	1
2. REVISÃO DE LITERATURA.....	4
2.1. Delineamento I	4
2.1.1. Limitações do Delineamento I	7
2.2. Delineamento famílias de irmãos completos.....	9
2.3. Delineamento famílias de meios-irmãos.....	11
3. MATERIAIS E MÉTODOS.....	16
3.1. Caracterização dos sistemas gênicos, das populações e das condições experimentais.....	16
3.2. Simulação dos genótipos, fenótipos e dos efeitos ambientais, e cálculo dos ganhos e das variâncias genotípica, genética aditiva e genética devida à dominância	17
4. RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	20
4.1. Sobredominância.....	21

4.1.1. Gene favorável dominante.....	22
4.1.2. Gene favorável recessivo.....	24
4.2. Dominância completa.....	26
4.2.1. Gene favorável dominante.....	28
4.2.2. Gene favorável recessivo.....	29
4.3. Dominância parcial.....	31
4.3.1. Gene favorável dominante.....	32
4.3.2. Gene favorável recessivo.....	34
4.4. Ausência de dominância.....	36
4.5. Variâncias genotípicas e frequências gênicas na população final	38
5. RESUMO E CONCLUSÕES.....	41
6. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....	78

RESUMO

CONDÉ, Aurinelza Batista Teixeira, D.S., Universidade Federal de Viçosa; Março, 2006; **Avaliação de delineamentos genéticos em programas de melhoramento populacional recorrente, por meio de simulação.** Orientador: José Marcelo Soriano Viana. Conselheiros: Adair José Regazzi e Cosme Damião Cruz.

Visando à estimação dos componentes aditivo e devida à dominância da variância genotípica, e também do grau médio de dominância, Comstock e Robinson (1948) sugeriram a avaliação de progênies de irmãos completos obtidas pelo cruzamento de m machos com grupos distintos de f fêmeas. Este sistema de cruzamentos controlados foi denominado Delineamento I. O objetivo deste trabalho foi analisar os ganhos genéticos devidos à seleção e alterações na variância genotípica populacional, com seleção entre famílias de irmãos completos, famílias de irmãos completos obtidas utilizando o Delineamento I, seleção em tandem e seleção entre famílias de meios-irmãos. Por meio de simulação, foi analisado o mérito do Delineamento I como sistema de cruzamentos em programas de melhoramento populacional

recorrente, com base em ganhos realizados. Para tanto, foram considerados sistemas gênicos com 10 genes, associados a três valores de herdabilidade (10, 50 e 90%), em três classes de populações (pouco melhorada, muito melhorada e com frequências intermediárias dos genes favoráveis). Em cada classe de população foram considerados sete caracteres, representados por distintos graus de dominância (2 e -2, 1 e -1, 0,5 e -0,5 e 0). Com grau de dominância positivo o gene favorável (aquele que aumenta a expressão do caráter) é dominante e com grau de dominância negativo é recessivo. Foram avaliados os ganhos médios após 10 ciclos de seleção, ressaltando que cada processo de simulação foi repetido 10 vezes. Foi possível validar o processo de simulação, uma vez que os resultados obtidos foram comparáveis e concordantes com os encontrados na literatura, com trabalhos experimentais de milho. Verificou-se que a estratégia de seleção entre famílias de meios-irmãos foi a pior estratégia de seleção ao comparar os ganhos realizados, em 73% das situações avaliadas. A estratégia de seleção entre famílias de irmãos completos se destacou como a melhor estratégia de seleção em apenas 21% das situações avaliadas. As estratégias de seleção utilizando o Delineamento I, como sugerido por Comstock e Robinson apresentaram os maiores ganhos realizados, na grande maioria dos casos observados (68,2%), ao longo de 10 ciclos de seleção, demonstrando ser perfeitamente possível sua utilização em programas de melhoramento populacional recorrente. Independente do caráter, quando o gene favorável é recessivo ou em situação de ausência de dominância, as populações cuja unidade de seleção eram famílias de meios-irmãos, mantiveram-se com maior variabilidade genotípica na população no décimo ciclo. Quando o gene favorável era dominante observaram-se várias situações em que as estratégias de seleção entre famílias de irmãos completos obtidas utilizando o Delineamento I e seleção em tandem apresentaram alta variabilidade genotípica, mesmo após 10 ciclos de seleção. A perda de genes por deriva não foi muito pronunciada, ocorrendo basicamente em populações pouco melhoradas ou muito melhoradas, com gene favorável recessivo e que estavam em baixa frequência na população inicial, diminuindo com o decréscimo do valor do grau médio de dominância. Com base nos resultados obtidos, concluiu-se que a melhor unidade de

seleção é família de irmãos completos e a melhor estratégia de seleção é entre famílias de irmãos completos obtidas utilizando o Delineamento I, como sugerido por Comstock e Robinson.

ABSTRACT

CONDÉ, Aurinelza Batista Teixeira, D.S., Universidade Federal de Viçosa; March, 2006; **Evaluation of genetic delineation in programs of recurrent population improvement, through simulation.** Adviser: José Marcelo Soriano Viana. Committee members: Adair José Regazzi and Cosme Damião Cruz.

Comstock and Robinson (1948) have suggested the evaluation of full-sib lineages obtained by crossing m male with f female distinct groups, in order to esteem the additive components, considering the dominance of the genotypic variance, and also the average degree of dominance. This system of controlled crossings was called Delineation I. The objective of this work was to analyze the genetic gains due to the selection and alterations in the population genotypic variance. Selection was performed between families of full sib, between families of full sib obtained using Delineation I, selection in tandem and selection between families of half sib. The merit of Delineation I was analyzed through simulations, as a crossings system in programs of recurrent population improvement, on the basis of realized gains. Thus, it

was considered genic systems with 10 genes, associated to three values of heritability (10, 50 and 90%), in three population classes (little improved, much improved and with intermediate frequencies of the favorable genes). In each population class, seven characters were considered, representing distinct degrees of dominance (2 and -2, 1 and -1, 0,5 and -0,5 and 0). With degree of positive dominance, the favorable gene (the one that increases the expression of the character) is dominant and with negative degree of dominance it is recessive. The average gains were evaluated after 10 cycles of selection, each process of simulation being repeated 10 times. It was possible to validate the simulation process, since the obtained results were very similar to those presented in literature relating to experimental works on corn. It was verified that the strategy of selection between half sib families was the worst strategy when comparing the realized gains, in 73% of the evaluated situations. The selection strategy between full sib families was the best strategy in only 21% of the evaluated situations. The selection strategies using Delineation I presented the biggest carried through gains - as suggested by Comstock and Robinson - in the great majority of the observed cases (68,2%), throughout 10 cycles of selection. This demonstrates its potential use in programs of recurrent population improvement. Independent of the character, when the favorable gene is recessive or in situation of dominance absence, populations whose unit of selection was half sib families had retained bigger genotypic variability in the population in the tenth cycle. In many situations when the favorable gene was dominant and where the strategies of selection between full sib families were obtained using Delineation I and selection in tandem, it was observed that genotypic variability was high after 10 cycles of election. The loss of genes for drift was not very sharp, occurring basically in populations little improved or very improved, with recessive favorable gene. These were infrequent in the initial population and diminished with decreasing value of the average degree of dominance. On the basis of the obtained results, it was concluded that the best unit of selection is full sib family and the best strategy of selection is between full sib families using Delineation I, as suggested by Comstock and Robinson.

1. INTRODUÇÃO

Visando à estimação dos componentes aditivo e devida à dominância da variância genotípica, e também do grau médio de dominância, Comstock e Robinson (1948) sugeriram a avaliação de progênies de irmãos completos obtidas pelo cruzamento de m machos com grupos distintos de f fêmeas. São avaliadas, portanto, mf famílias, sendo que em relação à m grupos de f progênies os indivíduos são meios-irmãos paternos. Neste caso, o tamanho efetivo da população estruturada em famílias é (Crow e Kimura, 1970):

$$N_e = \frac{4m(mf)}{m + mf} = 4m \left(\frac{f}{f + 1} \right)$$

Por exemplo, sendo 200 o número de famílias a serem avaliadas e considerando 50 machos e quatro fêmeas por macho, $N_e = 160$.

Este sistema de cruzamentos controlados, posteriormente denominado Delineamento I (Comstock e Robinson, 1952), é na verdade o delineamento genético mais empregado pelos melhoristas. Quando o número de fêmeas por macho é igual a um, tem-se também a obtenção de famílias de irmãos completos, sem parentesco entre indivíduos de progênies

distintas. Neste caso, o tamanho efetivo da população estruturada em famílias é (Crow e Kimura, 1970):

$$N_e = \frac{4mf}{m+f} = \frac{4f^2}{2f} = 2f$$

Sendo 200 o número de famílias a serem avaliadas, então $N_e = 400$.

Outra variação do Delineamento I é a que proporciona famílias de meios-irmãos maternos, a unidade de seleção mais comum em programas de melhoramento de alógamias, como o milho. Com polinização aberta, tem-se cada uma das f fêmeas cruzadas com grupos de machos, sendo certamente variável o número de machos por fêmea. Assumindo, para simplificação do cálculo do tamanho efetivo, que m é o número de machos por fêmea, tem-se que (Crow e Kimura, 1970):

$$N_e = \frac{4f(fm)}{mf+f} = 4f \left(\frac{m}{m+1} \right)$$

Assumindo m elevado, $N_e \approx 4f$. Sendo 200 o número de famílias a serem avaliadas, então $N_e = 800$.

Fixando em 200 o número de progênies a serem avaliadas em cada ciclo de um programa de melhoramento recorrente populacional, ou seja, mantendo constante o custo de execução, há variação no tamanho populacional efetivo, dependendo da variação do Delineamento I empregada. A padronização do tamanho efetivo implica em custos diferenciados. Fixando em 400 o tamanho efetivo, se a opção for usar o Delineamento I para obter famílias de meio-irmãos maternos, deve-se avaliar 100 progênies. Optando-se por famílias de irmãos completos e definindo-se quatro fêmeas por macho, deve-se avaliar 500 progênies.

Comparativamente ao uso de famílias de meios-irmãos ou ao emprego de progênies de irmãos completos, adotando-se uma fêmea por macho, o Delineamento I, como sugerido por Comstock e Robinson, está associado ao menor tamanho efetivo, no caso de padronização dos custos ou do número de famílias a serem avaliadas, ou ao maior custo, no caso de padronização do tamanho efetivo. Isto, contudo, não deve ser entendido como um impedimento ao seu emprego em programas de melhoramento

populacional recorrente. Além de ser perfeitamente possível o seu uso, este permite o emprego de uma das seguintes estratégias de seleção:

1. Seleção de famílias de irmãos completos (ou seleção de fêmeas como empregado por Furtado (1996)).
2. Seleção de famílias de meios-irmãos seguida de seleção entre progênies de irmãos completos dentro dos machos selecionados, denominada de seleção em tandem.

O presente trabalho teve como objetivo analisar os ganhos genéticos devidos à seleção, e as alterações na variância genotípica populacional, com estratégias de seleção entre famílias de irmãos completos, famílias de meios-irmãos, e estratégias de seleção utilizando o Delineamento I de Comstock e Robinson.

2. REVISÃO DE LITERATURA

2.1. Delineamento I

O Delineamento I tem sido utilizado por prover estimativas dos componentes da variância genotípica, as quais são utilizadas para o cálculo de parâmetros genéticos indispensáveis na avaliação de populações de melhoramento. Silva (1990) utilizou o Delineamento I para avaliar duas populações de milho braquítico, Piranão VD-2 e Piranão VF-1. Nestas, cada macho foi cruzado com cinco e seis fêmeas, obtendo-se 364 e 381 progênies, respectivamente. Em relação à população Piranão VF-1, a estimativa de herdabilidade no sentido restrito do caráter peso de grãos foi 13,63% e os progressos esperados com seleção de famílias de meios-irmãos foram superiores àqueles da população Piranão VD-2, cuja estimativa de herdabilidade foi de 5,61%. O progresso esperado com seleção entre famílias de meios-irmãos na população Piranão VD-2, considerando 20% de progênies selecionadas, variou de 4,57 a 0,014% para

os doze caracteres avaliados, sendo de 2,68% para produção de grãos. Os ganhos esperados na população Piranão VF-1, para todos os caracteres, foram superiores aos preditos na população Piranão VD-2, variando de 1,09 a 6,58% para os doze caracteres avaliados, sendo 6,58% para produção de grãos, considerada uma das características mais importantes.

Almirall et al. (1996) estimaram os componentes da variância genotípica da variedade de milho Lancaster, com respeito às características relacionadas ao valor nutritivo e à produção de forragem. Os objetivos foram determinar o controle genético das características mais relacionadas ao valor nutritivo da forragem e estabelecer as relações entre as características de qualidade e produção. Foram avaliadas sessenta e duas famílias de meios-irmãos, com três famílias de irmãos completos cada, em três repetições, durante dois anos. Baixos valores de herdabilidades em sentido restrito foram encontrados para várias características, inclusive produção de forragem (0,20) e produção de grãos (0,25). As características relacionadas à qualidade da forragem apresentaram menores estimativas de herdabilidade, em comparação às características relacionadas à produção. Conseqüentemente, as características de qualidade de forragem apresentaram menores estimativas de ganhos com a seleção direta.

Furtado (1996) avaliou a população de milho Composto "Duro", usando o Delineamento I de Comstock e Robinson, com o objetivo de estimar parâmetros genéticos. Para isto foram tomadas ao acaso 27 plantas da população, designadas machos, que foram cruzadas com outras 135, designadas fêmeas, de modo que cada macho foi cruzado com um grupo de cinco fêmeas diferentes. Considerando intensidade de seleção equivalente a 40% em todos os casos, o autor selecionou onze das 27 famílias de machos, enquanto entre fêmeas foram selecionadas 54 das 135 unidades de seleção. Foram então comparadas as estimativas de resposta esperada à seleção entre machos, entre fêmeas e entre e dentro de machos, por meio de seleção direta, de seleção indireta e de índice de seleção, em cada uma dessas alternativas. Os ganhos estimados com seleção indireta foram bem menores que os obtidos com seleção direta, em qualquer alternativa de seleção. Em relação à produção, as respostas esperadas à seleção direta foram de 6,24% entre machos, 5% entre fêmeas e 4,6% entre e dentro de

machos. A seleção com base nos índices de seleção, no entanto, proporcionou, em todas as unidades de seleção consideradas, ganhos superiores aos obtidos pela seleção direta no peso de grãos. Utilizando a técnica de índice de seleção, os maiores ganhos para o caráter peso de grãos foram obtidos na seleção entre fêmeas (7,31%).

Considerando que existem poucas informações sobre a variabilidade genética de populações exóticas e semi-exóticas de milho, utilizadas para forragem, Mas et al. (1998) estudaram uma população semi-exótica. Os objetivos foram estimar os parâmetros genéticos para as características de qualidade e produção e avaliar este germoplasma com base em um programa de melhoramento. Para isto foi obtida a população F_2 do cruzamento Mo17 x Across 8443. Plantas F_2 , utilizadas como machos, foram cruzadas com três plantas designadas fêmeas, durante dois anos em um mesmo local, totalizando 50 famílias de meios-irmãos e 150 famílias de irmãos completos, que foram utilizadas para estudo das variâncias genéticas e correlações. As herdabilidades em sentido restrito dos caracteres relacionados à qualidade da forragem apresentaram valores baixos (entre 0,09 a 0,15), resultados consistentes com os encontrados por Almirall et al. (1996). Já em relação à característica produção de espiga, considerada a mais importante economicamente para variedades de milho para forragem, não verificaram variância genética aditiva significativa, com estimativa de herdabilidade em sentido restrito de 0,09. Para esta característica, as famílias foram submetidas a uma intensidade de seleção equivalente a 3,7% e obteve-se uma resposta esperada à seleção de 5,08%.

Para definir a estratégia de melhoramento que maximizasse os ganhos preditos em uma população de milho-pipoca, Pereira e Amaral (2001) utilizaram o Delineamento I para obtenção de noventa e duas famílias de irmãos completos, avaliadas em dois ambientes contrastantes. Foi observada ausência de interação progênies x ambientes para a característica capacidade de expansão. Para algumas características avaliadas, inclusive capacidade de expansão, foram estimados valores negativos de variância devida aos desvios de dominância, considerados nulos pelos autores. As estimativas das herdabilidades em sentido restrito foram 82,72% para capacidade de expansão e 17,85% para produção de

grãos. Tanto para produção de grãos, quanto para capacidade de expansão, os maiores ganhos preditos foram obtidos com seleção entre famílias de irmãos completos, 9,42% e 27,09%, respectivamente.

2.1.1. Limitações do Delineamento I

Para que o modelo básico do Delineamento I seja atendido são necessárias as seguintes condições: herança diplóide, ausência de epistasia e equilíbrio de Hardy-Weinberg e de ligação (Comstock e Robinson, 1952). Este delineamento apresenta dois inconvenientes: alta frequência de estimativas de variâncias negativas, principalmente variância de dominância (Silva, 1990; Pereira e Amaral, 2001; Ortiz e Golmirzaie, 2002); e imprecisão na estimativa da variância de dominância, uma vez que o erro padrão associado a este parâmetro é sempre elevado, devido à função complexa usada no seu cálculo (Comstock e Robinson, 1952; Bridges e Knapp, 1987).

As principais causas atribuídas à obtenção de variâncias negativas são: uso inadequado do delineamento experimental; inadequação do sistema de amostragem; e reduzido número de fêmeas por macho em caracteres com baixa herdabilidade, como produção, por exemplo (Márquez-Sanchez e Hallauer, 1970a e b; Bridges e Knapp, 1987).

Para determinar a influência do tamanho da população na estimação dos componentes de variância genética, a partir do uso do Delineamento I em uma população de milho, Márquez-Sanchez e Hallauer (1970a) conduziram um experimento, combinando grupos com diferentes números de machos (8, 16, 32 e 48) cruzados com um número constante de fêmeas, e diferentes grupos de fêmeas (2, 4, 6, 8 e 10) cruzadas com um número constante de machos. Estimativas das variâncias genéticas aditiva e devida aos desvios de dominância e de seus desvios padrões foram calculados para cada exemplo de tamanho populacional, para várias características avaliadas, inclusive produção de grãos. Gráficos dos desvios padrões dos componentes de variância foram utilizados para comparar a precisão relativa das estimativas, para os vários tamanhos populacionais. Eles concluíram

que 6 a 8 fêmeas por macho e um número mínimo de 48 machos seria o indicado para estimar os componentes de variância genética para a característica produção de grãos em milho (característica com baixa herdabilidade), com mais acurácia. Sugeriram, também, que um tamanho amostral de aproximadamente 200 plantas seria o suficiente para estimação de parâmetros genéticos.

Márquez-Sánchez e Sahágún-Castellanos (1994) observaram que uma desvantagem do Delineamento I se deve ao baixo número de fêmeas por macho, devido à dificuldade de polinização de várias fêmeas por um único macho, limitando cada experimento a um número de aproximadamente quatro fêmeas por macho, e que isto pode provocar a obtenção de estimativas negativas de variância devida aos desvios de dominância. Os autores propuseram um trabalho para analisar um delineamento com famílias de meios-irmãos maternos, para mostrar que as variâncias genéticas de uma população de milho podem ser estimadas e comparadas com as obtidas pelo uso do Delineamento I. Com dados obtidos de plantas individuais dentro de famílias de meios-irmãos maternos, foi possível mostrar que as covariâncias entre os indivíduos dentro das famílias é $(\frac{3}{4})\sigma_A^2 + \sigma_D^2$, que corresponde aos componentes de variância observáveis dentro das progênies. O componente de variância entre fêmeas é $(\frac{1}{4})\sigma_A^2$. Assim, é possível estimar as variâncias genéticas aditiva e devida aos desvios de dominância por meio de dados individuais de um experimento, avaliando famílias de meios-irmãos maternos. A precisão das estimativas dos componentes de variância são maiores nas famílias de meios-irmãos maternos do que no Delineamento I. Os autores sugeriram a utilização de pólen de oito ou mais plantas para a polinização de uma única planta fêmea.

Sahagún-Castellanos (2000) analisou o efeito do nível endogâmico dos progenitores em famílias de meios-irmãos maternos, e se o número de repetições tem alguma influência na precisão das estimativas dos componentes da variância genotípica de uma população. Os resultados indicaram que existe uma relação direta do nível endogâmico e do número de repetições com a precisão das estimativas; que a magnitude da precisão depende somente do nível endogâmico entre as fêmeas; e, em termos

teóricos e aplicados, que o uso de linhas endogâmicas S_1 se mostrou mais vantajoso. Com coeficiente de endogamia igual a 0,75, e duas repetições, obteve-se uma maior precisão da estimativa da variância aditiva, do que quando a endogamia dos progenitores e o número de repetições foram zero e cinco, respectivamente.

2.2. Delineamento famílias de irmãos completos

O uso de famílias de irmãos completos, sem parentesco entre indivíduos de progênes distintas tem sido muito utilizado e se mostrado eficiente no melhoramento de populações de milho (Paterniani e Miranda Filho, 1987), pois se trata de uma estratégia que possibilita aproveitar todos os tipos de ação gênica. Teoricamente, o método de seleção utilizando famílias de irmãos completos é mais eficiente que seleção massal ou seleção a partir de famílias de meios-irmãos, pois permite melhor controle parental, melhor utilização da variância genética e, portanto, as respostas à seleção são de maior magnitude (Ramírez-Díaz et al., 2000). Entretanto, os resultados relatados na literatura indicam certa superioridade da seleção com base em famílias de meios-irmãos, o que se deve à possibilidade de explorar maior tamanho efetivo da população, além de sua maior facilidade de condução.

A seleção de famílias de irmãos completos tem sido efetiva no melhoramento da produção de grãos e de outras características em milho. Depois de 10 ciclos de seleção de famílias de irmãos completos com as variedades 'Jarvis' e 'Indian Chief', Moll et al. (1984) obtiveram taxas de resposta à seleção de 3,50% e 1,40%, em produção, para cada variedade, respectivamente, e concluíram que a taxa de resposta à seleção parece estabilizar-se depois de oito ciclos de seleção.

Valois e Miranda Filho (1984) compararam famílias de irmãos completos usuais e as resultantes dos cruzamentos em cadeia. Os resultados indicaram superioridade das famílias de irmãos completos usuais,

com ganho em produção de grãos de 4,8%, com intensidade de seleção equivalente a 26,7%.

Garcia et al. (1999) conduziram experimento de seleção recorrente com famílias de irmãos completos, com o objetivo de aumentar a frequência de genes favoráveis para a característica produção de grãos. Foram utilizadas seis populações para formação das famílias, em dois ciclos de seleção. Em cada ciclo foram avaliadas 250 famílias de irmãos completos, sob uma intensidade de seleção equivalente a 30%. A resposta à seleção por ciclo variou de -1,60% a 3,74%, com uma média entre as seis populações de 1,71%.

Ramírez-Díaz et al. (2000) avaliaram a população de milho subtropical PABGT-CE, depois de cinco ciclos de seleção de famílias de irmãos completos, com o objetivo de quantificar a resposta à seleção de características de importância para o cultivo de milho em condições de alta e baixa umidade do solo. Os critérios de seleção eram: reduzir o porte da planta, reduzir o número de plantas acamadas e resistência à podridão da espiga. A seleção foi efetiva para reduzir em 7,48 cm a altura da planta e 5,83 cm à altura de espiga, por ciclo. A porcentagem de espigas com podridão reduziu 0,97% por ciclo e o acamamento diminuiu 1,17% por ciclo.

Com o objetivo de estimar os progressos genéticos com a implementação do primeiro ciclo de seleção recorrente na população de milho-pipoca UNB-2U, Daros et al. (2002) avaliaram setenta e cinco famílias de irmãos completos, em dois ambientes. Foram identificadas, por meio de seleção direta, as 50% progênies superiores em capacidade de expansão, sendo o mesmo procedimento realizado para produção de grãos. Em seguida a seleção foi feita em ambas às características, simultaneamente, totalizando 28% das progênies. Para completar as 30 progênies superiores para recombinação, 12% das famílias foram selecionadas com base apenas na capacidade de expansão. Estas 30 progênies foram utilizadas para recombinação. Foram estimadas herdabilidades com base na média de famílias, sendo que a estimativa para capacidade de expansão foi superior à da produção, com valores de 77,75% e 57,48%, respectivamente. As estimativas de ganho genético para produção e capacidade de expansão, no primeiro ciclo, foram 4,69% e 10,40%, respectivamente, considerados, pelos

autores, como relativamente elevados e um bom indicativo para continuação do programa.

A obtenção de famílias de irmãos completos, no entanto, tem uma desvantagem, pois é indispensável que as famílias sejam formadas utilizando polinizações manuais controladas. Borém e Miranda (2001) destacam que a seleção recorrente com famílias de irmãos completos tem sido utilizada com menor frequência, provavelmente devido ao maior tempo requerido na realização das polinizações manuais.

2.3. Delineamento famílias de meios-irmãos

No Brasil predominam os trabalhos envolvendo seleção entre e dentro de progênies de meios-irmãos, as quais permitem estimar a variância genética aditiva, a herdabilidade, e, conseqüentemente, o progresso esperado com a seleção, além de ser simples e rápido (Paterniani e Campos, 1999), permitindo obter duas gerações por ano.

Resultados apresentados por Arriel et al. (1993) evidenciaram valores de herdabilidade ao nível de médias de famílias superiores a 40%, com relação ao peso de espigas, na população de milho CMS-39.

Carvalho et al. (1994), ao avaliar a produção de grãos em três ciclos de seleção entre e dentro de progênies de meios-irmãos na população de milho BR 5028 – São Francisco, obtiveram estimativas de herdabilidade em nível de progênies de 56,50%, com estimativas de ganho com a seleção entre (10,50%) e dentro (4,90%) altos, correspondendo a um ganho/ciclo/ano de 15,40%. Para o ciclo I, o ganho esperado com a seleção entre as progênies, considerando uma intensidade de seleção equivalente a 10% e com base no desempenho das progênies nos dois locais, foi de 11%. Entre os locais, os ganhos obtidos foram de 12,10% e 7,80%. A estimativa do progresso médio obtido com os três ciclos de seleção foi de 10,60%, o que evidenciou o potencial genético da população para aumento da produção.

Com os objetivos de avaliar a população de milho Sintético Elite NT, selecionada para solos com baixa disponibilidade de nitrogênio e com sincronia de florescimentos masculino e feminino, e efetuar a estimação de parâmetros genéticos relativos à produção, Santos et al. (1995) avaliaram 144 famílias de meios-irmãos em ambientes sem estresse (N+) e com estresse (N-) de nitrogênio. As estimativas para o progresso genético esperado com seleção de 20% das famílias e de 10% das plantas dentro de famílias foram de 19,37 g/planta em N+ e de 12,78 g/planta para N-.

Bonomo (1997), estudando o ganho genético na população de milho Palha Roxa, sob quatro intensidades de seleção (6,12, 10,20, 14,28 e 20,41%), verificou que as populações obtidas (P_I, P_{II}, P_{III} e P_{IV}) a partir dos quatro níveis de intensidade de seleção apresentaram médias de produtividade superiores à população original, evidenciando ganho genético. As respostas esperada e observada, para produtividade, foram concordantes, embora os progressos realizados tenham sido inferiores aos valores preditos. Os ganhos percentuais preditos para produção nas populações P_I, P_{II}, P_{III} e P_{IV} foram, respectivamente, 23,05, 20,37, 18,58 e 16,58%, enquanto que os ganhos realizados foram 12,24, 8,86, 8,45 e 10,80%.

Contrastando com o milho comum, o número de cultivares de milho-pipoca disponível no mercado brasileiro é pequeno, fazendo com que o melhoramento intrapopulacional seja uma opção de desenvolvimento de novas variedades para uso *per se*. Pacheco et al. (1998) utilizou o método de seleção entre e dentro de progênies de meios-irmãos nas populações de milho-pipoca CMS-42 e CMS-43, com o objetivo de estimar os parâmetros genéticos e fenotípicos de algumas características, incluindo produção e qualidade. O coeficiente de herdabilidade no sentido restrito em nível de média de progênie, quanto à capacidade de expansão, foi da ordem de 60%, com expectativas de ganho com a seleção entre progênies de 16,80% para CMS-42 e 19,12% para a CMS-43. Com a seleção das 10 progênies superiores (5,2%) em produção de espigas/ha, estimou-se um ganho com a seleção entre progênies de 3,10%, em relação à média das estimativas obtidas nas duas populações.

Carvalho et al. (2000) avaliaram três ciclos de seleção entre e dentro de progênies de meios-irmãos da população de milho CMS-453, visando à obtenção de um material mais produtivo, entre outras qualidades. Os valores dos coeficientes de herdabilidade em nível de progênies, em todos os ciclos, foram relativamente elevados (52,16, 38 e 48,69%). Cada ciclo foi completado pela seleção e recombinação das 16 progênies superiores, correspondendo a uma intensidade de seleção de 8%. Na média dos três ciclos, obteve-se um ganho estimado de 11,62%, e o obtido foi de 3%, evidenciando o grande potencial da população em responder à seleção.

Cruz (2001) avaliou o desempenho de 183 famílias de meios-irmãos de milho-pipoca branco, dando ênfase principalmente às características capacidade de expansão e produção. As estimativas de ganho foram obtidas com base na quantidade de indivíduos selecionados, que foi considerada de 36 plantas (20%), chegando a 15,53% o ganho estimado para capacidade de expansão e a 12,77% para produção.

Ramalho et al. (2001) avaliou 168 famílias de meios-irmãos da população de milho CMS-39, visando aferir a potencialidade dessa população para a obtenção de forragem e verificar a possibilidade de selecionar famílias para as diferentes épocas de semeadura. Para o rendimento total de matéria seca, o comportamento dessas famílias foi coincidente nas três épocas de semeadura e a estimativa do ganho esperado com a seleção na média das famílias foi superior a 8,8%.

Com o objetivo de avaliar o potencial para melhoramento da população de milho-pipoca DFT1-Ribeirão, por meio da estimação de parâmetros genéticos e predição de ganhos com seleção entre famílias de meios-irmãos, Coimbra et al. (2002) avaliaram 121 famílias extraídas desta população. As herdabilidades no sentido restrito foram 67,84% e 60,97% para a produção de grãos e capacidade de expansão, respectivamente. Foram selecionadas dez famílias com base nas características capacidade de expansão e proporção de plantas acamadas, estimando-se redução de 35% na proporção de plantas acamadas, aumento de 9,58% na capacidade de expansão e redução de 2,67% na produtividade de grãos, em relação à população base.

Granate et al. (2002) avaliaram 166 famílias de meios-irmãos da população de milho-pipoca CMS-43 e compararam os ganhos preditos obtidos com a seleção simultânea de caracteres, utilizando vários índices de seleção e vários critérios de seleção. Com a utilização do índice de seleção de Smith e Hazel foi possível prever ganhos simultâneos para produção e capacidade de expansão, da ordem de 12,13%, sendo um pouco inferior ao valor obtido quando utilizado o índice de Pesek e Baker, 12,34%. O índice de Pesek e Baker estimou ganho predito conjuntos para produção e capacidade de expansão de 5,30%, quando usado o desvio-padrão genético como o valor dos ganhos desejados. Para estas mesmas características em conjunto, os ganhos preditos usando o índice de seleção livre de pesos e parâmetros foram 7,13%.

Para obter estimativas de parâmetros genéticos da população de milho CPATC-3, a fim de verificar o comportamento da variabilidade genética em relação à característica peso de espigas, Carvalho et al. (2003b) avaliaram 196 famílias de meios-irmãos, em três ciclos de seleção, com intensidade de seleção equivalente a 10% entre progênies. O coeficiente de herdabilidade no sentido restrito em nível de progênies, considerando o caráter peso de espigas, oscilou de 40,02% a 48,59%. Na média dos três ciclos obtiveram um ganho estimado de 13,62%, resultado semelhante ao encontrado por Carvalho et al. (2000).

Carvalho et al. (2003a) obtiveram estimativas dos parâmetros genéticos da variedade de milho BR 5028-São Francisco, submetida a 13 ciclos de seleção entre e dentro de progênies de meios-irmãos. Após a realização dos ensaios, foi praticada intensidade de seleção equivalente a 10% entre progênies. As progênies selecionadas foram recombinadas em lotes isolados e foram selecionadas 196 novas progênies, correspondendo a uma intensidade de seleção equivalente a 10% dentro das progênies, no mesmo ano agrícola. O ganho médio esperado com a seleção entre e dentro de progênies de meios-irmãos, por ciclo de seleção, nos três ciclos iniciais, foi de 10,6%. Os ganhos médios esperados e obtidos (ciclo/ano) entre os ciclos VI e XV foram de 20% e 4,03%, respectivamente.

No trabalho de Matta e Viana (2003), cujo objetivo foi elevar a capacidade de expansão e a produtividade da população de milho-pipoca

Beija-Flor, a seleção com base em capacidade de expansão e produção elevou a qualidade da população, com ganhos realizados da ordem de 10% em relação à população inicial, mas não a produtividade.

Pinheiro (2004), ao praticar seleção entre famílias de meios-irmãos de milho-pipoca, usando o índice de Mulamba e Mock, demonstrou que os ganhos preditos para o 1º e para o 2º ciclos (8% e 22% no 1º ciclo e 7,6% e 9,4% no 2º ciclo, para capacidade de expansão e produção, respectivamente) foram maiores que os realmente encontrados (5% e 0% no 1º ciclo e 5% e 25,6% no 2º ciclo, para capacidade de expansão e produção, respectivamente).

Paterniani et al. (2004) investigaram a variabilidade genética do Composto I Mo. Para isto, instalaram oito ensaios com 25 famílias de meios-irmãos cada, mais a população original e a testemunha comercial AL 30. Ao avaliar a característica produção de grãos, foi estimado um coeficiente de herdabilidade no sentido restrito em nível de progênies de 54%. Assumindo intensidade de seleção equivalente a 20% das melhores famílias, a expectativa de ganho na população foi de 7,9%.

Entre os esquemas existentes para melhoramento intrapopulacional de milho, o método com base em progênies de meios-irmãos vem sendo o mais utilizado, devido à sua facilidade de condução e eficiência em incrementar a frequência de genes favoráveis nas populações, permitindo a obtenção de progressos de forma rápida, em virtude de se realizarem até duas gerações por ano, com a recombinação das progênies selecionadas fora da estação normal de cultivo (Paterniani e Campos, 1999).

3. MATERIAL E MÉTODOS

3.1. Caracterização dos sistemas gênicos, das populações e das condições experimentais

Foram considerados sistemas gênicos com dez genes com distribuição independente, em um modelo aditivo-dominante, e população em equilíbrio de Hardy-Weinberg, e em equilíbrio de ligação gênica. Como as freqüências dos genes favoráveis numa população podem assumir infinitos valores entre 0 e 1, tentou-se representar todas as possíveis populações. Para representar uma população pouco melhorada foi considerado que 60% dos genes favoráveis estavam em baixa freqüência, que 30% estavam em freqüência intermediária e que 10% estavam em freqüência elevada. Assim, foi considerado que seis dos dez genes tinham freqüência do alelo favorável igual a 0,1, que três tinham freqüência igual a 0,5 e que um tinha freqüência igual a 0,9. Para representar populações com freqüências intermediárias dos genes favoráveis foi considerado que três

dos dez genes favoráveis estavam em frequência do alelo favorável igual a 0,4, que cinco estavam em frequência igual a 0,5 e que dois estavam em frequência igual a 0,6. E para representar uma população muito melhorada foi considerado um gene com alelo favorável com frequência igual a 0,1, três com frequência igual a 0,5 e seis com frequência igual a 0,9. Ficaram assim definidas três classes de populações.

Em cada classe de população foram considerados sete caracteres, representados por diferentes graus de dominância: 2 e -2 (sobredominância), 1 e -1 (dominância completa), $\frac{1}{2}$ e $-\frac{1}{2}$ (dominância parcial) e 0 (ausência de dominância). Com grau de dominância positivo, o gene favorável (admitido como aquele que aumenta a expressão do caráter) é dominante, enquanto que com grau de dominância negativo é recessivo.

Houve também variação nas condições experimentais, que resultou em mudanças quanto ao valor paramétrico da herdabilidade em sentido amplo, por meio da magnitude dos efeitos ambientais que foram introduzidos. Desta forma, foram consideradas situações de alta (90%), média (50%) e baixa (10%) herdabilidade. Devido à dificuldade de se conseguir exatamente o valor desejado de herdabilidade, foi permitido uma variação de 1 ponto percentual em torno do valor desejado.

3.2. Simulação dos genótipos, fenótipos e dos efeitos ambientais, e cálculo dos ganhos e das variâncias genotípica, genética aditiva e genética devida à dominância

Os dados deste trabalho foram obtidos por meio de simulação, utilizando planilhas desenvolvidas no programa Excel[®], da Microsoft[®]. Para tanto, independente da estratégia de seleção utilizada, inicialmente era definido o caráter determinando-se o grau médio de dominância e sentido de ação do alelo favorável. Eram atribuídos valores arbitrários de **m** (média dos valores genotípicos dos homozigotos) e **a** (desvio entre o valor genotípico do homozigoto de maior expressão e **m**) que permitia calcular o valor de **d**

(desvio entre o valor genotípico de heterozigoto e m), e eram feitas atribuições das frequências gênicas da população inicial.

Foram consideradas 200 famílias, avaliadas segundo o delineamento em blocos casualizados, com duas repetições. O controle parental foi definido igual a 1 (recombinação apenas de selecionados) e foram selecionadas as melhores 20 progênes com intensidade de seleção igual a 1,755 (equivalente a 10%), para compor o lote de recombinação. No primeiro ciclo de seleção havia a definição da amplitude do efeito ambiental, de forma que a herdabilidade obtida estivesse dentro do nível desejado.

Em seguida foi realizada a simulação dos genótipos dos genitores e das 50 plantas de cada progênie, nas duas repetições, e os cálculos dos valores genotípicos das plantas, a simulação dos efeitos ambientais e a determinação dos valores fenotípicos.

Nas análises de variância foram utilizadas as médias das famílias em cada repetição. A partir destes resultados foi feita a seleção entre famílias, com a identificação das vinte famílias superiores. Posteriormente, foi realizada a simulação dos genótipos no lote de recombinação (100 plantas em cada uma das 20 famílias selecionadas) e foram calculadas as frequências gênicas na população melhorada.

O ganho genético devido à seleção entre foi obtido pela diferença entre a média da população melhorada e a média da população original.

Com as frequências da população de ciclo 1, o processo se repetiu para obter as demais populações melhoradas dos ciclos 2 a 10. Cada processo de simulação dos 10 ciclos de seleção foi repetido 10 vezes. Os valores das variâncias genotípicas, genéticas aditivas e genéticas devido à dominância foram obtidas em função de a , d e das frequências genotípicas na população.

Na simulação das progênes de famílias de irmãos completos foi considerada a presença de 200 plantas que foram cruzadas par a par, formando 200 famílias. Foram selecionadas as 20 melhores famílias de irmãos completos.

Na simulação das progênies de famílias de meios-irmãos, foram utilizadas 200 plantas consideradas fêmeas que receberam pólen da população. Foram selecionadas as 20 melhores famílias de meios-irmãos.

Na simulação das progênies de famílias de irmãos completos obtidas utilizando o Delineamento I, foi considerada a presença de 50 plantas, designadas machos, que foram cruzadas com outras 200, tomadas ao acaso, designadas fêmeas, de modo que cada macho foi cruzado com um grupo de quatro fêmeas diferentes. Foram utilizadas as seguintes estratégias de seleção: seleção entre famílias de irmãos completos, onde foram selecionadas as 20 famílias que apresentaram os melhores desempenhos, sem levar em consideração o desempenho das famílias de machos a que elas pertenciam; e seleção em tandem, onde inicialmente foram selecionadas as vinte melhores famílias de meios-irmãos (seleção dos melhores machos) e, dentro de cada família selecionada, uma família de irmãos completos, perfazendo um total de 20 famílias geneticamente superiores.

4. RESULTADOS E DISCUSSÃO

Nas Tabelas 1, 6, 11 e 16 são apresentados os valores mínimos, médias e máximos de ganhos realizados médios, após 10 ciclos de seleção, utilizando-se seleção entre famílias de irmãos completos, seleção entre famílias de irmãos completos obtidas utilizando o Delineamento I, seleção em tandem e seleção entre famílias de meios-irmãos.

O tamanho da população tem grande influência na resposta à seleção. Neste trabalho foi fixado em 200, o que corrobora com o que foi proposto por Pinto et al. (2000), que este seria um número de progênie ideal, independente do tipo de população. Entretanto, Wei et al. (1996) citam, que para seleção em longo prazo, em pequenas populações, outros fatores, como estrutura da população e estratégia de seleção, devem ser incorporados para predizer a resposta acumulada da seleção.

Em programas de melhoramento de plantas, geralmente os caracteres de importância econômica são controlados por um grande número de genes de pequeno efeito, que são influenciados pelas condições ambientais, os quais são denominados de caracteres quantitativos. Em milho, a grande maioria dos caracteres de importância econômica são

quantitativos, podendo-se citar produção de grãos, diâmetro da espiga, peso do grão, prolificidade, altura da planta, dentre outros.

4.1. Sobredominância

Inicialmente foram analisados os caracteres determinados por sistema gênico no qual predomina sobredominância. Supor sobredominância não é um exagero, pois em alguns trabalhos experimentais as estimativas de grau médio de dominância foram superiores a 1. Em relação à produção de milho Robinson et al. (1949), Cockerham e Zeng (1996), Edwards e Lamkey (2002), Silva (2002) e Aguiar (2003), obtiveram estimativas de 1,64, 1,96, 2,57, 1,48 e 1,47, respectivamente. Como as estimativas de grau médio de dominância apresentam elevados desvios padrões, a dominância completa não pode ser ignorada para esta característica.

Considerando sobredominância, foram obtidos ganhos entre 0,5 a 7% (Tabela 1), variando conforme a frequência dos genes favoráveis em cada população, eficiência do controle ambiental e a estratégia de seleção. Apesar de serem valores obtidos por simulação, admitindo sistema gênico com 10 genes, sem epistasia, com equilíbrio de ligação, os números são corroborados por valores preditos e realizados, obtidos experimentalmente. Granate et al. (2002), ao avaliarem famílias de meios-irmãos de milho-pipoca, obtiveram estimativas de ganhos preditos para produção de grãos de 4,22%, ao utilizar o índice de seleção de Smith e Hazel, com pesos econômicos 1 e 450, para produção e capacidade de expansão, e ao utilizar o índice de seleção de Pesek e Baker, e de 6,08% ao utilizar o índice de seleção livre de pesos e parâmetros. Pereira e Amaral (2001) também estimaram ganhos para produção de milho-pipoca, utilizando famílias de irmãos completos obtidas utilizando o Delineamento I, sendo os valores semelhantes ou um pouco maiores aos encontrados neste trabalho, de 6,26% ao selecionar entre famílias de meios-irmãos e de 9,42% ao selecionar entre famílias de irmãos completos. Deve-se destacar que, além de serem valores preditos, e, por tanto, viesados, referem-se a um ciclo de

seleção. Valores de ganhos médios por ciclo, assumindo sobredominância, são apresentados nas Tabelas 2, 3, 4 e 5. Os ganhos obtidos nos primeiros ciclos de seleção entre famílias de irmãos completos obtidas utilizando o Delineamento I variaram entre 0,52 a 12,67% (Tabelas 3 e 4), comparáveis aos obtidos pelos trabalhos anteriormente citados. Silva (1990), ao trabalhar com populações de milho, utilizando o Delineamento I, estimou, após um ciclo de seleção entre famílias de meios-irmãos, ganhos de 2,68% e 6,58% para produção de grãos, nas populações Piranão VD-2 e Piranão VF-1.

4.1.1. Gene favorável dominante

Quando a população era pouco melhorada, foi possível obter ganhos que variaram entre 2,26% e 3,05% (Tabela 1), comparáveis aos estimados por Silva (1990), utilizando o Delineamento I, para outras características relacionadas com a produção, tais como rendimento de espiga e peso de espigas. Neste trabalho, os ganhos esperados foram da ordem de 2,17% e 1,66%, respectivamente. Andrade et al. (2002), Scapim et al. (2002) e Bordallo et al. (2005) observaram que a característica produção de grãos é provavelmente controlada por gene favorável dominante. Em população pouco melhorada, sob condição de baixa herdabilidade, sendo os genes favoráveis dominantes, a melhor estratégia de seleção foi em tandem, que proporcionou ganho 9% superior à seleção de famílias de meios-irmãos (Tabela 1), que apresentou o menor ganho.

Na Tabela 5, no 3º ciclo de seleção entre famílias de meios-irmãos em população pouco melhorada e herdabilidade igual a 50%, o valor médio de ganho realizado foi 3,38%, resultados estes corroborados pelos encontrados por Carvalho et al. (2000), que obteve 3% de ganho na produção de grãos após três ciclos de seleção entre famílias de meios-irmãos da população de milho CMS-453.

Em população com freqüências gênicas intermediárias, com baixa herdabilidade, a seleção em tandem apresentou maior ganho, sendo 23,8%

superior ao proporcionado por seleção entre famílias de meios-irmãos, que apresentou o menor ganho.

Em população muito melhorada, sob baixa eficiência do controle ambiental (herdabilidade igual a 10%), os ganhos obtidos foram muito semelhantes, independente do método de seleção utilizado, com pequeno destaque para seleção entre famílias de meios-irmãos que apresentou ganho 2,9% superior ao apresentado pela seleção em tandem, que apresentou o menor ganho médio ao longo de 10 ciclos de seleção.

Considerando a herdabilidade igual a 50%, a seleção entre famílias de irmãos completos apresentou maior ganho em população pouco melhorada, embora estes resultados tenham sido muito semelhantes aos obtidos com os métodos de seleção utilizando o Delineamento I, e 11,9% superior ao proporcionado com a seleção entre famílias de meios-irmãos.

Em população com frequências gênicas intermediárias, sob herdabilidade igual a 50%, o ganho proporcionado com a estratégia de seleção em tandem foi 57,2% superior ao proporcionado com a seleção entre famílias de meios-irmãos, que apresentou o menor ganho.

Em população muito melhorada, sob herdabilidade igual a 50%, as estratégias de seleção utilizando famílias de irmãos completos apresentaram ganhos muito semelhantes, com destaque para seleção em tandem, que proporcionou maior ganho, sendo 26,8% superior ao proporcionado pela seleção entre famílias de meios-irmãos.

Com alta herdabilidade e população pouco melhorada os métodos de seleção utilizando famílias de irmãos completos apresentaram valores de ganhos reais muito semelhantes, se destacando a seleção em tandem, que foi 14,1% superior à seleção entre famílias de meios-irmãos.

É possível observar na Tabela 5, com seleção entre famílias de meios-irmãos, com população pouco melhorada e bom controle ambiental (herdabilidades entre 50% e 90%) ganhos de 6,76 e 8,42%, corroborados pelos ganhos reais apresentados no trabalho de Bonomo (1997). O autor trabalhou com famílias de meios-irmãos com herdabilidade em torno de 72% e obteve ganhos, após o primeiro ciclo de seleção, de 8,86 e 8,45%, utilizando dois níveis de intensidade de seleção, equivalentes a 10,20 e 14,28%, respectivamente. Furtado (1996), que empregou o Delineamento I,

obteve estimativas de ganhos de 4,6% para seleção em tandem e 5% para seleção entre famílias de irmãos completos, valores próximos aos encontrados nas condições deste trabalho, com população pouco melhorada e herdabilidade entre 50 e 90% (3,02 e 3,03%, respectivamente).

Em populações com frequências gênicas intermediárias e bom controle ambiental (herdabilidade igual a 90%), os ganhos foram menores que 1% em todas as estratégias de seleção. Resultados semelhantes foram encontrados por Garcia et al. (1999), ao trabalharem com famílias de irmãos completos, evidenciando a eficiência deste processo de simulação, quando comparado com trabalhos da literatura. Nestas condições, mereceu destaque negativo a seleção entre famílias de meios-irmãos, como a estratégia que apresentou os menores ganhos, sendo 76,3% inferior ao obtido com a seleção em tandem, que apresentou o maior ganho.

Em população muito melhorada, com alta herdabilidade, a seleção entre famílias de irmãos completos apresentou maior ganho, sendo 32,5% superior ao ganho obtido com a seleção entre famílias de meios-irmãos, que apresentou os mais baixos resultados.

É possível perceber, na Tabela 1, que quando os genes favoráveis são dominantes, em situação de sobredominância, a eficiência da seleção foi maior em populações pouco melhoradas. Em 66% dos casos de sobredominância, cujo gene favorável era dominante, a estratégia de seleção em tandem se destacou, por proporcionar os maiores ganhos, contrastando com a seleção entre famílias de meios-irmãos, que pode ser considerada como a pior estratégia, em relação aos ganhos reais, em 88,8% dos casos analisados.

4.1.2. Gene favorável recessivo

Quando o gene favorável era recessivo, nas três condições ambientais, os ganhos foram consideravelmente maiores que nas condições onde o gene favorável era dominante. Os valores de ganhos médios

realizados variaram entre 2,04 a 7,27% (Tabela 1), após 10 ciclos de seleção.

Em população pouco melhorada, a seleção entre famílias de meios-irmãos apresentou os menores ganhos obtidos, independente da condição ambiental considerada. Em condições de baixa herdabilidade, a seleção entre famílias de irmãos completos obtidas utilizando o Delineamento I, apresentou ganho 9,3% superior ao obtido com a seleção entre famílias de meios-irmãos e muito semelhante aos obtidos com as demais estratégias de seleção analisadas.

Em população pouco melhorada, sob herdabilidade de 50%, a seleção em tandem se destacou como a estratégia que proporcionou o maior ganho, sendo 5,3% superior ao obtido com a seleção entre famílias de meios-irmãos.

Em população pouco melhorada, em condições ambientais ainda mais favoráveis (com herdabilidade igual a 90%), a seleção entre famílias de irmãos completos obtidas utilizando o Delineamento I se destacou, apresentando o maior ganho, sendo 13,8% superior ao proporcionado com a seleção entre famílias de meios-irmãos.

Em população com frequências gênicas intermediárias, nas três condições ambientais analisadas neste trabalho, a estratégia de seleção entre famílias de meios-irmãos apresentou os maiores ganhos. Portanto, o melhor método a ser utilizado. Os ganhos variaram entre 4,45 a 7,27%. Com herdabilidade em torno de 10%, o ganho com seleção entre famílias de meios-irmãos foi 14,7% superior ao obtido com seleção entre famílias de irmãos completos, que apresentou o menor ganho. Com herdabilidade em torno de 50%, o ganho obtido com a seleção entre famílias de meios-irmãos foi 9,6% superior ao obtido com a seleção em tandem, que proporcionou o menor ganho. Ao melhorar ainda mais as condições ambientais (herdabilidade em torno de 90%), têm-se os maiores ganhos obtidos nos caracteres com controle genético de sobredominância, destacando-se novamente a seleção entre famílias de meios-irmãos, com ganho 11% superior ao obtido com a estratégia de seleção em tandem, que apresentou o menor resultado.

Em população muito melhorada, a seleção entre famílias de irmãos completos obtidas utilizando o Delineamento I apresentou os maiores ganhos reais, tanto em condições de herdabilidade baixa (10%) ou alta (90%). A seleção em tandem se destacou como a estratégia que proporcionou o maior ganho em casos de herdabilidade igual a 50%, demonstrando que, nestas condições, as estratégias de seleção utilizando o Delineamento I como sugerido por Comstock e Robinson (1948), são mais vantajosas.

É possível perceber, na Tabela 1, que em situações onde predomina sobredominância e os genes favoráveis são recessivos, a eficiência de seleção foi maior na população com freqüências gênicas intermediárias, e a seleção entre famílias de meios-irmãos apresentou os maiores ganhos médios, ao longo de dez gerações de seleção. Mas, ao avaliar todos os casos de sobredominância, com gene favorável recessivo, a seleção entre famílias de meios-irmãos se mostra a pior estratégia de seleção em 55,6% das situações, em contraste com a seleção entre famílias de irmãos completos obtidas utilizando o Delineamento I, que apresentou os maiores ganhos em 44,5% das situações.

4.2. Dominância completa

Foram avaliados os caracteres determinados por sistema gênico no qual predomina dominância completa. Embora Robinson et al. (1949), Cockerham e Zeng (1996), Silva (2002) e Aguiar (2003) tenham indicado que a característica produção de grãos seja controlada geneticamente por efeitos de sobredominância, estes mesmos autores deixam claro que não se pode ignorar dominância completa neste caráter. Robinson et al. (1949) ao avaliarem o caráter diâmetro de espigas, estimaram o grau médio de dominância igual a 1,21, e Aguiar (2003) estimou grau médio de dominância igual a 1,04 para o caráter número de grãos por fileira caracterizando dominância completa.

Os ganhos médios, após dez ciclos de seleção, nas situações onde o caráter avaliado foi controlado geneticamente por efeitos de dominância completa são apresentados na Tabela 6, e variaram entre 0,67 a 4,73%, de acordo com o tipo de população e o controle ambiental considerado. Os ganhos por ciclo de seleção são apresentados nas Tabelas 7, 8, 9 e 10.

Os valores de ganhos reais apresentados neste trabalho, foram de magnitude semelhante aos encontrados na literatura para a cultura de milho. Pacheco et al. (1998) avaliaram 196 famílias de meios-irmãos e estimaram ganhos da ordem de 3,06% e 3,15% para a característica peso de espigas. Na Tabela 6 é possível observar, em condições onde a população é pouco melhorada e com herdabilidade de 90%, ganho de 3,16%; e em população com frequências gênicas intermediárias e herdabilidade em torno de 10%, ganho de 3,13%.

Ao serem utilizadas estratégias de seleção com famílias de irmãos completos obtidas utilizando o Delineamento I, os ganhos reais variaram entre 0,68 a 4,58% (Tabela 6). No trabalho conduzido por Silva (1990), utilizando o Delineamento I, ao avaliar famílias de irmãos completos os ganhos preditos foram iguais a 2,21% para a característica diâmetro de espiga, 1,89% para número de grãos por fileira e 1,92% para número de fileiras de grãos para a população de milho Piranão VF-1; e na população Piranão VD-2 estimou ganho de 0,66% para a característica número de fileiras de grãos.

Carvalho et al. (2000) ao trabalharem com famílias de meios-irmãos, em três ciclos de seleção, obtiveram um ganho médio/ciclo, com a seleção entre e dentro de 3% para a característica peso de espigas. Os resultados obtidos por Carvalho et al. (2003b) são concordantes com o anterior, pois ao avaliarem famílias de meios-irmãos entre o ciclo de seleção VI e XV, obteve um ganho médio/ciclo de 4,03%. Estes resultados corroboram os obtidos por simulação apresentados nas Tabelas 6 e 10.

Daros et al. (2002) trabalharam com famílias de irmãos completos em uma população de milho-pipoca, e estimaram ganhos de 4,7%, indicando mais uma vez a importância dos resultados obtidos neste trabalho, pela concordância destes com os encontrados na literatura.

É possível observar na Tabela 6, que em 83,3% dos casos de dominância completa os ganhos obtidos com a seleção entre famílias de meios-irmãos foram os mais baixos apresentados, sendo esta a pior estratégia de seleção utilizada para os caracteres que são controlados por este efeito gênico.

4.2.1. Gene favorável dominante

Ao considerar dominância completa e o gene favorável dominante, em população pouco melhorada ou população com frequências gênicas intermediárias, independente da condição ambiental e da estratégia de seleção utilizada, os ganhos foram superiores aos obtidos em populações muito melhoradas (Tabela 6).

Nas situações em que a herdabilidade é igual a 10% e população pouco melhorada, a seleção entre famílias de irmãos completos obtidas utilizando o Delineamento I apresentou maior ganho, sendo 26,4% superior a estratégia de seleção entre famílias de irmãos completos. Nas mesmas condições ambientais, em população com frequências gênicas intermediárias, quem se destacou foi a seleção em tandem, com ganho 17,2% superior ao obtido com a seleção entre famílias de meios-irmãos, a pior estratégia de seleção nestas condições. Em população muito melhorada os ganhos com as estratégias de seleção utilizando o Delineamento I, entre famílias de irmãos completos e seleção em tandem, foram 11,4% superior ao encontrado com a seleção entre famílias de meios-irmãos.

Com população pouco melhorada, em condições experimentais cuja herdabilidade é igual a 50%, a seleção entre famílias de irmãos completos, apresentou ganho 7,7% superior ao proporcionado com a seleção entre famílias de meios-irmãos, que apresentou o pior resultado.

Em população com frequências gênicas intermediárias, com herdabilidade igual a 50%, a seleção entre famílias de meios-irmãos se manteve como a pior estratégia de seleção, sendo seu resultado 25%

inferior ao obtido com a seleção em tandem que se destacou, nestas condições, como a melhor estratégia de seleção.

Quando a herdabilidade estava em torno de 90%, não houve diferença entre as estratégias de seleção tanto em população pouco melhorada quanto em população muito melhorada. Pois, nestas populações, a seleção em tandem obteve os maiores ganhos, resultados estes muito semelhantes aos obtidos pelas outras estratégias utilizando famílias de irmãos completos, sendo 6,9 e 25,3% superior ao apresentado com a seleção entre famílias de meios-irmãos na população pouco melhorada e população muito melhorada, respectivamente. Em população com freqüências gênicas intermediárias a seleção entre famílias de irmãos completos obtidas utilizando o Delineamento I apresentou maior ganho, sendo 27,2% superior ao obtido com a seleção entre famílias de meios-irmãos.

Nestas condições, onde o caráter é predominantemente controlado por efeitos gênicos de dominância completa e o gene favorável é dominante, a seleção entre famílias de meios-irmãos se apresentou em todas as situações, independente do controle ambiental e da população, como a pior estratégia de seleção. A estratégia de seleção entre famílias de irmãos completos e a seleção em tandem apresentaram os maiores ganhos reais na maioria das situações consideradas de dominância completa e o gene favorável é dominante.

4.2.2. Gene favorável recessivo

É possível perceber, que em sistema gênico controlado por dominância completa com gene favorável recessivo, todas as condições com herdabilidade igual a 10%, a estratégia de seleção entre famílias de meios-irmãos proporcionou os menores ganhos (Tabela 6). Em população pouco melhorada a seleção entre famílias de meios-irmãos foi 37% inferior a melhor estratégia, seleção entre famílias de irmãos completos. Na situação em que a população apresentava freqüências gênicas intermediárias e em

população muito melhorada, o ganho real com a seleção entre famílias de irmãos completos obtidas utilizando o Delineamento I foi 11,7 e 21,3%, respectivamente, superior ao observado com a seleção entre famílias de meios-irmãos.

Com população pouco melhorada, com herdabilidade em torno de 50%, a seleção entre famílias de irmãos completos se destacou das demais estratégias testadas, pois apresentou ganho cerca de 35,7% superior aos encontrados com as estratégias de seleção em tandem e seleção entre famílias de meios-irmãos, que apresentaram os menores ganhos. População com frequências gênicas intermediárias, sob herdabilidade em torno de 50%, apresentou, de modo geral, ganhos muito próximos, independente da estratégia de seleção, se destacando apenas a seleção entre famílias de irmãos completos, com ganho real 3,5% inferior às demais estratégias avaliadas. Com população muito melhorada a seleção entre famílias de irmãos completos se destacou novamente, mas agora de forma positiva, pois obteve ganho 15% superior ao obtido pela estratégia de seleção entre famílias de meios-irmãos que apresentou o menor ganho.

Para a população pouco melhorada, sob herdabilidade igual a 90%, a seleção entre famílias de irmãos completos obtidas utilizando o Delineamento I foi 13,6% superior ao apresentado pela seleção em tandem que apresentou o menor resultado.

Para as situações em que as condições ambientais se tornaram bem favoráveis (herdabilidade em torno de 90%) e a população apresentou frequências gênicas intermediárias, tem-se o único caso, cujo caráter indica controle de dominância completa, em que a estratégia de seleção entre famílias de meios-irmãos apresentou maior ganho quando comparado com as demais estratégias avaliadas neste trabalho. No entanto, os valores foram semelhantes aos obtidos pela seleção em tandem e cerca de 6,2% superior as outras duas estratégias avaliadas, não demonstrando ainda a superioridade desta estratégia de seleção em relação às demais apresentadas.

Em população muito melhorada, sob herdabilidade igual a 90%, a seleção em tandem volta a se destacar de forma positiva, ao obter maior

ganho, em torno de 11% superior a pior estratégia, seleção entre famílias de meios-irmãos.

Nestas condições, onde o caráter apresenta controle dos efeitos gênicos de dominância completa e o gene favorável é recessivo, a seleção entre famílias de meios-irmãos se apresentou em 66,6% das situações avaliadas como a pior estratégia de seleção, e a seleção entre famílias de irmãos completos obtidas utilizando o Delineamento I se destacou positivamente em 44,5% das situações como a estratégia que apresentou os melhores ganhos reais.

4.3. Dominância parcial

As estimativas de grau médio de dominância indicam que para as características altura de planta, altura de espiga, número de espigas, prolificidade, número de fileiras de grãos por espiga, peso de 500 grãos e capacidade de expansão, para a cultura de milho, sejam controladas geneticamente por efeitos de dominância parcial (Robinson et al., 1949; Cockerham e Zeng, 1996; Silva, 2002 e Aguiar, 2003). Na Tabela 11 são apresentados os valores médios, mínimos e máximos de ganhos médios, obtidos após 10 ciclos de seleção, em diferentes condições ambientais e populacionais em que o caráter foi representado por dominância parcial. Os ganhos variaram entre 0,88% a 4,72%, concordantes com os valores encontrados na literatura para características que apresentam efeito de controle gênico de dominância parcial, embora estas estimativas são normalmente obtidas a partir de ganhos indiretos.

Resultados apresentados por Silva (1990) dão veracidade aos resultados simulados apresentados na Tabela 11, pois este autor estimou ganhos percentuais de 0,66 e 1,92% para a característica número de fileiras de grãos, 0,43 e 1,10% para altura de planta e 1,99 e 2,53% para altura de espiga nas duas populações de milho avaliadas em Delineamento I.

Ao avaliarem famílias de meios-irmãos, Coimbra et al. (2002) estimaram para a característica altura de planta ganho de 0,33% após um

ciclo de seleção; para a característica altura de espiga, Pacheco et al (1998) estimou ganhos de 0,07 e 1,32% após o segundo ciclo de seleção nas duas populações em que ele avaliou; e Bonomo (1997) estimou ganhos entre 2% e 3% para as características altura de plantas e altura de espiga, variando de acordo com a intensidade de seleção utilizada sobre o caráter peso de grãos. Embora, estes resultados sejam, na sua grande maioria, valores preditos e refere-se a ganho indireto, por tanto, viesados. As Tabelas 12, 13, 14 e 15 apresentam valores de ganhos obtidos por ciclo de seleção, que podem ser comparados aos encontrados na literatura.

A Tabela 11 apresenta uma visão geral do desempenho de cada estratégia de seleção, sendo possível notar que em 66,7% dos casos de dominância parcial os ganhos obtidos com a seleção entre famílias de irmãos completos obtidas utilizando o Delineamento I foram os mais altos apresentados, e 77,8% das situações avaliadas a seleção entre famílias de meios-irmãos foi a pior estratégia de seleção utilizada para os caracteres que são controlados por este efeito gênico.

4.3.1. Gene favorável dominante

Ao considerar sistema gênico com dominância parcial, Andrade et al. (2002), Scapim et al. (2002) e Bordallo et al. (2005) estimaram que as características altura de planta e altura de espiga em milho, apresentam dominância parcial unidirecional positiva, isto é, o gene favorável é dominante.

Com herdabilidade em torno de 10%, nas três populações consideradas, a seleção entre famílias de irmãos completos obtidas utilizando o Delineamento I, esteve entre as estratégias que proporcionou maiores ganhos. Em população pouco melhorada esta estratégia apresentou resultados 54,4% superior ao proporcionado por seleção entre famílias de irmãos completos que apresentou o menor ganho médio após 10 ciclos de seleção. Em população com frequências gênicas intermediárias e população muito melhorada, as estratégias de seleção com famílias de irmãos

completos apresentaram resultados semelhantes, mas com destaque para seleção entre famílias de irmãos completos obtidas utilizando o Delineamento I sendo 27,8 e 7,6% superior a seleção entre famílias de meios-irmãos que foi a pior estratégia.

Os ganhos médios no primeiro ciclo de seleção entre famílias de meios-irmãos, em população muito melhorada e herdabilidade de 50 e 90% foram de 2,59 e 3,07%, respectivamente (Tabela 15). Estes valores são próximos aos encontrados por Bonomo (1997) para as características altura de plantas e altura de espiga, com herdabilidades de 68,2 e 70,2% os ganhos realizados foram 2,9 e 3,58%, com intensidade de seleção equivalente a 6,12%.

Para características com herdabilidade próxima de 50%, as estratégias de seleção com famílias de irmãos completos se destacaram proporcionando maiores ganhos. Quando a população é pouco melhorada, os ganhos obtidos com seleção entre famílias de meios-irmãos é cerca de 11% inferior aos obtidos com a seleção em tandem, que apresentou o melhor ganho realizado. Em população com frequências gênicas intermediárias a seleção entre famílias de irmãos completos obtidas utilizando o Delineamento I apresentou o maior ganho, sendo 13,9% superior a estratégia de seleção entre famílias de meios-irmãos. Em população muito melhorada as estratégias de seleção entre famílias de irmãos completos são bem similares, e em torno de 15,4% superior aos resultados obtidos com a seleção entre famílias de meios-irmãos.

Em condições ambientais com herdabilidade em torno de 90% e população pouco melhorada, encontra-se uma situação, em que a estratégia de seleção entre famílias de meios-irmãos se destaca, obtendo os maiores ganhos entre as estratégias avaliadas neste trabalho, sendo o ganho real, aproximadamente, 16% superior que as demais estratégias. Nas demais populações consideradas neste estudo a seleção entre famílias de meios-irmãos apresentou os mais baixos ganhos realizados ao longo de 10 ciclos de seleção, sendo 14,7% inferior ao obtido com a seleção entre famílias de irmãos completos obtidas utilizando o Delineamento I, em população com frequências gênicas intermediárias; e 19,2% inferior ao obtido pela seleção em tandem com população muito melhorada.

Ao observar o desempenho de cada estratégia de seleção, nota-se que em 77,8% dos casos de dominância parcial, cujo gene favorável é dominante, a seleção entre famílias de meios-irmãos foi a pior estratégia de seleção ao comparar os ganhos obtidos após 10 ciclos de seleção. A seleção entre famílias de irmãos completos obtidas utilizando o Delineamento I apresentou os mais altos ganhos realizados em 66,7% das situações avaliadas.

4.3.2. Gene favorável recessivo

Foram analisados os caracteres determinados por sistema gênico no qual predomina dominância parcial e o gene favorável é recessivo, condição completamente possível, uma vez que resultados apresentados por Andrade et al. (2002) e Scapim et al. (2002) indicaram que a característica capacidade de expansão em milho-pipoca apresenta dominância parcial bidirecional.

Na Tabela 15 é possível observar ganhos realizados médios no primeiro ciclo de seleção de 5 e 7%, em condições ambientais onde a herdabilidade é igual a 50 e 90%, com populações com frequências gênicas intermediárias e muito melhorada, tanto quando o gene favorável era dominante ou recessivo. Daros et al. (2002) estimaram ganhos de 10,4% para capacidade de expansão quando praticaram seleção entre famílias de irmãos completos e herdabilidade igual a 77,75%.

É possível observar no primeiro ciclo de seleção entre famílias de meios-irmãos (Tabela 15), ganhos realizados de 1 e 5,3% em condições de herdabilidade baixa e média (10 e 50%) em todas as populações consideradas. Estes valores são comparáveis aos apresentados por Matta e Viana (2003) que obtiveram na população de milho-pipoca Beija-Flor ganho total realizado, devido à seleção entre famílias de meios-irmãos, de 5% para capacidade de expansão, em condições de herdabilidade de 26,79%. Estes resultados são indicadores da eficiência do método de simulação utilizado.

Ao observar os valores médios de ganhos, ao longo de 10 ciclos de seleção, em condições de herdabilidade igual a 10%, a seleção entre famílias de meios-irmãos se apresenta como a pior estratégia quando comparada as demais estratégias avaliadas neste trabalho. Com população pouco melhorada a seleção entre famílias de irmãos completos obtidas utilizando o Delineamento I apresentou maior ganho, em torno de 22,9% superior ao valor obtido com a seleção entre famílias de meios-irmãos. Este mesmo comportamento se repetiu quando a população apresentava freqüências gênicas intermediárias, pois a seleção entre famílias de irmãos completos obtidas utilizando o Delineamento I também se destacou, sendo 16,3% superior a seleção entre famílias de meios-irmãos. Em população muito melhorada a seleção entre famílias de irmãos completos apresentou o maior ganho, sendo 22,7% superior ao encontrado com a seleção entre famílias de meios-irmãos.

Quando a herdabilidade é igual a 50%, a estratégia de seleção entre famílias de meios-irmãos permanece como a pior estratégia de seleção, apresentando sempre o menor ganho real, quando comparado as demais estratégias de seleção avaliadas neste trabalho. Quando a população é pouco melhorada, a seleção em tandem apresenta ganho realizado cerca de 35,4% superior ao proporcionado com a seleção entre famílias de meios-irmãos. Em população intermediária, embora a seleção entre famílias de meios-irmãos apresente o menor ganho, foi apenas 2% inferior ao apresentado pelas demais estratégias de seleção. Quando a população era muito melhorada, os métodos de seleção utilizando famílias de irmãos completos foram muito semelhantes, com pequeno destaque para a seleção entre famílias de irmãos completos obtidas utilizando o Delineamento I, que foi 15,8% superior aos resultados apresentados com a seleção entre famílias de meios-irmãos.

Com população pouco melhorada e herdabilidade igual a 90%, houve um comportamento semelhante ao que ocorreu quando o gene favorável era dominante, o ganho obtido com a seleção entre famílias de meios-irmãos foram os mais altos nesta condição, sendo 5% superior as estratégias de seleção em tandem. Na população intermediária a seleção entre famílias de irmãos completos obtidas utilizando o Delineamento I se destacou como a

melhor estratégia, 2,9% superior aos resultados obtidos com as demais estratégias de seleção avaliadas. Na situação em que a população era muito melhorada, as estratégias de seleção com famílias de irmãos completos apresentaram resultados muito semelhantes, sendo 10% superior ao proporcionado por seleção entre famílias de meios-irmãos.

A estratégia de seleção entre famílias de meios-irmãos apresentou ganhos reais inferiores às demais estratégias analisadas em 88% das situações observadas, em que o sistema era caracterizado por dominância parcial e o gene favorável era recessivo. A seleção entre famílias de irmãos completos obtidas utilizando o Delineamento I, apresentou os mais altos valores de ganhos médios realizados em 66,7% das situações avaliadas, semelhante ao que ocorreu com dominância parcial e gene favorável dominante.

4.4. Ausência de dominância

Na Tabela 16 são apresentados valores mínimos, médios e máximos de ganho realizado ao longo de 10 ciclos de seleção onde o caráter é representado por ausência de dominância. Condição esta possível, uma vez que Robinson et al. (1949) apresentaram estimativas de grau médio de dominância para altura de espigas em milho próximas de 0, indicando baixa ou completa ausência de dominância. Estes resultados, no entanto, não excluem a possibilidade de existência de uma ação gênica de dominância parcial em um ou mais locos.

Os percentuais de ganhos médios realizados variaram entre 1,03% a 4,34% (Tabela 16), de acordo com a estratégia de seleção, tipo de população e condição ambiental considerada. Pacheco et al. (1998) estimaram ganhos para a característica altura de espiga de 1,32%, com seleção entre famílias de meios-irmãos, quando a herdabilidade era próxima a 36%, no segundo ciclo de seleção. Estes valores são semelhantes aos apresentados na Tabela 16, em situações onde a população é muito melhorada, independente da condição ambiental; e podem ser comparados

com os apresentados na Tabela 17, que apresentam valores de ganhos entre 1% e 2%, nas três populações, em condições ambientais com herdabilidade igual a 10%, no segundo ciclo de seleção.

Para a característica altura de espiga, Silva (1990) estimou ganho de 1,99% e 2,53%, nas duas populações em que ele avaliou com seleção entre famílias de irmãos completos obtidas utilizando o Delineamento I, concordantes com os valores apresentados na Tabela 16, em população com freqüências gênicas intermediárias e muito melhoradas. Estes valores também são concordantes com os valores encontrados na Tabela 18, quando se observa o ganho obtido após o primeiro ciclo de seleção, em todas as populações com herdabilidade igual a 10%.

Sob baixa eficiência do controle ambiental (herdabilidade igual a 10%), o ganho com a seleção entre famílias de meios-irmãos foi aproximadamente 30% inferior ao proporcionado pela seleção entre famílias de irmãos completos obtidas utilizando o Delineamento I, que apresentou os maiores ganhos, em todas as populações consideradas.

Com herdabilidade igual a 50% e população pouco melhorada, a estratégia de seleção entre famílias de irmãos completos obtidas utilizando o Delineamento I apresentou ganhos reais 13% superior ao proporcionado pela seleção entre famílias de meios-irmãos. Na população com freqüências gênicas intermediárias a seleção entre famílias de irmãos completos obtidas utilizando o Delineamento I apresentou o maior ganho, sendo 11,5% superior ao observado com a seleção entre famílias de meios-irmãos. Em população muito melhorada a seleção entre famílias de irmãos completos obtidas utilizando o Delineamento I proporcionou o maior ganho, sendo 8% superior ao obtido com a seleção entre famílias de meios-irmãos.

Quando a herdabilidade era aproximadamente 90%, na população pouco melhorada ou muito melhorada, todas as estratégias apresentaram ganhos reais muito semelhantes, com destaque negativo para a seleção entre famílias de meios-irmãos com os menores ganhos, 1,3% e 11% inferior aos obtidos com as demais estratégias de seleção, nestas populações. Com população com freqüências gênicas intermediárias, a seleção entre famílias de irmãos completos obtidas utilizando o Delineamento I apresentou o maior

ganho, 7,2% superior ao obtido com a seleção entre famílias de meios-irmãos.

Quando as características assumiram ausência de dominância, a pior estratégia de seleção foi entre famílias de meios-irmãos, apresentando em todos os casos avaliados os piores desempenhos (Tabela 16), contrastando com a estratégia de seleção entre famílias de irmãos completos obtidas utilizando o Delineamento I, apresentando os maiores ganhos em 67% das condições consideradas neste trabalho.

4.5. Variâncias genotípicas e freqüências gênicas na população final

Nas Tabelas 19 e 20 são apresentados os valores de variâncias genotípicas médias na população final, expressas como porcentagem da variância mínima. Por se tratarem de valores obtidos em um sistema gênico simples, com 10 genes, sem epistasia, com equilíbrio de ligação, esperava-se que a diminuição do tamanho efetivo impedisse que a seleção fosse eficiente, reduzindo a variabilidade em gerações futuras e levando a perda de alelos favoráveis pelo fenômeno de deriva genética. No entanto, não foi possível perceber que as populações com menor tamanho efetivo tenham apresentado menor variabilidade após 10 ciclos de seleção, em todas as situações avaliadas.

As populações obtidas com famílias de meios-irmãos apresentaram o maior tamanho efetivo ($N_e = 800$) e, no entanto, na grande maioria das situações avaliadas, representaram os menores ganhos médios após 10 ciclos de seleção, e nem sempre mantiveram a maior variabilidade. É possível observar nas Tabelas 19 e 20, que independente do caráter, quando o gene favorável era recessivo ou em situação de ausência de dominância as populações de famílias de meios-irmãos mantiveram-se com maior variabilidade genotípica na população final. Mas este comportamento não se manteve em todas as situações onde o gene favorável era dominante.

Quando o caráter era determinado por sistema gênico cujo gene favorável era dominante, há situações em que as populações obtidas pelo Delineamento I, como sugerido por Comstock e Robinson, com o menor tamanho efetivo considerado neste trabalho ($N_e = 160$), se destacaram mantendo alta variabilidade genotípica mesmo após 10 ciclos de seleção.

Nos programas de seleção recorrente normalmente são selecionados entre 10 a 20% das progênies avaliadas e, conseqüentemente, os efeitos da deriva genética podem ser pronunciados, o que pode limitar o melhoramento das populações e reduzir a variabilidade genética, comprometendo futuros ciclos de seleção. Nas Tabelas 21 a 34 são apresentados valores de freqüências gênicas médias, na população de ciclo 10. A análise destes resultados permite perceber que a perda de alelos por deriva ocorreu em população pouco melhorada e muito melhorada, cujo alelo estava na população inicial em baixa freqüência (igual a 0,1) e exclusivamente quando o alelo favorável era recessivo, cujo caráter era determinado por sobredominância. Esta perda de alelos por deriva diminuiu à medida que o grau médio de dominância também diminuiu. Quando o caráter é representado por dominância completa, a perda de alelos por deriva reduziu drasticamente e ocorreu em população pouco melhorada, com alelo favorável recessivo que estava em baixa freqüência na população inicial. Esta perda de alelos reduziu praticamente a zero em condições cujo caráter é representado por dominância parcial e ausência de dominância.

A resposta à seleção pode ser substancialmente reduzida se cuidados adicionais não forem introduzidos para manter o tamanho efetivo das populações geradas por seleção, alto o suficiente para reduzir os efeitos da depressão por endogamia causados pela deriva genética. Mas, Marquez-Sanchez e Hallauer (1970a, 1970b) estudando a influência do tamanho da amostra para se estimar a variância genética na população de milho Iowa Synthetic BB (Syn BB), concluíram que uma amostra de aproximadamente 200 plantas seriam suficientes para estimar parâmetros genéticos. O mesmo foi encontrado por Omolo e Russel (1971) e Pinto et al. (2000), que, estudando o tamanho necessário para a população se manter estável sem causar mudanças genéticas significativas, observaram queda na produção, com o decréscimo no tamanho da amostra, e concluíram que uma amostra

de 200 plantas seria adequada para manter a variabilidade genética. Provavelmente estes resultados expliquem o fato de mesmo utilizando populações com tamanhos efetivos tão diferentes, tenha sido possível manter, ao final de 10 ciclos de seleção, variabilidade em todas elas, não permitindo associar maior variabilidade final ou maiores magnitudes de ganhos ao maior tamanho efetivo, em todas as situações consideradas.

5. RESUMO E CONCLUSÕES

Foi analisado os ganhos genéticos devidos à seleção e alterações na variância genotípica populacional, com seleção entre famílias de irmãos completos, seleção entre famílias de meios-irmãos, e seleção entre famílias de irmãos completos e seleção em tandem obtidas pelo Delineamento I como sugerido por Comstock e Robinson. As estratégias de seleção foram avaliadas pela comparação dos ganhos realizados, obtidos com os métodos de seleção entre famílias de irmãos completos, famílias de irmãos completos obtidas utilizando o Delineamento I, seleção em tandem e seleção entre famílias de meios-irmãos. Com o objetivo de representar todas as possíveis populações, foram consideradas três classes de populações (pouco melhorada, intermediária e muito melhorada). Em cada classe de população foram considerados sete caracteres, representados por distintos graus de dominância (2 e -2, 1 e -1, 0,5 e -0,5 e 0). Quando o grau de dominância era positivo, o gene favorável (aquele que aumenta a expressão do caráter) era dominante, enquanto que com grau de dominância negativo era recessivo. Houve também variação nas condições experimentais que resultou em mudanças quanto ao valor paramétrico da herdabilidade (10, 50 e 90%). Os

dados foram obtidos por simulação e para tanto foram considerados sistemas gênicos com 10 genes. Cada processo de simulação, considerando as freqüências gênicas da população melhorada, era reiniciado e repetido até completar 10 ciclos de seleção, e cada processo de simulação dos 10 ciclos de seleção foi repetido dez vezes.

Foi possível julgar o mérito do programa de simulação utilizado, uma vez que os resultados foram comparáveis aos encontrados na literatura, com trabalhos experimentais, corroborando a discussão que foi realizada ao comparar as diferentes estratégias de seleção. Os resultados obtidos foram concordantes quanto ao sentido, quando comparados com ganhos preditos encontrados na literatura, diferindo apenas na magnitude em algumas situações, demonstrando a validade dos valores encontrados.

A estratégia de seleção entre famílias de meios-irmãos foi considerada a pior estratégia de seleção em 73% das situações analisadas, destacando-se como uma boa opção a ser utilizada nos seguintes casos: a) sistema gênico com sobredominância, gene favorável recessivo e população com freqüências gênicas intermediárias; b) sistema gênico com dominância completa, gene favorável recessivo, população com freqüências gênicas intermediárias e herdabilidade alta (90%); e, c) sistema gênico com dominância parcial e gene favorável dominante ou recessivo, desde que, a população seja pouco melhorada e herdabilidade alta (igual a 90%).

A estratégia de seleção entre famílias de irmãos completos destacou-se como o melhor método de seleção em aproximadamente 21% das situações avaliadas.

As estratégias de seleção obtidas utilizando o Delineamento I, como sugerido por Comstock e Robinson, apresentaram os maiores ganhos reais, na grande maioria dos casos observados (68,2%), ao longo de 10 ciclos de seleção. A seleção entre famílias de irmãos completos obtidas utilizando o Delineamento I foi a melhor estratégia em 38% das situações avaliadas e a seleção em tandem se destacou em 30,2% como a melhor. Estes resultados demonstram que é perfeitamente possível a utilização do Delineamento I em programas de melhoramento populacional recorrente.

Em situação de ausência de dominância ou independente do caráter, quando o gene favorável é recessivo, as populações obtidas em famílias de

meios-irmãos mantiveram-se com maior variabilidade genotípica na população de ciclo 10.

Quando o caráter era determinado por sistema gênico cujo gene favorável era dominante, observaram-se várias situações em que as estratégias de seleção entre famílias de irmãos completos obtidas utilizando o Delineamento I e seleção em tandem, com o menor tamanho efetivo considerado neste trabalho ($N_e = 160$), se destacaram com alta variabilidade genotípica, mesmo após 10 ciclos de seleção.

A perda de genes por deriva não foi muito pronunciada, mesmo depois de 10 ciclos de seleção, ocorrendo basicamente em população pouco melhorada ou muito melhorada, com gene favorável recessivo que estava em baixa frequência na população inicial. A perda de genes por deriva tendeu a diminuir acompanhando a diminuição do grau médio de dominância, independente da estratégia de seleção utilizada ou condição ambiental.

Concluiu-se que a melhor unidade de seleção é família de irmãos completos e a melhor estratégia de seleção é entre famílias de irmãos completos obtidas utilizando o Delineamento I, como sugerido por Comstock e Robinson.

Tabela 1 – Valores mínimos, médios e máximos de ganhos realizados médios (%), após 10 ciclos de seleção, para as situações avaliadas em que o caráter foi representado por sobredominância ($d/a = 2$ e -2)^{1/}.

Populações	h ² (%)	Ganhos Realizados	Estratégias de Seleção							
			FIC		FIC Delineamento I		Seleção em tandem		FMI	
			2	-2	2	-2	2	-2	2	-2
População Pouco Melhorada	10	Mínimo	2,090	2,288	2,115	2,315	2,145	2,050	1,685	2,364
		Média	2,417	2,288	2,382	2,892	2,466	2,849	2,261	2,655
		Máximo	2,639	2,903	2,880	3,106	2,798	3,147	2,835	3,000
	50	Mínimo	2,910	3,131	2,897	3,021	2,798	3,182	2,468	3,072
		Média	2,988	3,210	2,966	3,196	2,946	3,219	2,670	3,162
		Máximo	3,066	3,242	3,018	3,241	3,014	3,256	2,945	3,419
	90	Mínimo	2,984	3,273	2,970	3,276	2,942	3,019	2,606	2,842
		Média	3,033	3,280	3,030	3,426	3,048	3,264	2,672	3,010
		Máximo	3,057	3,290	3,067	3,990	4,517	3,517	2,719	3,136
População Intermediária	10	Mínimo	0,518	3,963	0,446	3,564	0,502	4,030	0,213	4,179
		Média	0,593	4,456	0,543	4,836	0,604	4,486	0,488	5,112
		Máximo	0,651	5,292	0,658	6,120	0,662	5,160	0,668	5,580
	50	Mínimo	0,591	5,813	0,563	5,826	0,607	6,028	0,343	6,249
		Média	0,618	6,295	0,637	6,237	0,646	6,044	0,411	6,693
		Máximo	0,650	6,558	0,691	6,591	0,641	6,271	0,516	7,024
	90	Mínimo	0,592	6,133	0,603	6,711	0,611	6,066	0,292	6,987
		Média	0,624	6,570	0,638	6,770	0,644	6,777	0,372	7,271
		Máximo	0,657	6,648	0,684	6,857	0,702	6,869	0,443	7,482
População Muito Melhorada	10	Mínimo	0,466	1,647	0,446	2,086	0,483	1,676	0,481	1,370
		Média	0,565	2,222	0,568	2,305	0,558	2,126	0,574	1,895
		Máximo	0,639	2,662	0,663	2,594	0,637	2,655	0,703	2,306
	50	Mínimo	0,606	2,456	0,620	2,338	0,570	2,718	0,479	2,446
		Média	0,649	2,787	0,648	2,734	0,665	2,816	0,519	2,674
		Máximo	0,691	2,968	0,688	3,410	0,703	2,997	0,589	2,866
	90	Mínimo	0,609	2,394	0,604	2,385	0,574	2,333	0,429	2,558
		Média	0,650	2,595	0,635	2,748	0,612	2,372	0,490	2,643
		Máximo	0,676	3,017	0,651	3,522	0,655	2,489	0,562	2,726

^{1/} h²(%) = herdabilidade; FIC = seleção entre famílias de irmãos completos; FIC Delineamento I = seleção entre famílias de irmãos completos obtidas utilizando o Delineamento I; FMI = seleção entre famílias de meios-irmãos.

Tabela 2 – Valores médios de ganhos realizados (%), considerando apenas uma repetição, ao longo de 10 ciclos de seleção entre famílias de irmãos completos, em que o caráter foi representado por sobredominância ($d/a = 2$ e -2)^{1/}.

População	h ² (%)	GMD	Gerações										Média
			1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	
População Pouco Melhorada	10	2	2,663	5,931	4,134	3,309	3,032	1,353	1,813	1,819	2,058	1,338	2,745
	50	2	7,618	6,431	6,862	3,972	2,656	0,971	-0,268	0,756	0,440	-0,043	2,939
	90	2	9,693	8,383	6,502	2,872	1,526	0,843	0,072	0,468	-0,010	0,220	3,057
População Intermediária	10	2	1,037	0,411	0,633	1,261	0,714	0,235	0,470	0,672	0,341	0,281	0,605
	50	2	3,405	1,273	1,143	0,607	-0,175	-0,254	0,117	-0,043	0,002	0,127	0,620
	90	2	3,938	1,352	0,685	-0,199	0,488	0,071	0,067	-0,228	0,105	-0,357	0,592
População Muito Melhorada	10	2	2,662	0,569	0,485	0,042	0,162	0,121	0,453	0,755	-0,357	-0,016	0,487
	50	2	2,316	2,786	0,674	0,469	0,383	0,046	0,003	-0,480	0,262	0,406	0,686
	90	2	3,149	2,192	0,901	0,056	-0,175	0,366	-0,110	-0,048	0,077	0,100	0,651
População Pouco Melhorada	10	-2	3,814	6,095	2,383	3,174	3,058	3,454	2,925	3,289	1,337	0,465	2,999
	50	-2	7,877	7,737	6,762	6,218	2,656	0,788	-0,144	-0,008	0,253	0,094	3,223
	90	-2	10,408	10,692	10,225	1,230	0,258	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	3,281
População Intermediária	10	-2	7,531	6,467	3,321	5,221	6,304	4,651	3,304	2,030	2,834	3,856	4,552
	50	-2	13,815	11,975	10,283	8,076	7,864	4,295	3,770	2,780	2,036	0,683	6,558
	90	-2	15,297	15,692	13,346	9,504	6,611	4,716	0,558	0,193	0,151	0,174	6,624
População Muito Melhorada	10	-2	2,239	2,226	5,779	2,022	1,627	3,024	0,321	1,620	-0,342	-0,107	1,841
	50	-2	7,316	3,645	6,044	5,074	2,641	1,826	1,561	0,002	-0,299	-0,247	2,756
	90	-2	9,003	9,066	7,792	2,195	-0,640	-0,053	-0,010	-0,103	-0,108	-1,168	2,597

^{1/} h²(%) = herdabilidade; GMD = grau médio de dominância.

Tabela 3 – Valores médios de ganhos realizados (%), considerando apenas uma repetição, ao longo de 10 ciclos de seleção entre famílias de irmãos completos obtidas utilizando o Delineamento I, em que o caráter foi representado por sobredominância ($d/a = 2$ e -2)^{1/}.

População	h ² (%)	GMD	Gerações										Média
			1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	
População Pouco Melhorada	10	2	0,519	4,608	2,799	1,056	3,757	2,394	4,402	2,416	2,276	2,766	2,699
	50	2	12,671	7,611	2,446	3,391	1,018	2,252	0,125	0,181	-0,172	0,656	3,018
	90	2	9,256	7,063	8,200	3,426	1,459	0,831	0,106	0,026	-0,072	-0,056	3,024
População Intermediária	10	2	1,754	1,328	1,287	-0,313	0,896	-0,145	0,475	0,355	0,009	-0,020	0,563
	50	2	3,409	0,204	1,639	0,544	0,395	0,257	-0,015	0,045	-0,197	0,238	0,652
	90	2	2,856	1,073	1,686	0,156	0,486	-0,205	-0,061	0,034	0,233	-0,084	0,617
População Muito Melhorada	10	2	1,856	0,154	1,718	-0,408	-0,236	0,626	0,088	1,156	0,237	-0,048	0,514
	50	2	0,877	3,314	-0,239	0,419	1,527	0,101	0,289	0,040	-0,133	0,298	0,649
	90	2	0,877	3,314	-0,239	0,419	1,527	0,101	0,289	0,040	-0,133	0,298	0,649
População Pouco Melhorada	10	-2	5,856	3,604	2,801	5,971	1,451	1,967	1,783	0,289	0,614	-1,193	2,315
	50	-2	8,076	10,013	7,748	4,716	1,047	0,421	0,199	-0,015	-0,127	0,124	3,220
	90	-2	10,458	13,588	6,873	0,257	0,917	0,866	4,844	2,099	0,000	0,000	3,990
População Intermediária	10	-2	7,161	8,065	8,500	10,940	3,648	6,399	4,079	2,791	4,712	2,254	5,855
	50	-2	10,063	11,341	10,403	8,745	9,419	5,991	0,119	4,319	1,137	0,943	6,248
	90	-2	10,978	20,201	11,827	14,385	7,371	3,026	0,229	0,275	0,023	0,078	6,839
População Muito Melhorada	10	-2	4,565	5,237	0,094	3,859	2,263	2,962	2,123	0,583	0,767	1,938	2,439
	50	-2	5,392	6,779	5,153	4,237	1,425	0,371	-0,113	-0,503	0,115	0,533	2,339
	90	-2	10,910	9,499	6,272	2,279	1,136	1,869	2,766	0,494	0,000	0,000	3,522

^{1/} h²(%) = herdabilidade; GMD = grau médio de dominância.

Tabela 4 – Valores médios de ganhos realizados (%), considerando apenas uma repetição, ao longo de 10 ciclos de seleção em tandem, em que o caráter foi representado por sobredominância ($d/a = 2$ e -2)^{1/}.

População	h ² (%)	GMD	Gerações										Média
			1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	
População Pouco Melhorada	10	2	4,725	4,753	2,422	1,488	2,701	3,780	2,489	1,914	0,661	-1,071	2,386
	50	2	6,283	4,034	6,939	4,083	3,505	1,947	0,761	1,261	0,468	0,211	2,949
	90	2	10,385	8,680	10,573	7,185	4,460	3,326	0,701	0,143	-0,289	0,000	4,517
População Intermediária	10	2	0,519	4,608	2,799	1,056	3,757	2,394	4,402	2,416	2,276	2,766	2,699
	50	2	2,026	1,839	0,804	0,506	0,595	0,252	-0,104	0,479	-0,307	-0,023	0,607
	90	2	2,269	2,455	0,836	0,961	0,220	-0,496	-0,144	0,192	0,061	0,089	0,644
População Muito Melhorada	10	2	3,294	4,330	3,348	3,961	1,020	1,172	1,665	3,515	2,919	1,010	2,623
	50	2	10,009	3,900	4,424	4,535	2,231	1,633	1,676	0,392	0,064	-0,702	2,816
	90	2	7,410	5,861	5,504	5,465	0,901	0,801	-0,178	-0,205	-1,491	-0,349	2,372
População Pouco Melhorada	10	-2	4,330	4,927	7,617	5,363	2,297	1,409	0,832	2,780	0,538	1,172	3,127
	50	-2	6,430	8,058	8,273	5,571	2,839	0,557	0,015	0,004	-0,021	0,000	3,173
	90	-2	8,565	11,342	8,594	3,799	0,342	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	3,264
População Intermediária	10	-2	6,105	1,889	6,344	4,964	3,250	2,609	7,240	4,367	3,703	3,327	4,380
	50	-2	5,367	12,351	8,960	5,204	6,907	4,682	4,997	5,011	4,880	2,082	6,044
	90	-2	8,504	15,021	14,225	12,339	8,880	6,241	2,474	0,020	0,002	0,067	6,777
População Muito Melhorada	10	-2	0,866	1,530	-0,092	0,424	1,338	0,345	-0,138	0,246	0,841	0,061	0,542
	50	-2	1,994	1,660	1,187	0,439	0,156	0,426	0,051	0,237	0,357	0,145	0,665
	90	-2	2,840	2,552	0,725	0,354	0,167	-0,053	0,078	-0,195	-0,017	-0,397	0,605

^{1/} h²(%) = herdabilidade; GMD = grau médio de dominância.

Tabela 5 – Valores médios de ganhos realizados (%), considerando apenas uma repetição, ao longo de 10 ciclos de seleção entre famílias de meios-irmãos, em que o caráter foi representado por sobredominância ($d/a = 2$ e -2)^{1/}.

População	h ² (%)	GMD	Gerações										Média
			1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	
População Pouco Melhorada	10	2	1,401	2,016	4,504	4,504	2,831	2,404	0,999	0,999	1,167	1,167	2,199
	50	2	6,761	6,566	3,382	3,382	1,565	1,341	0,723	0,723	0,162	0,127	2,473
	90	2	8,419	5,630	4,658	4,158	0,780	0,149	0,012	0,008	0,148	0,133	2,410
População Intermediária	10	2	1,971	0,232	0,375	0,375	0,382	0,591	0,348	0,348	-0,044	0,101	0,468
	50	2	2,193	0,790	0,529	0,529	-0,198	0,244	0,017	0,017	-0,010	0,052	0,416
	90	2	2,086	0,781	0,067	0,067	0,147	0,073	0,008	0,008	-0,066	0,111	0,328
População Muito Melhorada	10	2	1,687	0,476	0,594	0,594	0,419	0,494	0,420	0,420	-0,014	0,215	0,530
	50	2	1,934	1,143	0,724	0,724	0,189	0,153	0,044	0,044	-0,052	0,006	0,491
	90	2	2,450	1,430	0,290	0,290	0,008	-0,188	0,132	0,132	-0,016	0,122	0,465
População Pouco Melhorada	10	-2	3,094	3,145	4,060	4,060	4,092	2,091	1,132	1,132	0,449	0,449	2,370
	50	-2	5,488	5,743	6,760	6,238	6,238	1,969	1,131	0,473	0,473	0,081	3,460
	90	-2	4,488	8,362	8,463	4,697	4,697	0,782	0,330	0,050	0,050	0,004	3,192
População Intermediária	10	-2	4,706	3,591	5,987	5,245	5,545	5,450	3,749	4,405	4,705	3,683	4,707
	50	-2	10,426	9,488	9,280	9,280	7,761	7,029	4,174	4,174	1,603	1,487	6,470
	90	-2	12,227	13,173	10,948	10,944	8,527	4,755	1,693	1,785	1,698	1,356	6,711
População Muito Melhorada	10	-2	3,293	0,870	2,524	2,324	2,516	2,287	1,086	1,073	1,052	1,051	1,808
	50	-2	3,083	4,388	3,629	3,632	3,415	2,827	1,551	1,351	0,456	0,321	2,465
	90	-2	5,890	5,991	4,529	4,329	1,413	1,018	0,754	0,254	0,150	0,123	2,445

^{1/} h²(%) = herdabilidade; GMD = grau médio de dominância.

Tabela 6 – Valores mínimos, médios e máximos de ganhos realizados médios (%), após 10 ciclos de seleção, para as situações avaliadas em que o caráter foi representado por dominância completa ($d/a = 1 e -1$)^{1/}.

Populações	h ² (%)	Ganhos Realizados	Estratégias de Seleção							
			FIC		FIC Delineamento I		Sel. Tandem		FMI	
			1	-1	1	-1	1	-1	1	-1
População Pouco Melhorada	10	Mínimo	1,222	1,940	1,751	1,829	2,068	1,847	1,447	1,455
		Média	1,875	2,304	2,369	2,182	2,299	2,156	2,075	1,681
		Máximo	2,326	2,701	2,808	2,689	2,444	2,622	2,443	2,060
	50	Mínimo	3,065	3,384	2,980	2,865	2,949	2,392	2,738	2,080
		Média	3,177	3,857	3,116	3,425	3,109	2,842	2,950	2,847
		Máximo	3,266	4,500	3,190	4,040	3,202	2,993	3,320	3,679
	90	Mínimo	3,318	3,929	3,312	4,035	3,272	3,885	3,076	3,813
		Média	3,351	4,390	3,335	4,582	3,332	4,055	3,160	4,116
		Máximo	3,378	4,833	3,364	5,027	3,501	4,186	3,331	4,551
População Intermediária	10	Mínimo	0,835	2,869	0,880	3,232	0,885	2,632	0,817	2,765
		Média	1,041	3,448	1,034	3,494	1,094	3,214	0,933	3,127
		Máximo	1,186	4,000	1,170	3,803	1,222	3,873	1,066	3,470
	50	Mínimo	1,287	4,223	1,269	4,202	1,051	4,337	1,017	4,344
		Média	1,307	4,350	1,336	4,502	1,366	4,366	1,102	4,496
		Máximo	1,335	4,462	1,379	4,737	1,948	4,635	1,187	4,627
	90	Mínimo	1,374	4,314	1,379	4,412	1,124	4,552	1,004	4,525
		Média	1,383	4,452	1,412	4,512	1,430	4,704	1,110	4,728
		Máximo	1,390	4,623	1,431	4,620	1,587	4,900	1,160	4,854
População Muito Melhorada	10	Mínimo	0,578	1,425	0,660	1,560	0,565	1,236	0,456	1,231
		Média	0,699	1,694	0,714	1,757	0,682	1,622	0,641	1,449
		Máximo	0,780	1,885	0,802	1,980	0,731	1,983	0,777	1,726
	50	Mínimo	0,776	1,988	0,739	1,698	0,720	1,700	0,625	1,687
		Média	0,816	2,136	0,793	2,051	0,797	1,834	0,713	1,858
		Máximo	0,832	2,327	0,818	2,464	0,797	2,000	0,880	2,176
	90	Mínimo	0,818	1,811	0,815	1,733	0,797	2,334	0,583	1,743
		Média	0,838	2,343	0,831	2,363	0,834	2,390	0,670	2,179
		Máximo	0,851	2,529	0,853	2,537	0,883	2,529	0,769	2,390

^{1/} h²(%) = herdabilidade; FIC = seleção entre famílias de irmãos completos; FIC Delineamento I = seleção entre famílias de irmãos completos obtidas utilizando o Delineamento I; Sel. Tandem = seleção em tandem; FMI = seleção entre famílias de meios-irmãos.

Tabela 7 – Valores médios de ganhos realizados (%), considerando apenas uma repetição, ao longo de 10 ciclos de seleção entre famílias de irmãos completos, em que o caráter foi representado por dominância completa ($d/a = 1$ e -1)^{1/}.

População	h ² (%)	GMD	Gerações										Média
			1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	
População Pouco Melhorada	10	1	4,065	2,423	2,799	2,368	2,900	1,871	2,340	1,856	0,382	1,401	2,240
	50	1	6,204	6,155	4,374	3,308	3,177	4,237	1,150	1,556	0,795	0,687	3,164
	90	1	9,644	7,459	6,324	4,061	2,684	1,958	0,372	0,649	0,020	0,004	3,318
População Intermediária	10	1	1,280	3,301	0,730	1,616	0,643	0,788	0,856	0,874	0,984	0,427	1,150
	50	1	4,549	2,290	1,971	1,454	0,845	-0,085	1,124	0,033	0,274	0,529	1,298
	90	1	6,462	2,824	2,562	0,856	0,467	0,408	0,147	0,002	0,072	-0,010	1,379
População Muito Melhorada	10	1	1,614	1,331	0,853	0,701	0,112	1,286	0,704	0,509	-0,375	-0,397	0,634
	50	1	2,328	1,703	1,668	0,801	0,503	0,325	0,349	0,330	0,172	0,119	0,830
	90	1	2,955	2,460	1,303	0,455	0,510	0,302	0,163	0,114	-0,012	-0,070	0,818
População Pouco Melhorada	10	-1	4,339	1,643	4,975	1,989	1,186	2,276	-0,283	1,613	2,182	1,693	2,161
	50	-1	7,691	7,462	5,054	1,032	2,316	1,905	2,499	4,105	3,107	3,055	3,822
	90	-1	8,539	8,577	4,591	3,833	4,072	5,622	4,648	2,460	3,041	1,977	4,736
População Intermediária	10	-1	8,168	6,332	6,309	2,724	2,327	3,483	3,234	1,163	2,810	0,901	3,745
	50	-1	10,488	8,925	6,004	6,031	3,923	3,749	2,480	1,587	0,555	0,381	4,412
	90	-1	8,438	9,069	9,300	8,100	5,763	2,034	2,854	-0,267	-0,464	-0,122	4,471
População Muito Melhorada	10	-1	1,621	3,127	3,800	3,341	1,299	2,196	0,902	1,487	0,300	0,665	1,874
	50	-1	4,924	3,764	4,686	3,117	1,383	1,080	1,012	1,822	1,123	0,313	2,322
	90	-1	8,179	6,481	4,135	1,766	2,914	-0,031	-0,150	0,167	-0,530	-0,216	2,271

^{1/} h²(%) = herdabilidade; GMD = grau médio de dominância.

Tabela 8 – Valores médios de ganhos realizados (%), considerando apenas uma repetição, ao longo de 10 ciclos de seleção entre famílias de irmãos completos obtidas utilizando o Delineamento I, em que o caráter foi representado por dominância completa ($d/a = 1 e -1$)^{1/}.

População	h ² (%)	GMD	Gerações										Média
			1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	
População Pouco Melhorada	10	1	1,201	2,912	3,502	2,801	2,872	2,781	3,030	0,831	1,963	0,441	2,233
	50	1	5,884	6,269	6,079	4,370	3,969	1,766	0,046	0,975	-0,186	0,631	2,980
	90	1	7,289	9,442	6,061	4,011	2,844	1,220	1,008	0,620	0,643	0,420	3,356
População Intermediária	10	1	2,028	3,078	1,881	1,646	1,881	0,494	-0,255	0,124	0,651	0,174	1,170
	50	1	4,284	2,892	2,811	0,946	0,847	0,609	0,240	0,668	0,022	0,319	1,364
	90	1	4,919	3,738	2,236	1,286	1,054	0,344	0,040	0,181	0,324	0,161	1,428
População Muito Melhorada	10	1	0,266	0,809	1,110	0,651	1,328	0,778	0,602	1,271	-0,030	0,500	0,729
	50	1	2,641	2,194	1,024	0,590	0,582	-0,022	0,391	0,352	0,089	0,123	0,796
	90	1	3,035	2,593	1,255	0,790	0,343	0,036	-0,117	0,093	0,169	-0,025	0,817
População Pouco Melhorada	10	-1	3,832	1,003	2,624	4,585	1,555	0,828	1,303	0,776	1,035	0,754	1,829
	50	-1	7,270	5,963	6,545	1,221	1,782	2,948	4,252	3,521	3,872	1,569	3,894
	90	-1	8,034	7,509	5,029	5,042	2,450	3,929	3,711	5,205	3,373	2,543	4,682
População Intermediária	10	-1	2,841	2,991	3,013	2,481	3,041	4,316	5,388	5,196	2,163	1,210	3,264
	50	-1	8,469	6,001	8,414	7,294	5,318	3,699	3,436	0,920	-0,004	1,829	4,538
	90	-1	11,275	13,099	9,379	6,112	5,464	0,762	0,093	-0,436	0,484	-0,664	4,557
População Muito Melhorada	10	-1	2,340	4,041	2,973	2,558	0,833	0,731	0,429	2,651	0,506	0,109	1,717
	50	-1	6,629	3,082	3,740	2,165	1,449	1,154	0,476	0,359	-0,045	0,093	1,910
	90	-1	9,358	5,957	3,077	0,614	-0,736	-0,076	-0,220	-0,856	0,530	-0,320	1,733

^{1/} h²(%) = herdabilidade; GMD = grau médio de dominância.

Tabela 9 – Valores médios de ganhos realizados (%), considerando apenas uma repetição, ao longo de 10 ciclos de seleção em tandem, em que o caráter foi representado por dominância completa ($d/a = 1 e -1$)^{1/}.

População	h ² (%)	GMD	Gerações										Média
			1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	
População Pouco Melhorada	10	1	2,040	4,090	2,951	1,984	2,527	0,770	2,008	2,646	2,247	2,554	2,382
	50	1	7,100	3,852	3,915	3,075	3,643	2,304	1,425	2,293	1,018	0,864	2,949
	90	1	7,087	6,412	5,099	5,750	3,368	2,387	1,265	0,887	0,771	0,292	3,332
População Intermediária	10	1	0,976	1,405	1,177	1,693	0,743	0,806	1,507	1,484	0,414	1,313	1,152
	50	1	5,720	1,596	1,588	1,390	0,824	0,881	0,563	0,404	0,466	0,226	1,366
	90	1	5,868	3,631	1,821	0,985	0,721	0,312	0,462	0,254	0,099	0,147	1,430
População Muito Melhorada	10	1	1,483	0,994	0,803	1,066	0,282	0,588	0,567	0,283	0,160	0,676	0,690
	50	1	2,572	0,937	1,088	1,558	0,977	0,579	0,201	0,093	-0,004	-0,028	0,797
	90	1	2,757	2,278	1,799	0,697	0,488	0,242	0,012	0,108	-0,017	-0,019	0,834
População Pouco Melhorada	10	-1	1,752	1,968	2,780	4,139	1,947	2,179	2,223	0,747	0,772	1,737	2,024
	50	-1	5,797	4,729	3,108	3,590	2,723	1,950	2,074	2,790	1,214	0,844	2,882
	90	-1	6,248	7,317	5,885	2,728	2,648	5,375	4,303	3,260	2,764	0,024	4,055
População Intermediária	10	-1	8,056	5,173	5,733	3,171	3,010	1,969	2,392	3,894	1,447	1,286	3,613
	50	-1	6,914	8,755	6,673	6,486	4,417	3,553	2,344	2,460	1,150	0,905	4,366
	90	-1	10,285	9,632	10,939	7,645	4,030	3,033	0,748	0,308	0,205	0,213	4,704
População Muito Melhorada	10	-1	1,917	2,411	1,084	2,451	2,110	0,380	1,895	1,090	1,463	0,576	1,538
	50	-1	2,128	6,008	3,315	2,723	0,508	1,611	1,460	0,160	-0,376	0,803	1,834
	90	-1	7,122	4,265	6,285	1,690	0,335	0,030	0,488	1,624	1,609	0,454	2,390

^{1/} h²(%) = herdabilidade; GMD = grau médio de dominância.

Tabela 10 – Valores médios de ganhos realizados (%), considerando apenas uma repetição, ao longo de 10 ciclos de seleção entre famílias de meios-irmãos, em que o caráter foi representado por dominância completa ($d/a = 1$ e -1).

População	h ² (%)	GMD	Gerações										Média
			1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	
População Pouco Melhorada	10	1	1,733	3,126	2,088	2,088	1,627	2,645	0,995	0,995	1,304	1,304	1,790
	50	1	4,455	4,374	3,239	3,239	3,363	2,312	1,552	1,552	0,977	0,978	2,604
	90	1	6,103	6,429	5,564	5,564	2,515	1,937	0,984	0,848	0,172	0,168	3,028
População Intermediária	10	1	1,075	1,824	2,014	2,014	0,276	0,966	0,427	0,427	0,237	0,200	0,946
	50	1	3,381	1,559	1,465	1,465	0,999	0,448	0,346	0,346	0,105	0,100	1,022
	90	1	3,982	2,782	1,418	1,418	0,444	0,100	0,115	0,115	0,022	0,053	1,045
População Muito Melhorada	10	1	1,407	1,136	0,511	0,511	0,990	0,154	0,249	0,249	0,712	0,613	0,653
	50	1	1,776	1,275	1,068	1,068	0,385	0,217	0,198	0,140	-0,021	0,131	0,624
	90	1	2,915	1,613	0,877	0,877	0,179	0,092	0,057	0,057	0,032	0,019	0,672
População Pouco Melhorada	10	-1	2,814	2,069	1,565	1,565	1,193	1,403	2,279	2,279	1,781	1,715	1,866
	50	-1	4,082	4,006	4,320	4,183	4,183	1,286	2,519	2,247	2,247	2,856	3,193
	90	-1	4,082	5,963	4,839	3,783	3,783	3,822	4,823	4,595	4,595	4,699	4,498
População Intermediária	10	-1	3,055	1,437	4,055	4,055	2,106	2,320	2,270	2,270	3,314	4,415	2,930
	50	-1	6,563	6,817	5,213	5,213	4,996	3,602	2,853	2,853	2,789	0,990	4,189
	90	-1	9,625	7,885	7,770	7,770	4,700	2,616	1,066	1,066	0,709	0,190	4,340
População Muito Melhorada	10	-1	1,484	2,751	1,845	1,745	0,904	0,661	1,419	1,419	1,076	1,067	1,437
	50	-1	4,094	3,332	3,551	3,551	1,508	0,811	1,023	1,023	0,696	0,696	2,028
	90	-1	4,986	3,357	2,949	2,949	1,733	1,485	1,226	1,226	0,727	0,720	2,136

^{1/} h²(%) = herdabilidade; GMD = grau médio de dominância.

Tabela 11 – Valores mínimos, médios e máximos de ganhos realizados médios (%), após 10 ciclos de seleção, para as situações avaliadas em que o caráter foi representado por dominância parcial ($d/a = 1/2$ e $-1/2$)^{1/}.

Populações	h ² (%)	Ganhos Realizados	Estratégias de Seleção							
			FIC		FIC Delineamento I		Sel. Tandem		FMI	
			1/2	-1/2	1/2	-1/2	1/2	-1/2	1/2	-1/2
População Pouco Melhorada	10	Mínimo	1,107	1,980	2,392	1,630	1,951	1,488	1,752	1,682
		Média	1,758	2,247	2,713	2,345	2,256	1,914	2,146	1,909
		Máximo	2,947	2,510	3,002	2,909	2,641	2,449	2,650	2,168
	50	Mínimo	3,418	3,488	3,382	3,620	3,409	3,625	3,084	2,574
		Média	3,548	4,285	3,574	4,054	3,640	4,307	3,284	3,181
		Máximo	3,700	4,529	3,660	4,503	4,507	4,991	3,463	3,827
	90	Mínimo	3,819	4,222	3,761	4,477	3,474	4,333	4,218	4,548
		Média	3,840	4,650	3,815	4,654	3,741	4,543	4,283	4,720
		Máximo	3,863	4,821	3,855	4,767	3,867	4,671	4,323	4,892
População Intermediária	10	Mínimo	1,378	2,384	1,381	2,450	1,278	1,885	1,025	2,002
		Média	1,532	2,733	1,637	2,797	1,569	2,522	1,281	2,405
		Máximo	1,671	3,043	1,858	3,231	1,725	3,097	1,479	2,752
	50	Mínimo	1,869	3,529	1,902	3,348	1,714	3,320	1,722	3,399
		Média	1,978	3,593	2,014	3,616	1,983	3,497	1,768	3,531
		Máximo	2,062	3,675	2,105	3,722	2,016	3,862	1,926	3,671
	90	Mínimo	2,095	3,610	2,145	3,690	1,960	3,379	1,793	3,600
		Média	2,117	3,699	2,163	3,806	2,128	3,675	1,885	3,706
		Máximo	2,150	3,821	2,181	3,932	2,318	3,866	1,997	3,831
População Muito Melhorada	10	Mínimo	0,741	1,279	0,814	1,014	0,821	1,181	0,635	0,769
		Média	0,954	1,486	0,951	1,418	0,942	1,421	0,884	1,211
		Máximo	1,109	1,652	1,090	1,651	1,037	1,588	1,087	1,519
	50	Mínimo	1,139	1,519	1,152	1,557	1,083	1,610	1,001	1,276
		Média	1,196	1,891	1,208	1,933	1,193	1,982	1,047	1,669
		Máximo	1,225	2,071	1,234	2,061	1,322	2,094	1,127	1,924
	90	Mínimo	1,190	2,024	1,223	1,876	1,162	1,847	1,030	1,733
		Média	1,229	2,063	1,237	2,038	1,243	1,910	1,096	1,865
		Máximo	1,246	2,090	1,248	2,091	1,390	2,064	1,192	1,956

^{1/}h²(%) = herdabilidade; FIC = seleção entre famílias de irmãos completos; FIC Delineamento I = seleção entre famílias de irmãos completos obtidas utilizando o Delineamento I; Sel. Tandem = seleção em tandem; FMI = seleção entre famílias de meios-irmãos.

Tabela 12 – Valores médios de ganhos realizados (%), considerando apenas uma repetição, ao longo de 10 ciclos de seleção entre famílias de irmãos completos, em que o caráter foi representado por dominância parcial ($d/a = \frac{1}{2}$ e $-\frac{1}{2}$)^{1/}.

População	h ² (%)	GMD	Gerações										Média
			1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	
População Pouco Melhorada	10	$\frac{1}{2}$	3,267	24,060	-11,000	2,210	1,992	2,161	4,070	1,178	0,627	1,005	2,957
	50	$\frac{1}{2}$	7,531	7,601	6,303	4,512	3,666	2,606	2,486	0,890	0,966	0,442	3,700
	90	$\frac{1}{2}$	8,274	8,931	6,053	5,555	4,232	2,574	1,582	0,946	0,243	0,153	3,854
População Intermediária	10	$\frac{1}{2}$	3,679	1,480	1,553	2,842	1,201	1,246	1,667	0,461	0,148	0,385	1,466
	50	$\frac{1}{2}$	4,823	4,908	2,443	2,509	1,252	1,333	0,210	0,750	0,089	0,626	1,894
	90	$\frac{1}{2}$	7,125	4,665	3,122	2,871	0,791	1,199	0,727	0,281	0,132	0,202	2,111
População Muito Melhorada	10	$\frac{1}{2}$	1,836	0,879	1,897	1,797	1,265	0,448	0,446	0,604	0,185	0,433	0,979
	50	$\frac{1}{2}$	2,868	2,410	2,111	1,773	0,863	0,419	0,577	0,187	0,202	-0,024	1,139
	90	$\frac{1}{2}$	4,362	2,824	2,006	1,889	0,568	0,389	0,091	0,130	0,091	0,096	1,244
População Pouco Melhorada	10	$-\frac{1}{2}$	4,056	4,636	3,470	1,763	0,884	1,699	0,977	1,683	1,596	1,499	2,226
	50	$-\frac{1}{2}$	6,378	6,995	4,855	4,387	3,573	4,237	3,669	3,602	3,399	3,641	4,474
	90	$-\frac{1}{2}$	7,713	6,393	5,517	6,189	6,824	5,690	4,409	3,197	1,326	0,164	4,742
População Intermediária	10	$-\frac{1}{2}$	3,069	1,385	3,237	2,937	1,984	1,593	1,532	3,176	1,520	3,411	2,384
	50	$-\frac{1}{2}$	5,621	7,006	6,266	5,057	3,322	3,681	2,229	2,345	0,027	0,612	3,617
	90	$-\frac{1}{2}$	10,230	9,729	7,138	5,297	3,442	1,242	0,859	0,089	0,141	0,044	3,821
População Muito Melhorada	10	$-\frac{1}{2}$	2,488	2,970	1,987	1,529	1,842	0,959	1,232	0,859	0,973	0,352	1,519
	50	$-\frac{1}{2}$	3,203	3,636	2,745	2,736	1,575	1,242	1,631	0,840	0,560	0,855	1,902
	90	$-\frac{1}{2}$	6,996	5,547	3,638	1,955	1,463	0,821	0,196	-0,095	0,095	0,174	2,079

^{1/} h²(%) = herdabilidade; GMD = grau médio de dominância.

Tabela 13 – Valores médios de ganhos realizados (%), considerando apenas uma repetição, ao longo de 10 ciclos de seleção entre famílias de irmãos completos obtidas utilizando o Delineamento I, em que o caráter foi representado por dominância parcial ($d/a = \frac{1}{2}$ e $-1/2$)^{1/}.

População	h ² (%)	GMD	Gerações										Média
			1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	
População Pouco Melhorada	10	$\frac{1}{2}$	5,116	2,943	3,372	3,571	3,134	3,163	2,908	2,786	1,858	1,170	3,002
	50	$\frac{1}{2}$	6,074	5,687	5,858	5,275	3,663	3,372	2,818	1,681	0,951	1,219	3,660
	90	$\frac{1}{2}$	7,543	8,124	5,500	4,770	5,587	3,190	1,880	0,361	0,615	0,434	3,800
População Intermediária	10	$\frac{1}{2}$	1,718	2,311	2,401	3,242	1,388	0,144	-0,843	1,201	1,430	0,819	1,381
	50	$\frac{1}{2}$	5,022	3,819	2,957	2,265	1,928	1,796	1,115	0,518	0,618	0,290	2,033
	90	$\frac{1}{2}$	7,142	3,858	3,830	2,565	1,729	1,632	0,355	0,304	0,191	0,026	2,163
População Muito Melhorada	10	$\frac{1}{2}$	1,931	1,225	1,091	1,844	0,366	0,850	0,412	1,241	0,442	0,415	0,982
	50	$\frac{1}{2}$	2,845	2,745	1,996	1,991	0,986	0,051	0,275	0,307	0,245	0,079	1,152
	90	$\frac{1}{2}$	3,430	3,677	3,034	1,624	0,399	0,230	0,061	0,000	0,000	0,000	1,246
População Pouco Melhorada	10	$-1/2$	3,285	2,374	2,785	2,222	1,747	1,697	-0,078	1,056	0,804	1,434	1,733
	50	$-1/2$	5,181	6,269	7,245	3,988	5,008	4,963	3,114	3,315	1,955	1,135	4,217
	90	$-1/2$	5,894	6,872	6,112	4,162	5,347	6,759	4,527	4,533	2,001	0,522	4,673
População Intermediária	10	$-1/2$	3,351	2,129	5,038	4,179	4,003	3,098	2,895	2,271	3,102	2,244	3,231
	50	$-1/2$	7,337	5,990	5,536	5,387	3,933	2,549	2,720	0,705	1,387	1,037	3,658
	90	$-1/2$	7,574	8,876	6,253	6,104	4,340	2,163	0,557	0,273	0,368	0,390	3,690
População Muito Melhorada	10	$-1/2$	3,221	1,714	2,425	2,831	1,994	1,540	1,191	-0,034	0,186	0,165	1,523
	50	$-1/2$	4,843	4,090	2,665	2,224	1,083	1,120	0,515	0,802	1,174	0,983	1,950
	90	$-1/2$	6,353	4,861	2,707	2,525	2,237	1,032	0,232	0,519	-0,018	-0,022	2,043

^{1/} h²(%) = herdabilidade; GMD = grau médio de dominância.

Tabela 14 – Valores médios de ganhos realizados (%), considerando apenas uma repetição, ao longo de 10 ciclos de seleção em tandem, em que o caráter foi representado por dominância parcial ($d/a = \frac{1}{2}$ e $-\frac{1}{2}$)^{1/}.

População	h ² (%)	GMD	Gerações										Média
			1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	
População Pouco Melhorada	10	$\frac{1}{2}$	3,057	2,380	2,371	2,541	2,478	0,642	1,773	3,347	1,793	2,528	2,291
	50	$\frac{1}{2}$	6,128	5,559	5,211	4,713	3,843	2,929	1,809	1,424	1,200	1,801	3,462
	90	$\frac{1}{2}$	6,999	6,134	6,685	6,110	3,942	2,361	2,802	1,191	0,291	0,890	3,741
População Intermediária	10	$\frac{1}{2}$	2,296	2,663	1,807	1,911	1,271	1,599	1,741	0,835	1,177	0,585	1,588
	50	$\frac{1}{2}$	5,758	3,830	2,106	2,540	1,433	0,640	1,601	0,439	0,238	1,250	1,983
	90	$\frac{1}{2}$	5,895	4,736	3,298	3,135	1,520	0,707	0,774	0,304	0,610	0,297	2,128
População Muito Melhorada	10	$\frac{1}{2}$	0,565	1,922	2,202	0,330	1,041	-0,318	1,386	1,472	-0,019	0,521	0,910
	50	$\frac{1}{2}$	2,895	2,673	1,969	2,158	0,863	0,417	0,485	0,272	0,130	0,065	1,193
	90	$\frac{1}{2}$	3,541	3,312	2,318	1,734	0,604	0,414	0,226	0,203	0,020	0,061	1,243
População Pouco Melhorada	10	$-\frac{1}{2}$	2,117	3,877	3,279	2,585	2,156	1,167	0,428	0,657	1,611	1,401	1,928
	50	$-\frac{1}{2}$	6,644	5,161	3,652	4,390	3,467	2,369	3,452	2,741	2,829	1,542	3,625
	90	$-\frac{1}{2}$	5,161	6,180	4,678	5,354	4,856	4,120	4,105	4,319	3,564	3,093	4,543
População Intermediária	10	$-\frac{1}{2}$	3,324	0,528	3,040	1,445	3,127	4,389	1,326	1,966	3,098	1,176	2,342
	50	$-\frac{1}{2}$	5,931	7,115	5,862	4,059	4,296	4,010	1,621	1,145	1,012	-0,081	3,497
	90	$-\frac{1}{2}$	8,090	6,708	6,158	5,596	3,503	3,934	2,068	0,781	0,102	-0,186	3,675
População Muito Melhorada	10	$-\frac{1}{2}$	2,591	1,679	0,571	2,985	1,052	1,971	0,570	2,096	1,075	1,178	1,577
	50	$-\frac{1}{2}$	4,213	4,576	3,747	1,920	1,027	0,883	0,784	0,550	1,174	0,942	1,982
	90	$-\frac{1}{2}$	4,252	3,312	3,357	2,704	1,861	0,471	0,727	0,315	1,510	0,595	1,910

^{1/} h²(%) = herdabilidade; GMD = grau médio de dominância.

Tabela 15 – Valores médios de ganhos realizados (%), considerando apenas uma repetição, ao longo de 10 ciclos de seleção entre famílias de meios-irmãos, em que o caráter foi representado por dominância parcial ($d/a = \frac{1}{2}$ e $-\frac{1}{2}$)^{1/}.

População	h ² (%)	GMD	Gerações										Média
			1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	
População Pouco Melhorada	10	$\frac{1}{2}$	2,992	3,040	3,017	3,017	3,291	0,883	2,631	2,631	2,499	2,499	2,650
	50	$\frac{1}{2}$	4,560	4,369	4,345	4,340	3,177	3,234	2,548	1,827	0,772	1,259	3,043
	90	$\frac{1}{2}$	6,438	6,267	5,547	5,496	5,216	3,796	2,958	2,516	1,985	1,116	4,134
População Intermediária	10	$\frac{1}{2}$	1,487	2,024	1,567	1,567	2,705	0,965	0,606	0,606	0,639	0,639	1,281
	50	$\frac{1}{2}$	5,379	3,090	1,577	1,577	1,059	0,826	1,021	1,021	0,200	0,600	1,635
	90	$\frac{1}{2}$	4,675	3,781	2,486	2,486	1,349	0,727	0,288	0,288	0,061	0,123	1,626
População Muito Melhorada	10	$\frac{1}{2}$	1,318	1,672	1,714	1,714	0,875	0,347	0,805	0,805	0,145	0,145	0,954
	50	$\frac{1}{2}$	2,585	2,393	1,056	1,056	0,637	0,764	0,725	0,725	0,206	0,188	1,033
	90	$\frac{1}{2}$	3,073	1,617	1,906	1,906	0,589	0,361	0,293	0,293	0,047	0,045	1,013
População Pouco Melhorada	10	$-\frac{1}{2}$	2,718	2,410	1,421	1,421	1,255	1,641	2,376	2,376	1,271	1,271	1,816
	50	$-\frac{1}{2}$	4,258	3,491	4,038	4,038	2,626	4,445	4,312	4,312	2,925	2,655	3,710
	90	$-\frac{1}{2}$	5,874	5,710	5,170	5,170	5,301	5,041	4,735	4,735	1,664	1,289	4,469
População Intermediária	10	$-\frac{1}{2}$	3,243	1,917	3,545	3,545	3,304	2,957	1,638	1,638	1,984	1,584	2,535
	50	$-\frac{1}{2}$	5,294	4,639	4,940	4,940	3,769	3,052	1,754	1,754	1,579	1,578	3,330
	90	$-\frac{1}{2}$	7,049	6,849	5,851	5,851	3,420	2,173	1,082	1,082	0,184	0,956	3,450
População Muito Melhorada	10	$-\frac{1}{2}$	1,035	1,152	1,482	1,482	1,974	1,624	0,718	0,718	1,456	1,205	1,284
	50	$-\frac{1}{2}$	3,574	2,789	2,366	2,366	1,756	0,934	1,254	1,254	0,431	0,398	1,712
	90	$-\frac{1}{2}$	3,850	3,281	2,562	2,262	0,843	1,021	0,658	0,632	0,923	0,842	1,688

^{1/} h²(%) = herdabilidade; GMD = grau médio de dominância.

Tabela 16 – Valores mínimos, médios e máximos de ganhos realizados médios (%), após 10 ciclos de seleção, para as situações avaliadas em que o caráter foi representado por ausência de dominância ($d/a = 0$)^{1/}.

População	h ² (%)	Ganhos Realizados	Estratégias de Seleção			
			FIC	FIC Del. I	Sel. Tandem	FMI
População Pouco Melhorada	10	Mínimo	1,909	2,075	1,557	1,575
		Média	2,451	2,552	2,285	1,934
		Máximo	3,005	3,030	2,691	2,428
	50	Mínimo	3,636	3,666	3,424	3,194
		Média	3,876	3,907	3,610	3,448
		Máximo	4,142	4,061	4,010	3,712
	90	Mínimo	4,301	4,220	4,245	4,149
		Média	4,336	4,308	4,301	4,279
		Máximo	4,383	4,380	4,501	4,358
População Intermediária	10	Mínimo	1,720	2,038	1,885	1,078
		Média	2,146	2,246	2,522	1,704
		Máximo	2,433	2,420	3,097	2,173
	50	Mínimo	2,679	2,812	2,391	2,353
		Média	2,808	2,868	2,860	2,573
		Máximo	2,899	2,949	3,011	2,739
	90	Mínimo	2,801	2,886	2,572	2,671
		Média	2,874	2,953	2,963	2,754
		Máximo	2,924	2,995	3,191	2,859
População Muito Melhorada	10	Mínimo	0,908	1,150	0,896	0,767
		Média	1,176	1,327	1,132	1,030
		Máximo	1,324	1,415	1,305	1,240
	50	Mínimo	1,569	1,581	1,369	1,425
		Média	1,604	1,621	1,591	1,498
		Máximo	1,653	1,650	1,718	1,568
	90	Mínimo	1,608	1,594	1,539	1,386
		Média	1,640	1,637	1,643	1,480
		Máximo	1,659	1,662	1,790	1,592

^{1/} h²(%) = herdabilidade; FIC = seleção entre famílias de irmãos completos; FIC Del. I = seleção entre famílias de irmãos completos obtidas com utilizando o Delineamento I; Sel. Tandem = seleção em tandem; FMI = seleção entre famílias de meios-irmãos.

Tabela 17 – Valores médios de ganhos realizados (%), considerando apenas uma repetição, ao longo de 10 ciclos de seleção entre famílias de irmãos completos e seleção entre famílias de irmãos completos obtidas utilizando o Delineamento I, em que o caráter foi representado por ausência de dominância ($d/a = 0$)^{1/}.

	População	$h^2(\%)$	Gerações										Média
			1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	
FIC	População	10	4,788	2,944	2,471	2,366	1,540	2,340	2,208	1,962	2,310	1,077	2,401
	Pouco	50	4,062	5,052	5,161	4,480	2,347	3,761	3,235	1,992	3,477	2,790	3,636
	Melhorada	90	6,954	6,833	6,490	6,951	5,615	4,648	3,019	2,092	0,684	0,285	4,357
	População	10	2,827	2,529	2,767	1,908	3,227	2,115	1,787	2,141	0,518	1,721	2,154
	Intermediária	50	7,563	4,425	3,297	3,654	2,425	2,993	0,996	1,902	0,600	-0,056	2,780
		90	8,340	6,310	4,691	4,451	2,768	1,440	0,579	0,316	0,309	0,038	2,924
	População	10	2,268	2,304	1,074	0,617	1,554	0,977	0,588	1,142	1,145	0,110	1,178
	Muito	50	3,856	3,599	2,561	1,407	2,576	1,115	0,350	0,323	-0,015	-0,043	1,573
	Melhorada	90	6,691	3,575	2,755	2,018	1,198	0,356	0,000	0,000	0,000	0,000	1,659
FIC Del. I	População	10	2,042	4,907	2,465	3,787	1,574	3,772	3,433	1,500	2,357	2,992	2,883
	Pouco	50	6,150	6,797	4,770	4,993	3,414	2,967	4,087	2,655	1,870	1,916	3,962
	Melhorada	90	6,662	7,021	7,150	5,751	5,781	4,461	3,385	1,796	1,000	0,557	4,356
	População	10	2,487	3,255	3,117	2,546	4,363	2,115	3,042	0,464	0,970	1,405	2,376
	Intermediária	50	5,376	6,595	5,153	4,017	2,655	1,024	1,177	1,145	0,818	0,636	2,860
		90	8,500	6,492	7,028	3,224	2,747	0,875	0,573	-0,063	0,214	0,360	2,995
	População	10	1,026	2,678	2,186	1,537	0,894	0,832	1,160	0,850	-0,608	0,948	1,150
	Muito	50	4,929	2,781	1,991	1,532	2,023	1,474	0,432	0,347	0,558	0,166	1,623
	Melhorada	90	5,744	3,919	3,142	1,819	1,338	0,599	0,000	0,000	0,000	0,000	1,656

^{1/} $h^2(\%)$ = herdabilidade; FIC = seleção entre famílias de irmãos completos; FIC Del. I = seleção entre famílias de irmãos completos obtidas utilizando o Delineamento I.

Tabela 18 – Valores médios de ganhos realizados (%), considerando apenas uma repetição, ao longo de 10 ciclos de seleção em tandem e seleção entre famílias de meios-irmãos, em que o caráter foi representado por ausência de dominância ($d/a = 0$)^{1/}.

	População	h ² (%)	Gerações										Média
			1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	
Seleção em Tandem	População	10	4,154	1,972	2,249	0,584	0,715	1,496	-0,382	1,297	0,676	2,814	1,557
	Pouco	50	4,623	3,636	4,753	3,366	3,695	2,689	4,864	2,705	2,659	2,507	3,550
	Melhorada	90	6,296	7,338	6,216	5,322	6,274	3,360	3,687	2,640	1,273	0,603	4,301
	População Intermediária	10	2,691	2,689	3,542	2,406	0,177	1,600	0,678	3,649	1,110	2,166	2,071
		50	5,218	4,688	5,371	4,189	2,814	1,425	1,546	1,025	1,613	0,707	2,860
		90	6,789	5,628	4,828	3,939	3,405	2,926	0,967	0,125	0,322	0,698	2,963
	População Muito	10	2,103	1,265	2,165	1,403	0,634	0,322	1,716	0,463	0,644	0,365	1,108
		50	4,224	2,102	1,600	1,624	0,902	1,297	1,016	1,206	1,337	0,599	1,591
	Melhorada	90	4,250	2,802	3,559	2,897	1,651	0,646	0,441	0,003	0,123	0,060	1,643
FMI	População	10	1,798	1,212	3,038	3,038	0,974	2,501	0,695	0,695	0,977	0,977	1,591
	Pouco	50	4,357	3,883	4,266	4,266	3,899	4,045	2,437	2,552	2,630	2,475	3,481
	Melhorada	90	5,133	5,613	5,526	5,435	4,777	4,364	3,561	3,361	1,888	1,274	4,093
	População Intermediária	10	2,039	2,471	2,997	2,997	2,301	1,783	0,339	0,339	1,872	1,872	1,901
		50	4,798	3,559	3,537	3,537	2,521	2,135	0,851	0,851	0,903	1,123	2,381
		90	5,099	4,923	4,163	4,163	2,645	1,785	0,806	0,806	0,140	0,369	2,490
	População Muito	10	1,436	2,076	1,056	1,056	1,668	0,751	1,405	1,405	0,047	0,044	1,094
		50	2,973	2,339	2,261	2,261	1,485	0,995	0,772	0,772	0,254	0,235	1,435
	Melhorada	90	3,621	2,714	1,983	1,983	1,131	0,741	0,554	0,554	0,178	0,174	1,363

^{1/} h²(%) = herdabilidade; FMI = seleção entre famílias de meios-irmãos.

Tabela 19 - Valores de variâncias genotípicas médias, em porcentagem, após 10 ciclos de seleção, em que o caráter foi representado por sobredominância e dominância completa^{1/}.

Populações	h ² (%)	Gene favorável	Estratégias de Seleção							
			Sobredominância				Dominância Completa			
			SEFIC	SEFICDel.I	Standem	SEFMI	SEFIC	SEFICDel.I	Standem	SEFMI
População Pouco Melhorada	10	Dominante	100,0	109,9	112,7	105,6	100,0	111,5	111,7	115,7
	50	Dominante	102,3	100,0	116,4	117,2	100,0	108,5	123,8	127,5
	90	Dominante	106,6	100,1	138,6	100,0	100,0	117,1	130,6	118,2
População Intermediária	10	Dominante	107,3	100,0	106,9	106,1	106,9	100,0	133,2	128,6
	50	Dominante	101,6	108,0	131,2	100,0	108,2	106,1	113,1	100,0
	90	Dominante	111,2	125,1	116,0	100,0	100,0	142,6	134,6	126,7
População Muito Melhorada	10	Dominante	109,1	123,0	116,1	100,0	100,0	114,8	104,3	112,9
	50	Dominante	109,5	121,8	100,0	115,5	111,9	125,8	113,8	100,0
	90	Dominante	108,3	108,2	104,2	100,0	121,4	124,1	110,1	100,0
População Pouco Melhorada	10	Recessivo	113,4	100,0	102,0	124,3	104,5	113,5	100,0	125,9
	50	Recessivo	107,7	100,0	117,8	140,0	102,4	113,4	100,0	114,7
	90	Recessivo	100,0	139,3	128,5	182,1	100,0	134,8	147,0	142,9
População Intermediária	10	Recessivo	100,0	107,5	121,3	143,4	100,0	112,1	103,0	140,0
	50	Recessivo	100,0	118,2	125,8	127,6	100,0	106,7	105,9	133,2
	90	Recessivo	100,0	119,3	135,3	182,9	115,9	100,0	116,3	140,6
População Muito Melhorada	10	Recessivo	111,1	117,0	100,0	123,0	100,0	115,4	107,6	119,5
	50	Recessivo	103,4	116,6	100,0	134,6	108,7	100,0	133,5	124,9
	90	Recessivo	116,7	100,0	161,8	142,2	114,0	100,0	124,1	169,5

^{1/} h²(%) = herdabilidade; SEFIC = seleção entre famílias de irmãos completos; SEFICDel.I = seleção entre famílias de irmãos completos obtidas utilizando o Delineamento I; Standem = seleção em tandem; SEFMI = seleção entre famílias de meios-irmãos.

Tabela 20 - Valores de variâncias genotípicas médias, em porcentagem, após 10 ciclos de seleção, em que o caráter foi representado por dominância parcial e ausência de dominância ^{1/}.

Populações	h ² (%)	Gene favorável	Estratégias de Seleção							
			Dominância Parcial				Ausência de Dominância			
			SEFIC	SEFICDel.I	Standem	SEFMI	SEFIC	SEFICDel.I	Standem	SEFMI
População Pouco Melhorada	10	Dominante	160,9	100,0	130,9	131,1	144,0	134,0	100,0	120,1
	50	Dominante	100,0	120,4	130,3	146,5	100,0	106,1	119,3	125,5
	90	Dominante	100,0	125,8	140,7	136,6	100,0	118,8	121,1	148,8
População Intermediária	10	Dominante	100,0	118,6	111,1	128,8	100,0	100,8	118,7	116,5
	50	Dominante	100,0	108,5	116,0	108,8	100,0	106,0	115,3	134,4
	90	Dominante	100,0	114,9	134,4	116,0	100,0	109,1	138,1	140,1
População Muito Melhorada	10	Dominante	100,0	114,4	123,9	106,4	118,6	114,4	100,0	117,5
	50	Dominante	102,6	110,7	100,0	129,5	100,0	113,2	132,9	132,7
	90	Dominante	101,9	100,0	115,4	141,2	100,0	127,3	191,2	216,0
População Pouco Melhorada	10	Recessivo	119,6	110,4	100,0	155,4				
	50	Recessivo	114,6	120,6	100,0	131,2				
	90	Recessivo	101,3	100,0	110,1	152,8				
População Intermediária	10	Recessivo	112,0	100,0	106,3	116,0				
	50	Recessivo	100,0	113,8	109,6	140,9				
	90	Recessivo	100,0	132,7	162,7	159,3				
População Muito Melhorada	10	Recessivo	120,8	100,0	187,5	177,4				
	50	Recessivo	120,8	100,0	108,9	151,7				
	90	Recessivo	100,0	155,1	175,5	177,6				

^{1/} h²(%) = herdabilidade; SEFIC = seleção entre famílias de irmãos completos; SEFICDel.I = seleção entre famílias de irmãos completos obtidas utilizando o Delineamento I; Standem = seleção em tandem; SEFMI = seleção entre famílias de meios-irmãos.

Tabela 21 - Valores de freqüências gênicas médias, na população de ciclo 10, com seleção entre famílias de irmãos completos em que o caráter foi representado por sobredominância ($d/a = 2$ e -2)^{1/}.

População	h ² (%)	GMD	Genes										
			1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	
População Pouco Melhorada	Freq. Pop. inicial		0,1	0,1	0,1	0,1	0,1	0,1	0,1	0,5	0,5	0,5	0,9
	10	2	0,615	0,653	0,535	0,468	0,446	0,602	0,681	0,714	0,824	0,902	
	50	2	0,727	0,725	0,501	0,641	0,683	0,897	0,737	0,699	0,625	0,888	
População Intermediária	90	2	0,695	0,681	0,705	0,662	0,682	0,823	0,715	0,730	0,689	0,684	
	Freq. Pop. inicial		0,4	0,4	0,4	0,5	0,5	0,5	0,5	0,5	0,5	0,6	0,6
	10	2	0,677	0,630	0,691	0,635	0,727	0,857	0,661	0,745	0,576	0,716	
População Muito Melhorada	50	2	0,803	0,744	0,757	0,861	0,759	0,984	0,699	0,682	0,752	0,725	
	90	2	0,576	0,728	0,705	0,671	0,688	0,966	0,716	0,657	0,803	0,665	
	Freq. Pop. inicial		0,1	0,5	0,5	0,5	0,9	0,9	0,9	0,9	0,9	0,9	0,9
População Pouco Melhorada	10	2	0,662	0,646	0,625	0,568	0,926	0,986	0,972	0,855	0,925	0,854	
	50	2	0,741	0,741	0,695	0,805	0,826	0,898	0,765	0,803	0,635	0,771	
	90	2	0,685	0,676	0,719	0,680	0,814	1,000	0,742	0,721	0,733	0,677	
População Intermediária	Freq. Pop. inicial		0,1	0,1	0,1	0,1	0,1	0,1	0,5	0,5	0,5	0,9	
	10	-2	0,000	0,186	0,000	0,000	0,024	0,000	1,000	0,962	1,000	1,000	
	50	-2	0,000	0,000	0,000	0,010	0,000	0,000	1,000	1,000	1,000	1,000	
População Muito Melhorada	90	-2	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	1,000	1,000	1,000	1,000	
	Freq. Pop. inicial		0,4	0,4	0,4	0,5	0,5	0,5	0,5	0,5	0,5	0,6	0,6
	10	-2	0,854	0,876	0,531	0,231	0,954	0,282	1,000	0,975	1,000	1,000	
População Intermediária	50	-2	1,000	0,964	1,000	1,000	1,000	0,607	1,000	1,000	1,000	1,000	
	90	-2	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	0,020	1,000	1,000	1,000	1,000	
	Freq. Pop. inicial		0,1	0,5	0,5	0,5	0,9	0,9	0,9	0,9	0,9	0,9	
População Muito Melhorada	10	-2	0,000	0,978	0,382	0,795	1,000	0,914	1,000	1,000	1,000	1,000	
	50	-2	0,000	1,000	1,000	1,000	1,000	0,865	1,000	1,000	1,000	1,000	
	90	-2	0,000	1,000	1,000	1,000	1,000	0,691	1,000	1,000	1,000	1,000	

^{1/} h²(%) = herdabilidade; GMD = grau médio de dominância; Freq. Pop. inicial = freqüência do alelo favorável no primeiro ciclo de seleção.

Tabela 22 - Valores de freqüências gênicas médias, na população de ciclo 10, com seleção entre famílias de irmãos completos obtidas utilizando o Delineamento I em que o caráter foi representado por sobredominância ($d/a = 2$ e -2)^{1/}.

População	h ² (%)	GMD	Genes									
			1	2	3	4	5	6	7	8	9	10
População Pouco Melhorada	Freq. Pop. inicial		0,1	0,1	0,1	0,1	0,1	0,1	0,5	0,5	0,5	0,9
	10	2	0,425	0,539	0,538	0,652	0,369	0,357	0,761	0,509	0,542	0,882
	50	2	0,692	0,640	0,533	0,578	0,708	0,790	0,611	0,633	0,901	0,828
	90	2	0,726	0,662	0,707	0,698	0,687	0,858	0,760	0,795	0,691	0,571
População Intermediária	Freq. Pop. inicial		0,4	0,4	0,4	0,5	0,5	0,5	0,5	0,5	0,6	0,6
	10	2	0,634	0,689	0,544	0,755	0,617	0,694	0,582	0,694	0,668	0,937
	50	2	0,597	0,776	0,678	0,641	0,742	0,913	0,763	0,796	0,894	0,745
	90	2	0,722	0,613	0,739	0,670	0,668	0,931	0,721	0,598	0,706	0,730
População Muito Melhorada	Freq. Pop. inicial		0,1	0,5	0,5	0,5	0,9	0,9	0,9	0,9	0,9	0,9
	10	2	0,462	0,672	0,680	0,793	0,829	0,782	0,980	0,841	0,990	0,717
	50	2	0,550	0,789	0,782	0,788	0,801	1,000	0,754	0,676	0,817	0,794
	90	2	0,550	0,789	0,782	0,788	0,801	1,000	0,754	0,676	0,817	0,794
População Pouco Melhorada	Freq. Pop. inicial		0,1	0,1	0,1	0,1	0,1	0,1	0,5	0,5	0,5	0,9
	10	-2	0,000	0,027	0,021	0,000	0,012	0,039	1,000	0,984	0,613	1,000
	50	-2	0,000	0,000	0,000	0,000	0,060	0,000	1,000	1,000	1,000	1,000
	90	-2	1,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	1,000	1,000	1,000	1,000
População Intermediária	Freq. Pop. inicial		0,4	0,4	0,4	0,5	0,5	0,5	0,5	0,5	0,6	0,6
	10	-2	0,849	0,610	1,000	0,987	1,000	0,334	0,989	1,000	0,895	0,991
	50	-2	0,640	0,987	0,975	1,000	1,000	0,499	1,000	0,987	1,000	1,000
	90	-2	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	0,027	1,000	1,000	1,000	1,000
População Muito Melhorada	Freq. Pop. inicial		0,1	0,5	0,5	0,5	0,9	0,9	0,9	0,9	0,9	0,9
	10	-2	0,000	0,894	0,987	0,823	1,000	0,834	1,000	1,000	1,000	1,000
	50	-2	0,363	1,000	1,000	1,000	1,000	0,341	1,000	1,000	1,000	1,000
	90	-2	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000

^{1/} h²(%) = herdabilidade; GMD = grau médio de dominância; Freq. Pop. inicial = freqüência do alelo favorável no primeiro ciclo de seleção.

Tabela 23 - Valores de freqüências gênicas médias, na população de ciclo 10, com seleção em tandem em que o caráter foi representado por sobredominância ($d/a = 2$ e -2)^{1/}.

População	h ² (%)	GMD	Genes									
			1	2	3	4	5	6	7	8	9	10
População Pouco Melhorada	Freq. Pop. inicial		0,1	0,1	0,1	0,1	0,1	0,1	0,5	0,5	0,5	0,9
	10	2	0,611	0,337	0,630	0,425	0,520	0,583	0,529	0,502	0,557	0,624
	50	2	0,540	0,679	0,643	0,691	0,633	0,739	0,706	0,783	0,564	0,612
População Intermediária	90	2	0,601	0,518	0,636	0,558	0,576	0,661	0,617	0,642	0,561	0,618
	Freq. Pop. inicial		0,4	0,4	0,4	0,5	0,5	0,5	0,5	0,5	0,6	0,6
	10	2	0,653	0,667	0,608	0,727	0,772	0,841	0,710	0,698	0,660	0,723
População Muito Melhorada	50	2	0,613	0,597	0,539	0,806	0,718	0,750	0,765	0,647	0,674	0,764
	90	2	0,694	0,738	0,678	0,647	0,827	0,932	0,655	0,749	0,646	0,683
	Freq. Pop. inicial		0,1	0,5	0,5	0,5	0,9	0,9	0,9	0,9	0,9	0,9
População Pouco Melhorada	10	2	0,578	0,670	0,612	0,607	0,930	0,951	0,928	0,650	0,858	0,799
	50	2	0,665	0,718	0,855	0,686	0,766	0,926	0,745	0,853	0,872	0,822
	90	2	0,665	0,607	0,732	0,690	0,615	0,940	0,796	0,767	0,746	0,670
População Intermediária	Freq. Pop. inicial		0,1	0,1	0,1	0,1	0,1	0,1	0,5	0,5	0,5	0,9
	10	-2	0,000	0,026	0,076	0,146	0,000	0,000	1,000	1,000	0,977	1,000
	50	-2	0,000	0,035	0,053	0,000	0,000	0,000	1,000	1,000	1,000	1,000
População Muito Melhorada	90	-2	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	1,000	1,000	1,000	1,000
	Freq. Pop. inicial		0,4	0,4	0,4	0,5	0,5	0,5	0,5	0,5	0,6	0,6
	10	-2	0,388	0,292	0,557	0,907	0,965	0,553	0,876	0,953	1,000	0,920
População Muito Melhorada	50	-2	0,963	0,963	0,766	0,924	0,989	0,111	0,947	1,000	1,000	0,952
	90	-2	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	0,013	1,000	1,000	1,000	1,000
	Freq. Pop. inicial		0,1	0,5	0,5	0,5	0,9	0,9	0,9	0,9	0,9	0,9
População Muito Melhorada	10	-2	0,000	0,866	0,921	0,946	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000
	50	-2	0,000	1,000	1,000	1,000	1,000	0,950	1,000	1,000	1,000	1,000
	90	-2	0,000	1,000	1,000	1,000	1,000	0,482	1,000	1,000	1,000	1,000

^{1/} h²(%) = herdabilidade; GMD = grau médio de dominância; Freq. Pop. inicial = freqüência do alelo favorável no primeiro ciclo de seleção.

Tabela 24 - Valores de freqüências gênicas médias, na população de ciclo 10, com seleção entre famílias de meios-irmãos em que o caráter foi representado por sobredominância ($d/a = 2$ e -2)^{1/}.

População	h ² (%)	GMD	Genes										
			1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	
População Pouco Melhorada	Freq. Pop. inicial		0,1	0,1	0,1	0,1	0,1	0,1	0,1	0,5	0,5	0,5	0,9
	10	2	0,269	0,267	0,489	0,591	0,573	0,384	0,760	0,595	0,631	0,916	
	50	2	0,620	0,752	0,599	0,579	0,529	0,627	0,656	0,758	0,616	0,781	
População Intermediária	90	2	0,740	0,723	0,720	0,777	0,736	0,685	0,749	0,790	0,629	0,664	
	Freq. Pop. inicial		0,4	0,4	0,4	0,5	0,5	0,5	0,5	0,5	0,6	0,6	
	10	2	0,595	0,622	0,738	0,692	0,668	0,695	0,758	0,661	0,676	0,684	
População Muito Melhorada	50	2	0,800	0,716	0,832	0,635	0,745	0,810	0,785	0,697	0,647	0,747	
	90	2	0,725	0,769	0,753	0,719	0,706	0,708	0,706	0,711	0,741	0,755	
	Freq. Pop. inicial		0,1	0,5	0,5	0,5	0,9	0,9	0,9	0,9	0,9	0,9	
População Pouco Melhorada	10	2	0,724	0,741	0,734	0,693	0,835	0,904	0,785	0,807	0,818	0,843	
	50	2	0,683	0,766	0,740	0,748	0,760	0,762	0,802	0,643	0,775	0,853	
	90	2	0,778	0,736	0,694	0,761	0,805	0,760	0,724	0,693	0,756	0,691	
População Intermediária	Freq. Pop. inicial		0,1	0,1	0,1	0,1	0,1	0,1	0,5	0,5	0,5	0,9	
	10	-2	0,009	0,004	0,021	0,057	0,004	0,003	0,895	0,952	0,996	0,994	
	50	-2	0,005	0,000	0,000	0,005	0,003	0,004	1,000	1,000	0,997	1,000	
População Muito Melhorada	90	-2	0,000	0,001	0,000	0,000	0,000	0,001	1,000	1,000	1,000	1,000	
	Freq. Pop. inicial		0,4	0,4	0,4	0,5	0,5	0,5	0,5	0,5	0,6	0,6	
	10	-2	0,525	0,681	0,652	0,896	0,861	0,898	0,937	0,848	0,890	0,825	
População Muito Melhorada	50	-2	0,920	0,949	0,917	0,963	0,983	0,996	0,997	0,994	0,998	0,998	
	90	-2	0,997	0,991	0,995	0,999	1,000	0,999	0,997	0,997	0,998	1,000	
	Freq. Pop. inicial		0,1	0,5	0,5	0,5	0,9	0,9	0,9	0,9	0,9	0,9	
População Muito Melhorada	10	-2	0,004	0,841	0,808	0,542	1,000	0,996	0,989	0,997	1,000	0,999	
	50	-2	0,049	0,992	0,963	0,988	1,000	0,999	1,000	1,000	0,997	1,000	
	90	-2	0,018	0,999	0,995	0,994	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	

^{1/} h²(%) = herdabilidade; GMD = grau médio de dominância; Freq. Pop. inicial = freqüência do alelo favorável no primeiro ciclo de seleção.

Tabela 25 - Valores de freqüências gênicas médias, na população de ciclo 10, com seleção entre famílias de irmãos completos em que o caráter foi representado por dominância completa ($d/a = 1$ e -1)^{1/}.

População	h ² (%)	GMD	Genes										
			1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	
População Pouco Melhorada	Freq. Pop. inicial		0,1	0,1	0,1	0,1	0,1	0,1	0,1	0,5	0,5	0,5	0,9
	10	1	0,460	0,428	0,191	0,596	0,402	0,613	0,772	0,771	0,895	1,000	
	50	1	0,781	0,726	0,814	0,786	0,705	0,804	0,853	0,806	0,915	0,937	
	90	1	0,887	0,901	0,951	0,876	0,758	0,833	0,841	1,000	1,000	0,876	
População Intermediária	Freq. Pop. inicial		0,4	0,4	0,4	0,5	0,5	0,5	0,5	0,5	0,6	0,6	
	10	1	0,710	0,787	0,771	0,730	0,708	0,791	0,925	0,855	0,787	0,864	
	50	1	0,885	0,888	0,880	0,778	0,927	0,780	0,840	0,882	0,906	0,923	
	90	1	0,906	0,979	0,989	1,000	0,960	0,929	0,866	0,909	0,871	0,977	
População Muito Melhorada	Freq. Pop. inicial		0,1	0,5	0,5	0,5	0,9	0,9	0,9	0,9	0,9	0,9	
	10	1	0,597	0,739	0,854	0,659	0,947	0,800	0,989	1,000	0,882	1,000	
	50	1	0,878	0,987	0,939	0,953	0,951	1,000	0,866	1,000	1,000	0,990	
	90	1	0,802	0,935	0,986	0,873	1,000	0,943	0,987	0,924	0,988	0,975	
População Pouco Melhorada	Freq. Pop. inicial		0,1	0,1	0,1	0,1	0,1	0,1	0,5	0,5	0,5	0,9	
	10	-1	0,583	0,000	0,113	0,094	0,116	0,152	0,990	1,000	1,000	1,000	
	50	-1	0,000	0,807	0,587	0,989	0,950	0,000	1,000	1,000	1,000	1,000	
	90	-1	1,000	1,000	1,000	0,644	1,000	0,064	1,000	1,000	1,000	1,000	
População Intermediária	Freq. Pop. inicial		0,4	0,4	0,4	0,5	0,5	0,5	0,5	0,5	0,6	0,6	
	10	-1	0,923	0,924	0,965	0,901	0,644	0,585	0,962	1,000	1,000	1,000	
	50	-1	0,958	0,975	1,000	1,000	1,000	0,666	1,000	0,985	1,000	1,000	
	90	-1	0,987	1,000	1,000	1,000	1,000	0,417	1,000	1,000	1,000	1,000	
População Muito Melhorada	Freq. Pop. inicial		0,1	0,5	0,5	0,5	0,9	0,9	0,9	0,9	0,9	0,9	
	10	-1	0,435	0,955	1,000	0,941	1,000	0,900	1,000	1,000	1,000	1,000	
	50	-1	0,948	1,000	1,000	1,000	1,000	0,855	1,000	1,000	1,000	1,000	
	90	-1	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	0,689	1,000	1,000	1,000	1,000	

^{1/} h²(%) = herdabilidade; GMD = grau médio de dominância; Freq. Pop. inicial = freqüência do alelo favorável no primeiro ciclo de seleção.

Tabela 26 - Valores de freqüências gênicas médias, na população de ciclo 10, com seleção entre famílias de irmãos completos obtidas utilizando o Delineamento I em que o caráter foi representado por dominância completa ($d/a = 1 e -1$)^{1/}.

População	h ² (%)	GMD	Genes										
			1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	
População Pouco Melhorada	Freq. Pop. inicial		0,1	0,1	0,1	0,1	0,1	0,1	0,1	0,5	0,5	0,5	0,9
	10	1	0,375	0,598	0,380	0,525	0,374	0,387	0,654	0,750	0,804	0,980	
	50	1	0,784	0,751	0,701	0,753	0,653	0,528	0,699	0,897	0,573	0,987	
População Intermediária	90	1	0,890	0,874	0,844	0,847	0,818	0,899	0,927	0,920	0,825	0,935	
	Freq. Pop. inicial		0,4	0,4	0,4	0,5	0,5	0,5	0,5	0,5	0,6	0,6	
	10	1	0,677	0,666	0,923	0,744	0,731	0,826	0,782	0,817	0,723	0,933	
População Muito Melhorada	50	1	0,858	1,000	0,861	0,874	0,781	0,777	0,809	0,906	0,885	0,960	
	90	1	0,964	0,841	0,854	0,924	1,000	0,927	0,985	0,986	0,977	0,940	
	Freq. Pop. inicial		0,1	0,5	0,5	0,5	0,9	0,9	0,9	0,9	0,9	0,9	
População Pouco Melhorada	10	1	0,692	0,773	0,837	0,643	0,914	1,000	0,959	0,952	0,985	0,846	
	50	1	0,811	0,747	0,936	0,924	1,000	0,890	0,965	0,910	0,943	1,000	
	90	1	0,920	0,902	0,850	0,952	0,866	0,917	0,957	1,000	1,000	1,000	
População Intermediária	Freq. Pop. inicial		0,1	0,1	0,1	0,1	0,1	0,1	0,5	0,5	0,5	0,9	
	10	-1	0,033	0,088	0,318	0,000	0,118	0,244	0,878	0,928	1,000	1,000	
	50	-1	0,000	0,948	0,990	0,901	0,032	0,201	1,000	1,000	1,000	1,000	
População Muito Melhorada	90	-1	0,986	0,821	0,961	1,000	0,268	0,490	1,000	1,000	1,000	1,000	
	Freq. Pop. inicial		0,4	0,4	0,4	0,5	0,5	0,5	0,5	0,5	0,6	0,6	
	10	-1	0,988	0,784	0,659	0,693	0,948	0,403	1,000	0,783	0,890	0,989	
População Muito Melhorada	50	-1	1,000	1,000	0,956	1,000	1,000	0,501	0,919	1,000	0,987	1,000	
	90	-1	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	0,594	1,000	1,000	1,000	1,000	
	Freq. Pop. inicial		0,1	0,5	0,5	0,5	0,9	0,9	0,9	0,9	0,9	0,9	
População Muito Melhorada	10	-1	0,000	0,965	1,000	0,877	0,975	0,954	0,962	1,000	1,000	1,000	
	50	-1	0,052	0,975	1,000	1,000	1,000	0,932	1,000	1,000	1,000	1,000	
	90	-1	0,000	1,000	1,000	1,000	1,000	0,719	1,000	1,000	1,000	1,000	

^{1/} h²(%) = herdabilidade; GMD = grau médio de dominância; Freq. Pop. inicial = freqüência do alelo favorável no primeiro ciclo de seleção.

Tabela 27 - Valores de freqüências gênicas médias, na população de ciclo 10, com seleção em tandem em que o caráter foi representado por dominância completa ($d/a = 1$ e -1)^{1/}.

População	h ² (%)	GMD	Genes										
			1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	
População Pouco Melhorada	Freq. Pop. inicial		0,1	0,1	0,1	0,1	0,1	0,1	0,1	0,5	0,5	0,5	0,9
	10	1	0,321	0,525	0,392	0,390	0,548	0,372	0,664	0,782	0,735	0,942	
	50	1	0,582	0,552	0,512	0,744	0,713	0,733	0,891	0,873	0,690	0,940	
População Intermediária	90	1	0,885	0,876	0,794	0,913	0,828	0,900	0,926	0,856	0,892	1,000	
	Freq. Pop. inicial		0,4	0,4	0,4	0,5	0,5	0,5	0,5	0,5	0,6	0,6	
	10	1	0,648	0,822	0,826	0,599	0,758	0,868	0,830	0,554	0,648	0,850	
População Muito Melhorada	50	1	0,783	0,873	0,806	0,939	0,915	0,907	0,828	0,864	0,892	0,877	
	90	1	0,847	0,935	0,868	0,928	0,963	0,989	0,935	0,965	0,960	0,937	
	Freq. Pop. inicial		0,1	0,5	0,5	0,5	0,9	0,9	0,9	0,9	0,9	0,9	
População Pouco Melhorada	10	1	0,492	0,743	0,764	0,780	0,916	0,972	0,938	0,947	0,972	0,975	
	50	1	0,851	0,859	0,902	0,912	0,900	0,871	0,987	1,000	0,879	1,000	
	90	1	0,949	0,892	0,910	0,924	0,961	1,000	1,000	1,000	1,000	0,941	
População Intermediária	Freq. Pop. inicial		0,1	0,1	0,1	0,1	0,1	0,1	0,5	0,5	0,5	0,9	
	10	-1	0,036	0,217	0,070	0,236	0,049	0,313	0,988	0,875	1,000	1,000	
	50	-1	0,942	0,091	0,144	0,365	0,494	0,021	1,000	1,000	1,000	1,000	
População Muito Melhorada	90	-1	0,026	0,000	0,986	0,990	0,985	0,577	1,000	1,000	1,000	1,000	
	Freq. Pop. inicial		0,4	0,4	0,4	0,5	0,5	0,5	0,5	0,5	0,6	0,6	
	10	-1	0,036	0,217	0,070	0,236	0,049	0,313	0,988	0,875	1,000	0,000	
População Intermediária	50	-1	0,990	1,000	0,890	0,985	1,000	0,346	1,000	1,000	1,000	1,000	
	90	-1	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	0,716	1,000	1,000	1,000	1,000	
	Freq. Pop. inicial		0,1	0,5	0,5	0,5	0,9	0,9	0,9	0,9	0,9	0,9	
População Muito Melhorada	10	-1	0,070	0,672	0,951	0,962	1,000	0,934	0,977	1,000	1,000	0,988	
	50	-1	0,000	1,000	1,000	1,000	1,000	0,746	1,000	1,000	1,000	1,000	
	90	-1	0,931	1,000	1,000	1,000	1,000	0,878	1,000	1,000	1,000	1,000	

^{1/} h²(%) = herdabilidade; GMD = grau médio de dominância; Freq. Pop. inicial = freqüência do alelo favorável no primeiro ciclo de seleção.

Tabela 28 - Valores de freqüências gênicas médias, na população de ciclo 10, com seleção entre famílias de meios-irmãos em que o caráter foi representado por dominância completa ($d/a = 1$ e -1)^{1/}.

População	h ² (%)	GMD	Genes										
			1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	
População Pouco Melhorada	Freq. Pop. inicial		0,1	0,1	0,1	0,1	0,1	0,1	0,1	0,5	0,5	0,5	0,9
	10	1	0,423	0,413	0,213	0,407	0,572	0,346	0,644	0,753	0,713	0,819	
	50	1	0,726	0,554	0,661	0,676	0,667	0,672	0,813	0,799	0,827	0,985	
População Intermediária	90	1	0,912	0,906	0,927	0,940	0,923	0,925	0,917	0,890	0,941	0,942	
	Freq. Pop. inicial		0,4	0,4	0,4	0,5	0,5	0,5	0,5	0,5	0,6	0,6	
	10	1	0,728	0,633	0,712	0,809	0,687	0,661	0,751	0,697	0,797	0,789	
População Muito Melhorada	50	1	0,906	0,851	0,935	0,880	0,898	0,940	0,879	0,822	0,927	0,889	
	90	1	0,944	0,959	0,970	0,979	0,949	0,987	0,949	0,983	0,937	0,942	
	Freq. Pop. inicial		0,1	0,5	0,5	0,5	0,9	0,9	0,9	0,9	0,9	0,9	
População Pouco Melhorada	10	1	0,553	0,755	0,651	0,621	0,931	0,958	0,999	0,882	0,923	0,997	
	50	1	0,839	0,899	0,904	0,897	0,961	0,973	0,951	0,916	0,921	0,944	
	90	1	0,967	0,940	0,971	0,972	0,994	0,998	0,963	0,981	0,957	0,991	
População Intermediária	Freq. Pop. inicial		0,1	0,1	0,1	0,1	0,1	0,1	0,5	0,5	0,5	0,9	
	10	-1	0,051	0,213	0,294	0,088	0,189	0,005	0,864	0,914	0,948	1,000	
	50	-1	0,448	0,700	0,134	0,261	0,085	0,150	0,999	0,997	0,995	1,000	
População Muito Melhorada	90	-1	0,661	0,958	0,269	0,994	0,488	0,283	1,000	1,000	1,000	1,000	
	Freq. Pop. inicial		0,4	0,4	0,4	0,5	0,5	0,5	0,5	0,5	0,6	0,6	
	10	-1	0,785	0,716	0,481	0,775	0,669	0,646	0,882	0,781	0,748	0,803	
População Pouco Melhorada	50	-1	0,977	0,943	0,962	0,991	0,977	0,956	0,959	0,980	0,976	0,995	
	90	-1	0,998	0,990	0,995	0,996	1,000	0,999	0,997	0,999	0,997	0,997	
	Freq. Pop. inicial		0,1	0,5	0,5	0,5	0,9	0,9	0,9	0,9	0,9	0,9	
População Intermediária	10	-1	0,006	0,943	0,898	0,841	0,988	1,000	0,999	1,000	1,000	0,957	
	50	-1	0,506	0,989	0,980	0,989	1,000	1,000	1,000	1,000	0,999	1,000	
	90	-1	0,963	0,922	0,967	0,926	0,913	0,937	0,984	0,982	0,974	0,997	

^{1/} h²(%) = herdabilidade; GMD = grau médio de dominância; Freq. Pop. inicial = freqüência do alelo favorável no primeiro ciclo de seleção.

Tabela 29 - Valores de freqüências gênicas médias, na população de ciclo 10, com seleção entre famílias de irmãos completos em que o caráter foi representado por dominância parcial ($d/a = 1/2$ e $-1/2$)^{1/}.

População	h ² (%)	GMD	Genes										
			1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	
População Pouco Melhorada	Freq. Pop. inicial		0,1	0,1	0,1	0,1	0,1	0,1	0,1	0,5	0,5	0,5	0,9
	10	½	0,728	0,867	0,796	0,419	0,260	0,629	0,591	0,772	0,917	0,988	
	50	½	0,942	0,942	0,906	0,917	0,925	0,828	1,000	0,927	0,952	0,986	
População Intermediária	Freq. Pop. inicial		0,4	0,4	0,4	0,5	0,5	0,5	0,5	0,5	0,5	0,6	0,6
	10	½	0,848	0,939	0,738	0,603	0,820	0,726	0,988	0,599	0,879	0,892	
	50	½	0,930	0,919	0,966	0,819	0,893	0,730	1,000	1,000	0,938	1,000	
População Muito Melhorada	Freq. Pop. inicial		0,1	0,5	0,5	0,5	0,9	0,9	0,9	0,9	0,9	0,9	0,9
	10	½	0,721	0,921	0,869	0,795	1,000	0,879	1,000	1,000	0,990	0,978	
	50	½	0,964	0,924	0,972	1,000	1,000	0,793	1,000	1,000	1,000	1,000	
População Pouco Melhorada	Freq. Pop. inicial		0,1	0,1	0,1	0,1	0,1	0,1	0,1	0,5	0,5	0,5	0,9
	10	-½	0,171	0,574	0,649	0,226	0,153	0,225	0,977	0,943	1,000	1,000	
	50	-½	0,963	0,959	0,875	0,988	0,951	0,566	1,000	1,000	1,000	1,000	
População Intermediária	Freq. Pop. inicial		0,4	0,4	0,4	0,5	0,5	0,5	0,5	0,5	0,5	0,6	0,6
	10	-½	0,926	0,849	0,919	0,726	0,780	0,387	0,877	0,776	0,923	0,934	
	50	-½	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	0,726	1,000	1,000	1,000	1,000	
População Muito Melhorada	Freq. Pop. inicial		0,1	0,5	0,5	0,5	0,9	0,9	0,9	0,9	0,9	0,9	0,9
	10	-½	0,171	0,977	1,000	0,967	1,000	0,962	1,000	1,000	1,000	1,000	
	50	-½	0,771	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	
População Muito Melhorada	Freq. Pop. inicial		0,1	0,5	0,5	0,5	0,9	0,9	0,9	0,9	0,9	0,9	0,9
	10	-½	0,171	0,977	1,000	0,967	1,000	0,962	1,000	1,000	1,000	1,000	
	90	-½	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	0,989	1,000	1,000	1,000	1,000	

^{1/} h²(%) = herdabilidade; GMD = grau médio de dominância; Freq. Pop. inicial = freqüência do alelo favorável no primeiro ciclo de seleção.

Tabela 30 - Valores de freqüências gênicas médias, na população de ciclo 10, com seleção entre famílias de irmãos completos obtidas utilizando o Delineamento I em que o caráter foi representado por dominância parcial ($d/a = 1/2$ e $-1/2$)^{1/}.

População	h ² (%)	GMD	Genes										
			1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	
População Pouco Melhorada	Freq. Pop. inicial		0,1	0,1	0,1	0,1	0,1	0,1	0,1	0,5	0,5	0,5	0,9
	10	½	0,612	0,694	0,498	0,641	0,572	0,656	0,965	0,834	0,887	0,975	
	50	½	0,736	0,846	0,864	0,768	0,886	0,912	0,960	0,944	0,965	1,000	
	90	½	0,975	1,000	0,895	0,900	1,000	0,763	1,000	0,991	1,000	1,000	
População Intermediária	Freq. Pop. inicial		0,4	0,4	0,4	0,5	0,5	0,5	0,5	0,5	0,6	0,6	
	10	½	0,736	0,533	0,798	0,749	0,583	0,795	0,893	0,813	0,776	0,759	
	50	½	0,948	1,000	0,977	0,923	0,975	0,747	0,918	0,952	0,961	0,972	
	90	½	0,976	1,000	0,970	1,000	1,000	0,952	0,986	1,000	1,000	0,971	
População Muito Melhorada	Freq. Pop. inicial		0,1	0,5	0,5	0,5	0,9	0,9	0,9	0,9	0,9	0,9	
	10	½	0,709	0,833	0,828	0,789	0,984	1,000	0,965	1,000	0,942	0,988	
	50	½	0,901	0,974	0,950	0,878	1,000	1,000	1,000	0,975	0,974	1,000	
	90	½	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	
População Pouco Melhorada	Freq. Pop. inicial		0,1	0,1	0,1	0,1	0,1	0,1	0,5	0,5	0,5	0,9	
	10	-½	0,059	0,027	0,043	0,517	0,081	0,321	0,879	0,961	0,947	1,000	
	50	-½	0,965	0,806	0,974	1,000	0,279	0,667	1,000	1,000	1,000	1,000	
	90	-½	1,000	0,966	1,000	1,000	1,000	0,476	1,000	1,000	1,000	1,000	
População Intermediária	Freq. Pop. inicial		0,4	0,4	0,4	0,5	0,5	0,5	0,5	0,5	0,6	0,6	
	10	-½	0,811	0,976	0,882	0,909	1,000	0,471	0,861	0,953	0,934	1,000	
	50	-½	0,953	1,000	0,924	1,000	0,974	0,764	0,987	0,939	1,000	1,000	
	90	-½	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	0,600	1,000	1,000	1,000		
População Muito Melhorada	Freq. Pop. inicial		0,1	0,5	0,5	0,5	0,9	0,9	0,9	0,9	0,9	0,9	
	10	-½	0,000	1,000	0,979	0,975	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	
	50	-½	0,682	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	
	90	-½	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	0,952	1,000	1,000	1,000	1,000	

^{1/} h²(%) = herdabilidade; GMD = grau médio de dominância; Freq. Pop. inicial = freqüência do alelo favorável no primeiro ciclo de seleção.

Tabela 31 - Valores de freqüências gênicas médias, na população de ciclo 10, com seleção em tandem em que o caráter foi representado por dominância parcial ($d/a = 1/2$ e $-1/2$)^{1/}.

População	h ² (%)	GMD	Genes										
			1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	
População Pouco Melhorada	Freq. Pop. inicial		0,1	0,1	0,1	0,1	0,1	0,1	0,1	0,5	0,5	0,5	0,9
	10	½	0,375	0,565	0,163	0,261	0,552	0,477	0,818	0,790	0,881	1,000	
	50	½	0,871	0,651	0,846	0,780	0,913	0,482	0,988	0,818	0,925	1,000	
População Intermediária	Freq. Pop. inicial		0,4	0,4	0,4	0,5	0,5	0,5	0,5	0,5	0,5	0,6	0,6
	10	½	0,718	0,829	0,666	0,789	0,836	0,584	0,868	0,930	0,918	0,898	
	50	½	0,832	0,876	0,757	0,958	0,869	0,835	1,000	0,857	0,911	1,000	
População Muito Melhorada	Freq. Pop. inicial		0,1	0,5	0,5	0,5	0,9	0,9	0,9	0,9	0,9	0,9	0,9
	10	½	0,760	0,717	0,652	0,764	1,000	1,000	1,000	1,000	0,974	0,972	
	50	½	0,939	1,000	0,939	0,973	1,000	0,947	1,000	1,000	1,000	1,000	
População Pouco Melhorada	Freq. Pop. inicial		0,1	0,1	0,1	0,1	0,1	0,1	0,5	0,5	0,5	0,9	
	10	-½	0,166	0,548	0,169	0,196	0,041	0,173	1,000	0,881	1,000	1,000	
	50	-½	0,795	0,986	0,724	0,895	0,027	0,193	1,000	1,000	1,000	1,000	
População Intermediária	Freq. Pop. inicial		0,4	0,4	0,4	0,5	0,5	0,5	0,5	0,5	0,5	0,6	0,6
	10	-½	0,762	0,817	0,473	0,726	0,458	0,760	0,935	0,971	0,913	0,932	
	50	-½	0,962	1,000	0,960	1,000	1,000	0,549	0,962	1,000	1,000	1,000	
População Muito Melhorada	Freq. Pop. inicial		0,1	0,5	0,5	0,5	0,9	0,9	0,9	0,9	0,9	0,9	0,9
	10	-½	0,424	0,978	0,977	0,800	1,000	0,977	1,000	0,949	1,000	1,000	
	50	-½	0,737	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	
População Muito Melhorada	Freq. Pop. inicial		0,1	0,5	0,5	0,5	0,9	0,9	0,9	0,9	0,9	0,9	0,9
	10	-½	0,424	0,978	0,977	0,800	1,000	0,977	1,000	0,949	1,000	1,000	
	90	-½	0,742	1,000	1,000	1,000	1,000	0,952	1,000	1,000	1,000	1,000	

^{1/} h²(%) = herdabilidade; GMD = grau médio de dominância; Freq. Pop. inicial = freqüência do alelo favorável no primeiro ciclo de seleção.

Tabela 32 - Valores de frequências gênicas médias, na população de ciclo 10, com seleção entre famílias de meios-irmãos em que o caráter foi representado por dominância parcial ($d/a = 1/2$ e $-1/2$)^{1/}.

População	h ² (%)	GMD	Genes										
			1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	
População Pouco Melhorada	Freq. Pop. inicial		0,1	0,1	0,1	0,1	0,1	0,1	0,1	0,5	0,5	0,5	0,9
	10	½	0,437	0,481	0,291	0,342	0,260	0,547	0,733	0,926	0,798	1,000	
	50	½	0,747	0,721	0,599	0,732	0,761	0,717	0,926	0,838	0,922	0,999	
População Intermediária	90	½	0,947	0,949	0,898	0,926	0,964	0,967	0,991	0,993	0,993	1,000	
	Freq. Pop. inicial		0,4	0,4	0,4	0,5	0,5	0,5	0,5	0,5	0,6	0,6	
	10	½	0,790	0,667	0,523	0,701	0,783	0,646	0,667	0,764	0,839	0,856	
População Muito Melhorada	50	½	0,878	0,888	0,839	0,917	0,985	0,930	0,907	0,985	0,985	0,921	
	90	½	0,984	0,994	0,997	0,992	0,995	0,985	0,994	0,996	0,995	0,996	
	Freq. Pop. inicial		0,1	0,5	0,5	0,5	0,9	0,9	0,9	0,9	0,9	0,9	
População Pouco Melhorada	10	½	0,204	0,845	0,872	0,874	0,990	1,000	0,890	0,916	0,999	0,914	
	50	½	0,936	0,963	0,975	0,957	0,994	1,000	0,998	0,989	1,000	0,956	
	90	½	0,985	0,999	0,995	0,997	1,000	1,000	0,997	1,000	1,000	0,988	
População Intermediária	Freq. Pop. inicial		0,1	0,1	0,1	0,1	0,1	0,1	0,5	0,5	0,5	0,9	
	10	-½	0,284	0,452	0,151	0,246	0,317	0,285	0,778	0,875	0,897	0,999	
	50	-½	0,791	0,448	0,824	0,409	0,464	0,481	0,948	0,966	0,967	1,000	
População Muito Melhorada	90	-½	0,919	0,955	0,929	0,960	0,952	0,910	0,997	0,999	0,985	1,000	
	Freq. Pop. inicial		0,4	0,4	0,4	0,5	0,5	0,5	0,5	0,5	0,6	0,6	
	10	-½	0,683	0,640	0,594	0,791	0,932	0,767	0,952	0,760	0,915	0,897	
População Intermediária	50	-½	0,932	0,972	0,967	0,982	0,886	0,953	0,974	0,902	0,975	0,971	
	90	-½	0,993	0,996	0,998	0,997	0,997	0,989	0,999	0,997	0,999	0,997	
	Freq. Pop. inicial		0,1	0,5	0,5	0,5	0,9	0,9	0,9	0,9	0,9	0,9	
População Muito Melhorada	10	-½	0,191	0,848	0,819	0,795	0,999	0,973	0,985	0,996	0,996	0,999	
	50	-½	0,912	0,998	0,989	0,993	1,000	1,000	0,993	1,000	0,998	0,999	
	90	-½	0,644	1,000	1,000	0,997	0,998	1,000	0,999	1,000	1,000	1,000	

^{1/} h²(%) = herdabilidade; GMD = grau médio de dominância; Freq. Pop. inicial = frequência do alelo favorável no primeiro ciclo de seleção.

Tabela 33 - Valores de freqüências gênicas médias, na população de ciclo 10, com seleção entre famílias de irmãos completos e com seleção entre famílias de irmãos completos obtidas utilizando o Delineamento I em que o caráter foi representado por ausência de dominância ($d/a = 0$)^{1/}.

	População	h ² (%)	Genes										
			1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	
Famílias de irmãos-completos	População Pouco Melhorada	Freq.Pop.inicial	0,1	0,1	0,1	0,1	0,1	0,1	0,5	0,5	0,5	0,9	
		10	0,712	0,441	0,778	0,524	0,240	0,154	0,860	0,909	0,858	1,000	
		50	0,826	0,873	0,870	0,499	0,858	0,646	1,000	1,000	1,000	1,000	
	População Intermediária	Freq.Pop.inicial	0,4	0,4	0,4	0,5	0,5	0,5	0,5	0,5	0,6	0,6	
		10	0,987	0,758	0,774	0,874	0,923	0,618	0,774	0,887	0,966	1,000	
		50	0,990	1,000	0,987	0,938	0,972	0,806	1,000	1,000	1,000	1,000	
	População Muito Melhorada	Freq.Pop.inicial	0,1	0,5	0,5	0,5	0,9	0,9	0,9	0,9	0,9	0,9	
		10	0,818	0,785	0,659	0,979	0,975	0,968	1,000	1,000	0,926	1,000	
		50	1,000	1,000	1,000	0,963	1,000	0,890	1,000	1,000	1,000	1,000	
	Famílias de irmãos-completos obtidas utilizando o Delineamento I	População Pouco Melhorada	Freq.Pop.inicial	0,1	0,1	0,1	0,1	0,1	0,1	0,5	0,5	0,5	0,9
			10	0,664	0,670	0,748	0,886	0,277	0,000	0,815	0,835	0,870	1,000
			50	0,988	0,921	0,691	0,742	0,854	0,595	1,000	1,000	1,000	1,000
População Intermediária		Freq.Pop.inicial	0,4	0,4	0,4	0,5	0,5	0,5	0,5	0,5	0,6	0,6	
		10	0,870	0,783	0,647	0,937	0,906	0,627	0,949	1,000	0,878	0,978	
		50	1,000	0,989	0,965	1,000	1,000	0,724	0,975	1,000	0,973	0,962	
População Muito Melhorada		Freq.Pop.inicial	0,1	0,5	0,5	0,5	0,9	0,9	0,9	0,9	0,9	0,9	
		10	0,459	0,876	0,744	0,989	1,000	1,000	1,000	0,857	1,000	0,951	
		50	0,980	1,000	1,000	1,000	1,000	0,939	1,000	1,000	1,000	1,000	
			90	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	

^{1/} h²(%) = herdabilidade; Freq.Pop.inicial = freqüência do alelo favorável no primeiro ciclo de seleção.

Tabela 34 - Valores de freqüências gênicas médias, na população de ciclo 10, com seleção em tandem e seleção entre famílias de meios-irmãos em que caráter foi representado por ausência de dominância ($d/a = 0$) ^{1/}.

	População	h ² (%)	Genes										
			1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	
Seleção em tandem	População Pouco Melhorada	Freq.Pop.inicial	0,1	0,1	0,1	0,1	0,1	0,1	0,5	0,5	0,5	0,9	
		10	0,000	0,302	0,051	0,343	0,559	0,000	0,975	0,788	0,730	1,000	
		50	0,695	0,312	0,987	0,846	0,573	0,722	0,986	0,903	0,948	1,000	
		90	0,976	1,000	0,890	1,000	1,000	0,779	1,000	1,000	1,000	1,000	
	População Intermediária	Freq.Pop.inicial	0,4	0,4	0,4	0,5	0,5	0,5	0,5	0,5	0,5	0,6	0,6
		10	0,809	0,639	0,762	0,744	0,815	0,667	0,796	0,914	0,851	0,897	
		50	0,985	1,000	0,927	1,000	0,957	0,780	0,964	1,000	1,000	0,975	
		90	0,986	1,000	1,000	1,000	1,000	0,781	1,000	1,000	1,000	1,000	
	População Muito Melhorada	Freq.Pop.inicial	0,1	0,5	0,5	0,5	0,9	0,9	0,9	0,9	0,9	0,9	0,9
		10	0,319	0,982	0,859	0,867	0,974	0,990	0,931	1,000	0,987	1,000	
		50	0,950	1,000	1,000	1,000	1,000	0,829	1,000	1,000	1,000	1,000	
		90	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	0,975	1,000	1,000	1,000	1,000	
Famílias de meios-irmãos	População Pouco Melhorada	Freq.Pop.inicial	0,1	0,1	0,1	0,1	0,1	0,1	0,5	0,5	0,5	0,9	
		10	0,303	0,371	0,198	0,222	0,174	0,353	0,697	0,742	0,985	1,000	
		50	0,767	0,622	0,763	0,694	0,516	0,837	0,955	0,970	0,977	1,000	
		90	0,963	0,922	0,967	0,926	0,913	0,937	0,984	0,982	0,974	0,997	
	População Intermediária	Freq.Pop.inicial	0,4	0,4	0,4	0,5	0,5	0,5	0,5	0,5	0,5	0,6	0,6
		10	0,781	0,584	0,825	0,815	0,859	0,942	0,769	0,771	0,728	0,799	
		50	0,937	0,888	0,868	0,974	0,948	0,946	0,919	0,935	0,956	0,964	
		90	0,998	0,997	0,994	0,994	0,999	0,995	0,992	0,992	0,996	0,995	
	População Muito Melhorada	Freq.Pop.inicial	0,1	0,5	0,5	0,5	0,9	0,9	0,9	0,9	0,9	0,9	0,9
		10	0,474	0,900	0,881	0,860	0,982	0,985	0,987	0,994	0,973	1,000	
		50	0,905	0,999	0,974	0,991	1,000	0,996	0,999	1,000	0,999	1,000	
		90	0,980	1,000	0,979	0,999	1,000	1,000	0,999	1,000	0,999	0,999	

^{1/} h²(%) = herdabilidade; Freq. Pop. inicial = freqüência do alelo favorável no primeiro ciclo de seleção.

6. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

AGUIAR, A.M. **Uso do Delineamento III com marcadores moleculares para a análise genética da produção de grãos e seus componentes em milho**. Piracicaba, SP: ESALQ/USP, 2003. 127p. Tese (Doutorado em Agronomia) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Piracicaba.

ALMIRALL, A.; CASAÑAS, F.; BOSCH, L.; SANCHEZ, E.; PEREZ, A.; NUEZ, F. Genetic study of the forage nutritive value in the Lancaster variety of maize. **Maydica**, v.41, p. 227-234, 1996.

ANDRADE, R.A.; CRUZ, C.D.; SCAPIM, C.A.; SILVÉRIO, L.; PINTO, R.J.B.; TONET, A. Análise dialética da capacidade combinatória de variedades de milho-pipoca. **Acta Scientiarum**, v.24, n.5, p. 1197-1204, 2002.

ARRIEL, E.F.; PACHECO, C.A.P.; RAMALHO, M.A.P. Avaliação de famílias de meios-irmãos da população de milho CMS-39 em duas densidades de semeadura. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.28, n.7, p. 849-854, 1993.

BONOMO, P. **Ganho Genético na População de Milho (*Zea mays* L.) Palha Roxa, sob Quatro Intensidades de Seleção**. Viçosa, MG: UFV, 1997. 60 p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento). Universidade Federal de Viçosa, 1997.

BORDALLO, P.N.; PEREIRA, M.G.; AMARAL JÚNIOR, A.T.; GABRIEL, A.P.C. Análise dialélica de genótipos de milho doce e comum para caracteres agrônômicos e proteína total. **Horticultura Brasileira**, v.23, n.1, p.123-127, 2005.

BORÉM, A; MIRANDA, G.V. Melhoramento de plantas. Editora UFV - Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, 525 p., 2005.

BRIDGES, J.R.; KNAPP, S.J. Probabilities of negative estimates of genetic variances. **Theoretical and Applied Genetics**, v.24, p.269-274, 1987.

CARVALHO, H.W.L.; GUIMARÃES, P.E.O.; LEAL, M.L.S.; CARVALHO, P.C.L.; SANTOS, M.X. Avaliação de progênies de meios-irmãos da população de milho CMS-453 no nordeste brasileiro. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.35, n.8, p.1577-1584, 2000.

CARVALHO, H.W.L.; LEAL, M.L.S.; SANTOS, M.X.; SOUZA, E.M. Estimativas de parâmetros genéticos na população de milho Cpatc-3 em dois locais de Sergipe. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.38, n.1, p.73-78, 2003a.

CARVALHO, H.W.L.; PACHECO, C.A.P.; SANTOS, M.X.; GAMA, E.E.G.; MAGNAVACA, R. Três ciclos de seleção entre e dentro de progênies de

meios-irmãos na população de milho BR 5028 – São Francisco, no Nordeste Brasileiro. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.29, n.11, p. 1727-1733, 1994.

CARVALHO, H.W.L.; SANTOS, M.X.; LEAL, M.L.S.; SOUZA, E.M. Estimativas de parâmetros genéticos da variedade BR 5028-São Francisco no Nordeste Brasileiro. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.38, n.8, p.929-935, 2003b.

COCKERHAM, C.C.; ZENG, Z.B. Design III with marker loci. **Genetics**, v.143, n.3, p. 1437-1456, 1996.

COIMBRA, R.R.; MIRANDA, G.V.; VIANA, J.M.S.; CRUZ, C.D.; MURAKAMI, D.M.; SOUZA, L.V.; FIDELIS, R.R. Estimation of genetic parameters and prediction of gains for DFT1-Ribeirão popcorn population. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v.2, n.1, p.33-38, 2002.

COMSTOCK, R.E.; ROBINSON, H.F. The components of genetic variance in populations of biparental progênies and their use in estimating the average degree of dominance. **Biometrics**, v.4, p.254-266, 1948.

COMSTOCK, R.E.; ROBINSON, H.F. Experiments for estimation of the average combinance of genes affecting quantitative characters. In: GOWEN, J.W., ed. **Heterosis**. Ames, Iowa State College, p.494-516, 1952.

CROW, J.F.; M. KIMURA. **An introduction to population genetics theory**. Harper and Row, Inc., New York. 591p. 1970.

CRUZ, E.M. **Seleção de famílias de milho-pipoca avaliadas com testemunhas intercalares**. Viçosa, MG: UFV, 2001. 63p. Tese (Mestrado em Genética e Melhoramento) – Universidade Federal de Viçosa, Viçosa.

DAROS, M.; AMARAL JÚNIOR, A.T.; PEREIRA, M.G. Genetic gain for grain yield and popping expansion in full-sib recurrent selection in popcorn. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v.2, n.3, p.339-344, 2002.

EDWARDS, J.W.; LAMKEY, K.R. Quantitative genetics of inbreeding in a synthetic maize population. **Crop Science**, v. 42, p. 1094-1104, 2002.

FURTADO, M.R. **Alternativas de seleção no Delineamento I de Comstock e Robinson, em milho**. Viçosa, MG: UFV, 1996. 94p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento) – Universidade Federal de Viçosa, Viçosa.

FUZATTO, S.R. **Dialelo parcial circulante interpopulacional em milho (*Zea mays* L.): efeito do número de cruzamentos**. Piracicaba, SP: ESALQ/USP, 2003. 131 p. Tese (Doutorado em Agronomia – Genética e Melhoramento de Plantas) – Escola Superior de Agricultura Luis de Queiroz, Piracicaba.

GARCÍA, P.; SAN VICENTE, F.M.; QUIJADA, P.; BEJARANO, A. Respuesta a la seleccion recurrente de familias de hermanos completos em poblaciones tropicales de maiz. **Agronomia Tropical**, v.49, p.19-40, 1999.

GRANATE, M.J.; CRUZ, C.D.; PACHECO, C.A.P. Predição de ganho genético com diferentes índices de seleção no milho pipoca CMS-43. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.37, n.7, p. 1001-1008, 2002.

HALLAUER, A.R.; MIRANDA FILHO, J.B. **Quantitative genetics in plant breeding**. Ames: Iowa State University Press, 468p. 1981.

MARQUEZ-SANCHEZ, F.; HALLAUER, A.R. Influence of sample size on the estimation of genetic variances in a synthetic variety of maize. I. Grain yield. **Crop Science**, v. 10, p. 357-361, 1970a.

MARQUEZ-SANCHEZ, F.; HALLAUER, A.R. Influence of sample size on the estimation of genetic variances in a synthetic variety of maize. II. Plant and ear characters. **Iowa State Journal of Science**, v.44, p. 423-436, 1970b.

MÁRQUEZ-SÁNCHEZ, F.; SAHÁGUN-CASTELLANOS, J. Estimation of genetic variances with maternal half-sib families. **Maydica**, v.39, p.197-201, 1994.

MAS, M.T.; BOSCH, L.; CASAÑAS, F.; VALERO, J.; NUEZ, F. Semiexotic population of corn Mo 17xAcross 8443 la posta as a base for forage breeding. **Maydica**, v. 43, p. 291-300, 1998.

MATTA, F.P.; VIANA, J.M.S. Eficiências relativas dos processos de seleção entre e dentro de famílias de meios-irmãos em população de milho-pipoca. **Ciência Agrotécnica**, v.27, n.3, p. 548-556, 2003.

MOLL, R.H.; COCKERHAN, C.C.; STUBER, C.W.; WILLIAMS, W.P. Selection responses, genetic-environmental interactions and heterosis with recurrent selection for yield in maize. **Crop Science**, v.18, p. 641-645, 1978.

OMOLO, E.; RUSSEL, W.A. Genetic effects of population size in the reproduction of two heterogeneous maize populations. **Iowa State Journal Science**, v.45, p. 499-512, 1971.

ORTIZ, R.; GOLMIRZAIE, A. Hierarchical and factorial mating designs for quantitative genetic analysis in tetrasomic potato. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 104, p. 675-679, 2002.

PACHECO, C.A.P.; GAMA, E.E.G.; GUIMARÃES, P.E.O.; SANTOS, M.X.; FERREIRA, A.S. Estimativas de parâmetros genéticos nas populações CMS-

42 e CMS-43 de milho pipoca. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.33, n.12, p. 1995-2001, 1998.

PATERNIANI, E.; CAMPOS, M.S. Melhoramento do milho. In: Borém, A. (ed). **Melhoramento de espécies cultivadas**. Viçosa: UFV, p.429-485, 1999.

PATERNIANI, E.; MIRANDA FILHO, J.B. Melhoramento de Populações. In: Paterniani, E.; Viegas, G.P. (ed). **Melhoramento e produção de milho**. Campinas: Fundação Cargill, 1: 217-274, 1987.

PATERNIANI, M.E.A.G.Z.; SAWAZAKI, E.; GALLO, P.B.; LUDERS, R.R.; SILVA, R.M. Estimates of genetic parameters in a maize composite and potential for recurrent selection. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v.4, p. 81-85, 2004.

PEREIRA, M.G.; AMARAL, A.T.J. Estimation of genetic components in popcorn based on the nested design. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 1, n.1, p. 3-10, 2001.

PINHEIRO, M.H. **Melhoramento intrapopulacional recorrente de milho-pipoca, utilizando famílias de meios-irmãos**. Viçosa, MG: UFV, 2004. 79p. Tese (Mestrado em Genética e Melhoramento) – Universidade Federal de Viçosa, Viçosa.

PINTO, R.M.C.; LIMA NETO, F.P.; SOUZA JÚNIOR, C.L. Estimativa do número apropriado de progênies S1 para a seleção recorrente em milho. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.35, n.1, p.63-73, 2000.

RAMALHO, A.R.; RAMALHO, M.A.P.; RIBEIRO, P.H.E. Comportamento de famílias de meios-irmãos em diferentes épocas de semeadura visando à produção de forragem de milho. **Ciência e Agrotecnologia**, v.25, n.3, p. 510-518, 2001.

RAMÍREZ-DÍAZ, J.L.; RON-PARRA, J.; SÁNCHEZ-GONZÁLEZ, J.J.; CHUEDA-BONAPARTE, M. Selección recurrente em la población de maíz subtropical PABGT-CE. **Agrociencia**, v.34, p. 33-39, 2000.

ROBINSON, H.F.; COMSTOCK, R.E.; HARVEY, P.H. Estimates of heritability and the degree of dominance in Corn. **Agronomy Journal**, p. 353-359, 1949.

SAHAGÚN-CASTELLANOS, J. Estimación de varianzas genéticas com médios hermanos maternos y diferentes niveles endogámicos y repeticiones. **Agrociencia**, v. 34, p.21-32, 2000.

SANTOS, M.X.; GUIMARÃES, P.E.O.; PACHECO, C.A.P.; FRANCA, G.A.; PARENTONI, S.N.; GAMA, E.E.G; LOPES M.A. Melhoramento intrapopulacional no Sintético Elite NT para solos pobres em nitrogênio. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, 1995.

SCAPIM, C.A.; PACHECO, C.A.P.; TONET, A.; BRACCINI, A.L.; PINTO, R.J.B. Análise dialélica e heterose de populações de milho-pipoca. **Bragantia**, v.61. n.3, p. 219-230, 2002.

SILVA, A.R. **Análise genética de caracteres quantitativos em milho com o Delineamento III e marcadores moleculares**. Piracicaba, SP: ESALQ/USP, 2002. 143p. Tese (Doutorado em Agronomia) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Piracicaba.

SILVA, S.O. **Estimativas de parâmetros genéticos em populações de milho braquítico, pelo Delineamento I, de Comstock e Robinson**. Piracicaba, SP: ESALQ/USP, 1990. 138p. Tese (Doutorado em Agronomia) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Piracicaba.

VALOIS, A.C.C.; MIRANDA FILHO, J.B. Comparação entre métodos de seleção em milho cv. Centralmex. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.19, p.169-177, 1984.